Ανάλυση γενετικής ποικιλότητας και γονιδιακής ροής καστανεώνα και απομονωμένου φυσικού πληθυσμού καστανιάς στη νήσο Λέσβο με ουδέτερους και μη μοριακούς δείκτες

Νικόλαος Τουρβάς Οκτώβριος 2018

Εισαγωγή

Γιατί πρέπει να μελετηθεί η γεν. ποικ - διαφ ...Η (ευρωπαϊκή???) καστανιά (*Castanea sativa* Mill.) is one of the most ancient and widespread Σημασία γενετικής ποικ Long term see introduction (Pollegioni et al., 2011) $\Delta E \Sigma \, \Pi \alpha \pi \alpha \delta \eta \mu \alpha \, K \alpha \sigma \tau o \rho \iota \dot{\alpha}$ Selection may erode genetic diversity, which is a crucial factor for the success of breeding programs.

Γεωργία νε δασοπονία φυσικοί πληθυσμοί και Γανό σελ 19 (Γανόπουλος, 2013) τι γίνεται με τους καστανεώνες, δες Πετρόπουλος. (Πετρόπουλος, 2016) βοήθεια σε προγρ βελτίωσης: Γανό σελ 22 Σημαντικό είδος γιατί...

Καρπός ξύλο γενετική βελτίωση σε χώρες - όπως Μαλλιαρού για οξυά

Θεωρητικό πλαίσιο

Refugia - Gene flow - Long term (Petit et al., 2003, 2005) Founder effect από ανθρω

Δυο λόγια για τη διεθνή βιβλιογραφία. Υπάρχει ή δεν υπάρχει ποικιλότητα; "Γενικα' έχει βρεθεί ότι ... [...] Συγκεκριμένα στην Ελλάδα...

Ερευνητικά ερωτήματα

- μελέτη γενετικής ποικιλότητας των 2 πληθ
- γενετικός χαρακτηρισμός καστανεώνα και κατ' επέκταση της ποικιλίας και φυσικού πληθυσμού
- μελέτη γονιδιακής ροής μεταξύ των δύο πληθυσμών

Μεθοδολογία

Συλλογή φυτικού υλικού & Εκχύλιση DNA

Τουλάχιστον 25 άτομα από κάθε πληθυσμό? Αναγέννηση - αν ναι ενδεχομένως περισσότερα άτομα ???

CTAB

Αλυσιδωτή αντίδραση πολυμεράσης & Γενοτύπηση

3 SSR and 5 EST-SSR citation??? is it this citation? (Marinoni et al., 2003) θα χρησιμοποιήσουμε SSR γιατί είναι κατάλληλοι για τη μελέτη πρόσφατων μικροεξελικτικών διαδικασιών (Wang, 2010) Πώς θα γίνουν οι ομάδες multiplex -> diveRsity ABI3730xl σκοράρισμα -> GeneMapper

Πίνακας 1: Group Rows

	mpg	cyl	disp	hp	drat	wt
Group 1						
Mazda RX4	21.0	6	160.0	110	3.90	2.620
Mazda RX4 Wag	21.0	6	160.0	110	3.90	2.875
Datsun 710	22.8	4	108.0	93	3.85	2.320
Hornet 4 Drive	21.4	6	258.0	110	3.08	3.215
Hornet Sportabout	18.7	8	360.0	175	3.15	3.440
Valiant	18.1	6	225.0	105	2.76	3.460
Duster 360	14.3	8	360.0	245	3.21	3.570
Group 2						
Merc 240D	24.4	4	146.7	62	3.69	3.190
Merc 230	22.8	4	140.8	95	3.92	3.150
Mean values						
Merc 280	19.2	6	167.6	123	3.92	3.440
a This is a factored *** many highly significant						

^a This is a footnote. *** means highly significant

Βασικές παράμετροι γενετικής ποικιλότητας

MAΛΛΟΝ ΠΡΕΠΕΙ ΝΑ ΦΤΙΑΞΩ ΠΙΝΑΚΑ ΜΕ ΛΟΓΙΣΜΙΚΑ ΚΑΙ ΤΙ ΘΑ KANOYN R (R Core Team, 2018) adegenet (Jombart, 2008) poppr (Kamvar et al., 2014) hierfstat (Goudet, 2005) genepop (Rousset, 2008) pegas ape fangorn

αριθμός διαφορετικών γενοτύπων (multilocus genotypes) Allelic richness - indicator να σημειωθεί ML_Null-Freq LGP Fst outliers -> BAYESCAN outflank

NeEstimator -> M ratio -> υποδεικνύει μείωση μεγέθους πληθυσμού σε μεγάλα χρονικά διαστήματα (Aleksic and Geburek, 2014) BOTTLENECK -> πρόσφατες γενετικές στενωπούς (2 N_e - 4 N_e γενεές) R Notebook - R markdown

