

H. Skálová, K. Iberl, W. Durka, S. Michalski a J. Höfner: Není kopretina jako kopretina aneb Genetická diverzita lučních druhů a regionální osevní směsi (Živa 2025, 2: 64–68)

Tab. Ukázka variability genomu (nukleotidy: C – cytozin, G – guanin, T – thymin, A – adenin). Variabilní místa vyznačena barevně.

Při genetické analýze RADseq byla extrahována DNA z listů rostlinných vzorků a sekvenovány pouze malé části genomu. Genom je s pomocí enzymů „nastříhán“ na úseky určité délky, které jsou pak multiplikovány metodou PCR a sekvenovány NGS (Next Generation Sequencing). Pomocí bioinformatických algoritmů byly seřazeny homologní sekvence, identifikována místa s výskytem variability na úrovni jednotlivých bází – SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) a určen genotyp jednotlivých vzorků v tisících lokusů SNP.

Úsek DNA jednotlivých rostlin	Genotyp
...CGTAATGC C GTACTGAT... ...CGTAATGC G GTACTGAT...	CG
...CGTAATGC C GTACTGAT... ...CGTAATGC C GTACTGAT...	CC
...CGTAATGC G GTACTGAT... ...CGTAATGC G GTACTGAT...	GG