

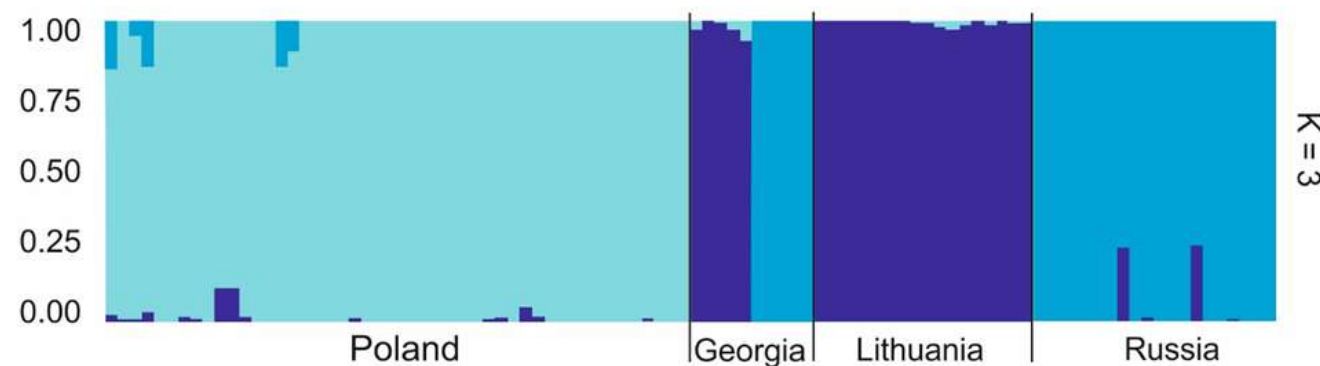
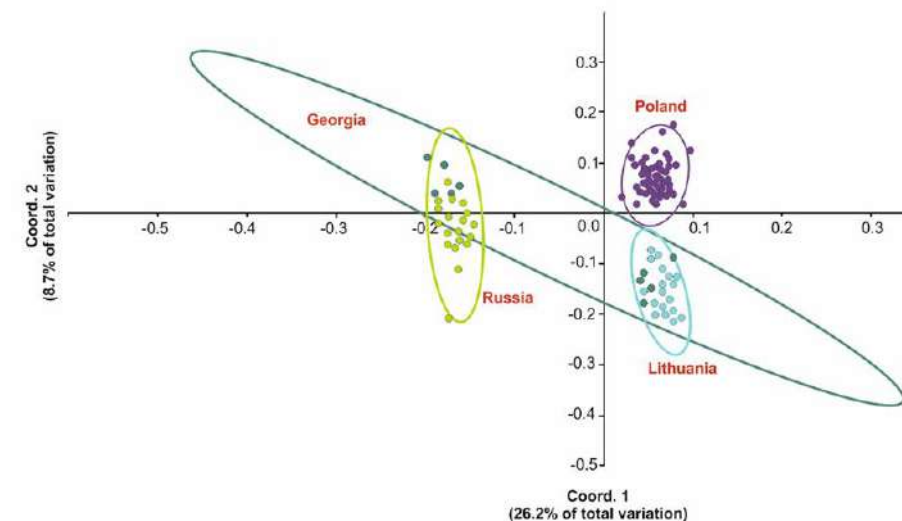
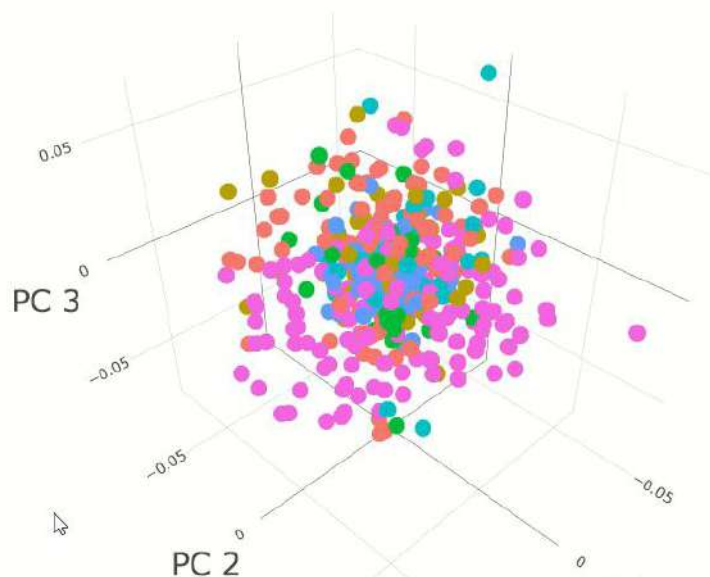
Evaluation of the genetic diversity of Sosnovsky's hogweed populations - research methodology

Edyta Paczos-Grzęda, **Sylwia Sowa***,
Joanna Toporowska, Aneta Koroluk

Furano-
kumaryny

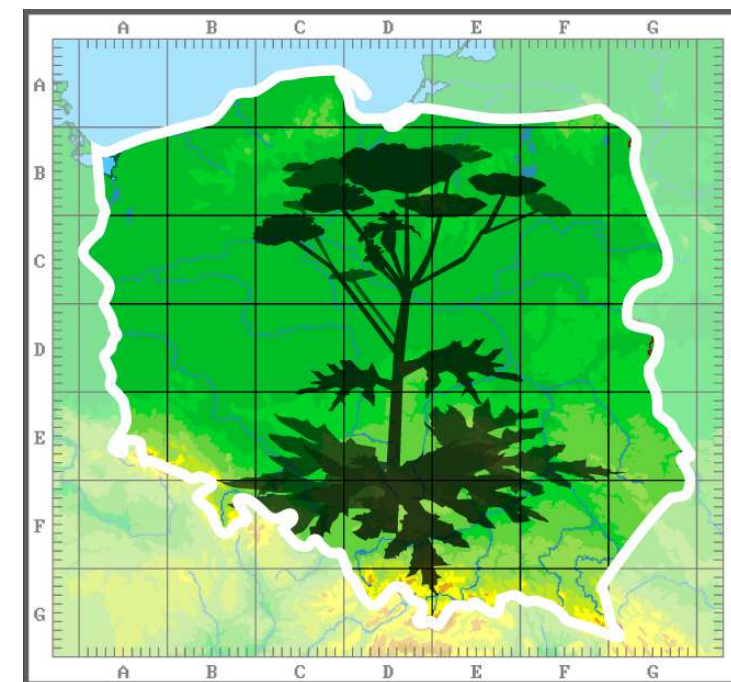


genetyka jako „nawigacja” dla eradrykacji Barszczu Sosnowskiego



precyzyjne i celowane strategie eradrykacji

1. Charakterystyka populacji
2. Opracowanie selektywnych metod zwalczania
3. Prognozowanie i mapowanie rozprzestrzeniania
4. Optymalizacja harmonogramu zwalczania

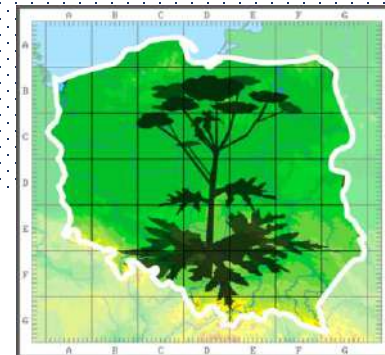


CEL:

- Opracowanie rekomendacji dotyczących zwalczania populacji Barszczu Sosnowskiego w oparciu o kompleksowe badania **genetyczne i biochemiczne**.
- Przygotowanie strategii kontroli dostosowanych do lokalnych populacji, uwzględniających ich odmienność genetyczną i profil metaboliczny.

MATERIAŁ BADAŃ:

- **po 5 genotypów** z każdej populacji Barszczu Sosnowskiego.



Please send us samples!

Help map the genetic diversity of
Sosnowsky's hogweed
(*Heracleum sosnowskyi*)

METODYKA:

Izolacja DNA => Dobór odpowiedniej metody umożliwiającej uzyskanie DNA o wysokim stopniu czystości, niezbędnym do analiz sekwencyjnych uwzględniając:

1. Zawartość metabolitów wtórnych
2. Obfitość polisacharydów
3. Enzymatyczną degradację DNA
4. Strukturę i skład tkanek

METODYKA:

GENOTYPOWANIE: Identyfikacja markerów molekularnych

= identyfikacja polimorfizmu DNA

(różnic w sekwencji DNA genomowego pomiędzy osobnikami jednego gatunku)

DNA sequence of three individuals:

```

CTCTCTCTCTCTCTCTCCCTCTCTGCTTACAGACGTTAAACACAGCCAAGAAGAGCCAGGATACCAGTGATACTGTAGCCTAGTCCCCG.
CTCTCTCTCTCTCTCTCCCTCTCTGCTTACAGACGTTAAACACAGCCAAGAAGAGCCAGGATACCAGTGATACTGTAGCCTAGTCCCCG.
CTCTCTCTCTCTCTCTCCCTCTCTGCTTACAGACGTTAAACACAGCCAAGAAGAGAG:::CCAGTGATACTGTAGCCTAGTCCCCAG.
    
```

Single nucleotide polymorphism (SNP)

```

..CGATATTCCATCGAATGTC..
..GCTATAAGGAUAGCTTACAG..

..CGATATTCCATCGAATGTC..
..GCTATAAGGGTAGCTTACAG..

..CGATATTCCATCGAATGTC..
..GCTATAAGGGTAGCTTACAG..

..CGATATTCCATCGAATGTC..
..GCTATAAGGGTAGCTTACAG..
    
```

Repeat unit

```

..CGATATTCCAGCAGCAGATCGAATGTC..
..GCTATAAGGCAGCAGCAGTAGCTTACAG..

..CGATATTCCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC..
..GCTATAAGGCAGCAGCAGCAGCAGTAGCTTACAG..

..CGATATTCCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC..
..GCTATAAGGCAGCAGCAGCAGCAGTAGCTTACAG..

..CGATATTCCAGCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC..
..GCTATAAGGCAGCAGCAGCAGCAGCAGTAGCTTACAG..
    
```

Identyfikacja markerów DArTseq i silicoDArT - ZALETY METODY

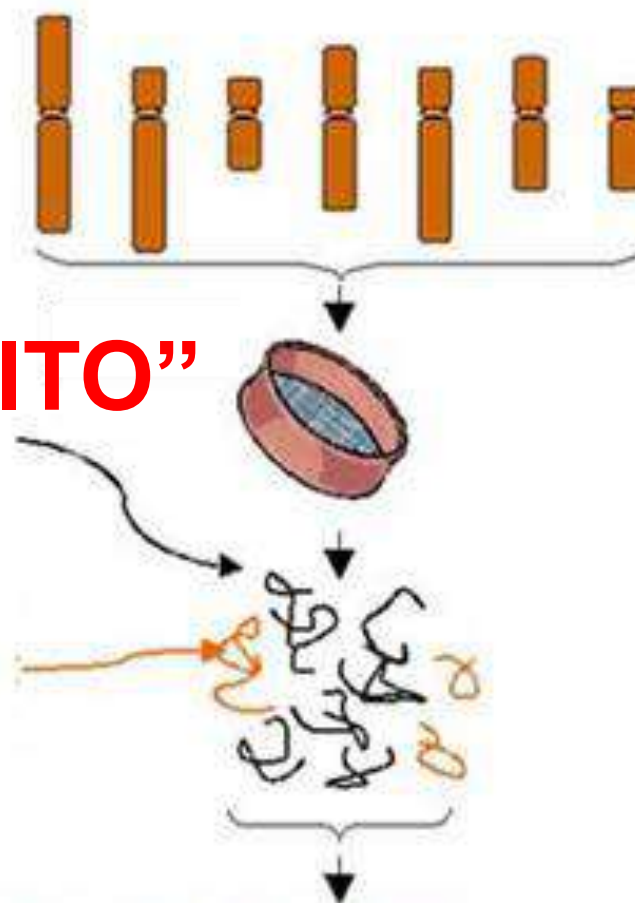
- 1) Jednoczesne genotypowanie” tysięcy SNP bez wcześniejszej wiedzy o genomie
- 2) Skala i koszt jednostkowy
- 3) **Kodominacja** + informatywność dla populacji
- 4) Minimalne przygotowanie i elastyczność gatunkowa
- 6) Możliwość pracy z poliploidami
- 7) Reproduktywność i automatyzacja

Identyfikacja markerów DArTseq i silicoDArT

Odcinki DNA wspólne dla wszystkich genotypów

„SITO”

Polimorficzne fragmenty DNA charakterystyczne dla niektórych genotypów



Redukcja złożoności genomu

Wybiórcza selekcja frakcji genomu pod wzgl. różnych kryteriów (np. długości w następstwie cięcia enzymami restrykcyjnymi)

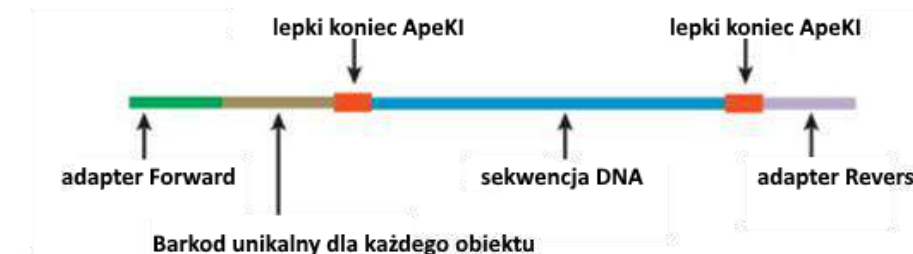
Reprezentacja genomowa

Zbiór fragmentów DNA reprezentujący 0,1-10% pokrycie genomu

Identyfikacja markerów DArTseq i silicoDArT

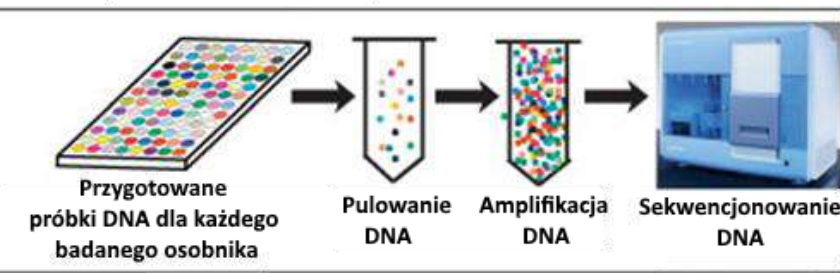
Krok 1

Ligacja z adapterami standardowymi dla systemu Illuminy różniącymi się od siebie strukturą kilkunukleotydowych (4-8 pz) sekwencji identyfikatorowych tzw. barkodów (*ang.* barcode).



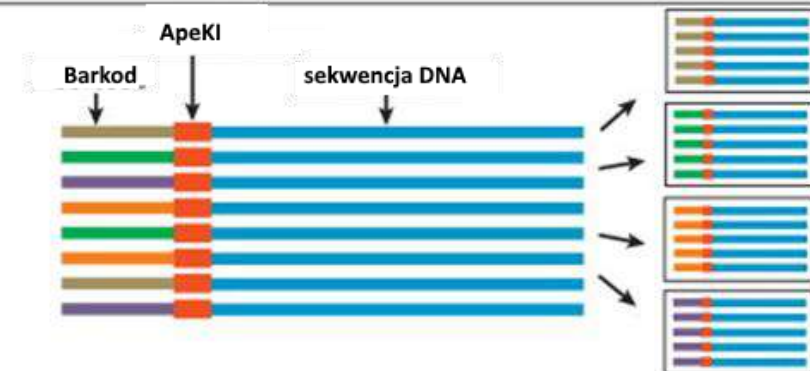
Krok 2

Łączenie i amplifikacja DNA używając odpowiednich starterów komplementarnych do sekwencji adapterów. Sekwencjonowanie uzyskanej biblioteki



Krok 3

Przypisanie polimorfizmu SNP, identyfikowanego w badanej puli obiektów, do określonej rośliny dzięki znakowaniu sekwencji DNA barkodami



Bioinformatyczna analiza genetycznej struktury populacji

1. **Obróbka surowych danych:** filtrowanie niskiej jakości sekwencji, kontrola błędów.
2. **Obliczenie podstawowych statystyk genetycznych:**
 1. Heterozygotyczność (H_o , H_e)
 2. Polimorficzność loci
 3. Różnorodność alleliczna
 4. F-statystyki (np. F_{st} – różnice między populacjami)
3. **Analiza struktury populacji:**
 1. Testy na panmiktyczność (Hardy-Weinberg)
 2. Analiza klastrow (STRUCTURE, ADMIXTURE)
 3. PCoA/PCA – analiza głównych składowych
 4. DAPC (Discriminant Analysis of Principal Components)
4. **Analiza filogeograficzna:** budowa drzew filogenetycznych, analiza rozkładu haplotypów.
5. **Analiza przepływu genów i izolacji populacji:** modele migracji, testy izolacji przez odległość (IBD).

Uzyskanie **kodominujących** markerów DArTseq wzbogaci dane struktury populacji o:

6. Współczynnik inbredu (F)
7. Odchylenie od równowagi Hardy'ego-Weinberga (HWE)
8. Współczynnik F_{ST} :

Te parametry są kluczowe w badaniach genetyki populacyjnej, pozwalają ocenić stan genetyczny populacji, zrozumieć jej historię ewolucyjną oraz przewidzieć zdolność adaptacji do zmian środowiskowych.

genetyka jako „nawigacja” dla eradrykacji Barszczu Sosnowskiego - EFEKTY

- raport obejmujący analizę genetyczną i biochemiczną populacji barszczu Sosnowskiego w badanych gminach Polski i Ukrainy, wraz z rekomendacjami dotyczącymi sposobów ich zwalczania.
- mapa struktury genetycznej i biochemicznej gatunku
- baza danych zawierająca wyniki analiz molekularnych i biochemicznych, stanowiąca uzupełnienie repozytorium projektu.

Interreg



Współfinansowany
przez Unię Europejską

ZeroHeracleum

NEXT Polska – Ukraina

Please send us samples!

Help map the genetic diversity of
Sosnowsky's hogweed

DZIĘKUJĘ ZA UWAGĘ

Sylwia Sowa

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