διαφοροποίηση

Nei's Ds, Cav-Sf για φυλογενετικά F_{ST} , G''_{ST} , D_{est} PCA, CA AMOVA φυλογενετική ape Cavalli-Sforza - Μάλλον δε χρειάζεται για 2 πληθυσμούς. Αν όμως προστεθούν κ άλλοι STRUCTURE DAPC

Γονιδιακή ροή

δες οπωσδήποτε (Aleksic and Geburek, 2014; Leonarduzzi et al., 2016) Cervus (see SM1 Leonarduzzi) -> ποσοστό παιδιών που οι γονείς τους είναι άτομα του πληθυσμού Nm=1/4FSt παραδοσιακή μέθοδος STRUCTURE μοντέλο πρόδρομης γνώσης πληθυσμών -> δες (Aleksic and Geburek, 2014; Pritchard et al., 2000) MIGRATE ???

Γενετική τοπίου

IBD - mantel test - adegenet, ape Genetic boundaries γενετικά φράγματα φραγμοί- Monmonier's algorithm sPCA Geneland DIYABC ??? GeneClass2 ???

Αναμενόμενα αποτελέσματα

Τι θα μάθουμε από αυτή τη ### Γενετική τοπίου IBD - mantel test - adegenet, ape Genetic boundaries γενετικά φράγματα φραγμοί- Monmonier's algorithm sPCA Geneland DIYABC??? GeneClass2???μελέτη... χαρακτηρισμός ποικιλίας Λέσβου gene flow

Χρηματοδότηση / Χρονοδιάγραμμα

(Villani et al., 1991)

Βιβλιογραφία

Aleksic, J.M., Geburek, T., 2014. Quaternary population dynamics of an endemic conifer, Picea omorika, and their conservation implications. Conservation Genetics 15, 87–107. https://doi.org/10. 1007/s10592-013-0523-6

Goudet, J., 2005. Hierfstat, a package for r to compute and test hierarchical F-statistics. Molecular Ecology Notes 5, 184–186. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00828.x

Jombart, T., 2008. Adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics 24, 1403–1405. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129

Kamvar, Z.N., Tabima, J.F., Grünwald, N.J., 2014. Poppr: An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. PeerJ 2, e281. https://doi.org/10.7717/peerj.281

Leonarduzzi, C., Piotti, A., Spanu, I., Vendramin, G.G., 2016. Effective gene flow in a historically fragmented area at the southern edge of silver fir (Abies alba Mill.) Distribution. Tree Genetics & Genomes 12, 95. https://doi.org/10.1007/s11295-016-1053-4

Marinoni, D., Akkak, A., Bounous, G., Edwards, K.J., Botta, R., 2003. Development and characterization of microsatellite markers in Castanea sativa (Mill.). Molecular Breeding 11, 127–136. https://doi.org/10.1023/A:1022456013692

Petit, R.J., Aguinagalde, I., De Beaulieu, J.L., Bittkau, C., Brewer, S., Cheddadi, R., Ennos, R., Fineschi, S., Grivet, D., Lascoux, M., Mohanty, A., Müller-Starck, G., Demesure-Musch, B., Palmé, A., Martín, J.P., Rendell, S., Vendramin, G.G., 2003. Glacial refugia: Hotspots but not melting pots of genetic diversity. Science 300, 1563–1565. https://doi.org/10.1126/science.1083264

Petit, R.J., Duminil, J., Fineschi, S., Hampe, A., Salvini, D., Vendramin, G.G., 2005. Comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant populations. Molecular Ecology 14, 689–701. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02410.x

Pollegioni, P., Woeste, K., Olimpieri, I., Marandola, D., Cannata, F., Emilia Malvolti, M., 2011. Long-term human impacts on genetic structure of Italian walnut inferred by SSR markers. Tree Genetics & Genomes 7, 707–723. https://doi.org/10.1007/s11295-011-0368-4

Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics 155, 945–959.

R Core Team, 2018. R: A Language and Environment for Statistical Computing.

Rousset, F., 2008. Genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. Molecular Ecology Resources 8, 103–106. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286. 2007.01931.x

Villani, F., Pigliucci, M., Benedettelli, S., Cherubini, M., 1991. Genetic differentiation among Turkish chestnut (*Castanea Sativa* Mill.) Populations. Heredity 66, 131–136. https://doi.org/10.1038/hdy. 1991.16

Wang, I.J., 2010. Recognizing the temporal distinctions between landscape genetics and phylogeography. Molecular Ecology 19, 2605–2608. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04715.x

Γανόπουλος, Ι., 2013. Διερεύνηση γενετικής ποικιλότητας, ταυτοποίηση και εφαρμογή λειτουργικών δεικτών στην κερασιά (*Prunus Avium* L.) (Διδακτορική Διατριβή). Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης.

Πετρόπουλος, Σ., 2016. Γενετική ποικιλότητα συμπατρικών πληθυσμών καστανιας (*Castanea Sativa* Mill.) και των καρποφάγων εντόμων αυτής (Μεταπτυχιακή Διατριβή). Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης.