

The background features a dark blue gradient with several horizontal DNA double helix structures in light blue, purple, and green. Vertical dashed lines are present. Four circular icons are arranged in a 2x2 grid: top-left is a teal circle with a white human silhouette; top-right is a purple circle with a white mouse silhouette; bottom-left is a green circle with a white wheat stalk silhouette; bottom-right is an orange circle with a white fish silhouette.

ΣΥΓΚΡΙΤΙΚΗ ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΗ

Ορισμός γονιδιώματος και γονιδιωματικής

- **Γονιδίωμα:** περιλαμβάνει όλη την πληροφορία σε μια σειρά (απλοειδή) από το σύνολο των χρωμοσωμάτων που συναντώνται στον πυρήνα (ή και έξω από αυτόν) κάθε κυττάρου ενός οργανισμού. Στην ουσία, καθορίζεται από την πλήρη αλληλουχία του DNA.
- **Η γονιδιωματική** είναι η μελέτη όλων των γονιδίων ενός κυττάρου, ή ιστού, στα επίπεδα του DNA (γονότυπος), mRNA (μεταγραφικό), ή της πρωτεΐνης (πρωτέωμα)

Τι εξετάζει η γονιδιώματιση

- τον προσδιορισμό της πλήρους νουκλεοτιδικής αλληλουχίας του γονιδιώματος,
- την ταυτοποίηση όλων των δομικών γονιδίων
- τις καλά καθορισμένες λειτουργίες (well defined) για όλα τα γονίδια
- τον ρυθμιστικό ρόλο των γονιδίων κατά τη διάρκεια της φυσιολογικής αύξησης και ανάπτυξης και κατά την ανταπόκριση στις περιβαλλοντικές καταπονήσεις
- την κατανόηση των πολύπλοκων αλληλεπιδράσεων που λαμβάνουν χώρα σε γενετικά και κυτταρικά δίκτυα.

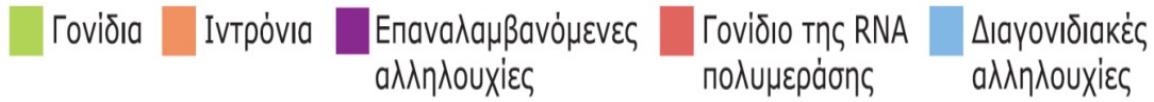
Παράδοξο της τιμής C

Τι είδους αλληλουχίες απαρτίζουν το χρωμόσωμα – γονιδίωμα?

Διαφορές μεγέθους γονιδιώματος μεταξύ:

- ✓ πρωτοζώων 5800 φορές,
- ✓ αρθροπόδων 250 φορές,
- ✓ φυκών 5000 φορές,
- ✓ αγγειοσπέρμων 1000 φορές

Το γονιδίωμα της σαλαμάνδρας είναι 20 και της τουλίπας 10 φορές μεγαλύτερο από του ανθρώπου



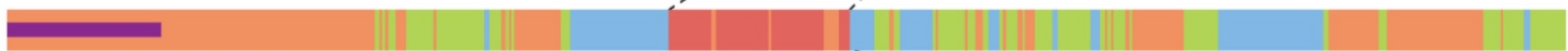
Escherichia coli (57 γονίδια)



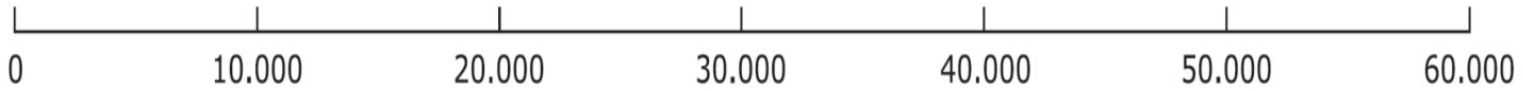
Saccharomyces cerevisiae (31 γονίδια)



Drosophila melanogaster (9 γονίδια)

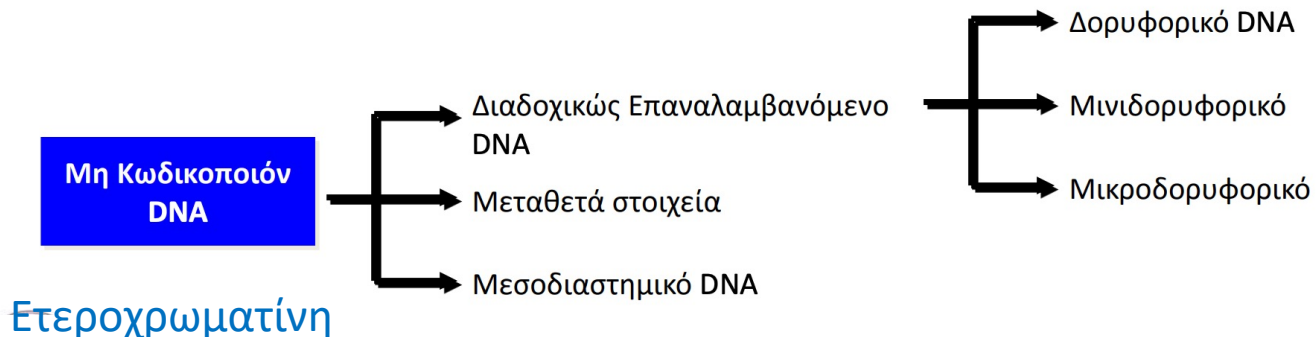
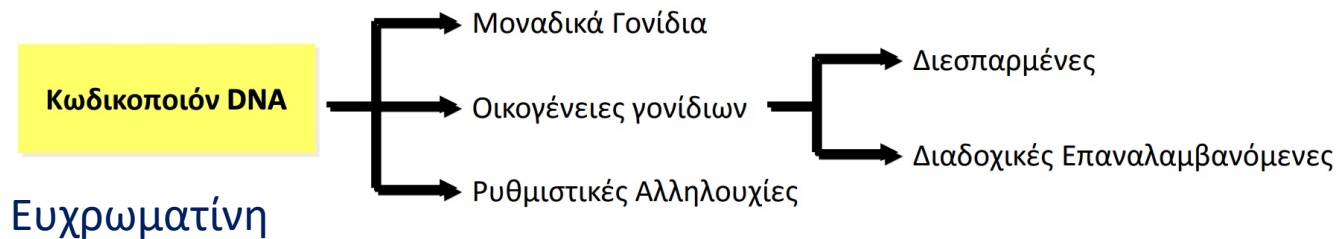


Άνθρωπος (2 γονίδια)



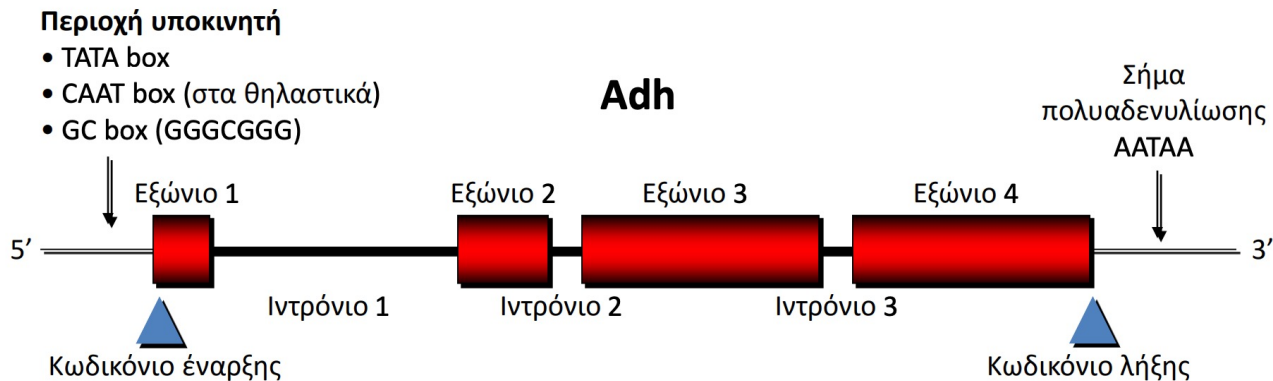
Αριθμός ζευγών βάσεων

- Μοναδικό DNA - 30-75% του γονιδιώματος
- Μεσοεπαναλαμβανόμενο DNA (μεσοσυνδεόμενο) - 1-30% του γονιδιώματος - 10-1000 αντίγραφα
- Υψηλά επαναλαμβανόμενο DNA (ταχυσυνδεόμενο) - 5-45% του γονιδιώματος - μέχρι 10^7 αντίγραφα

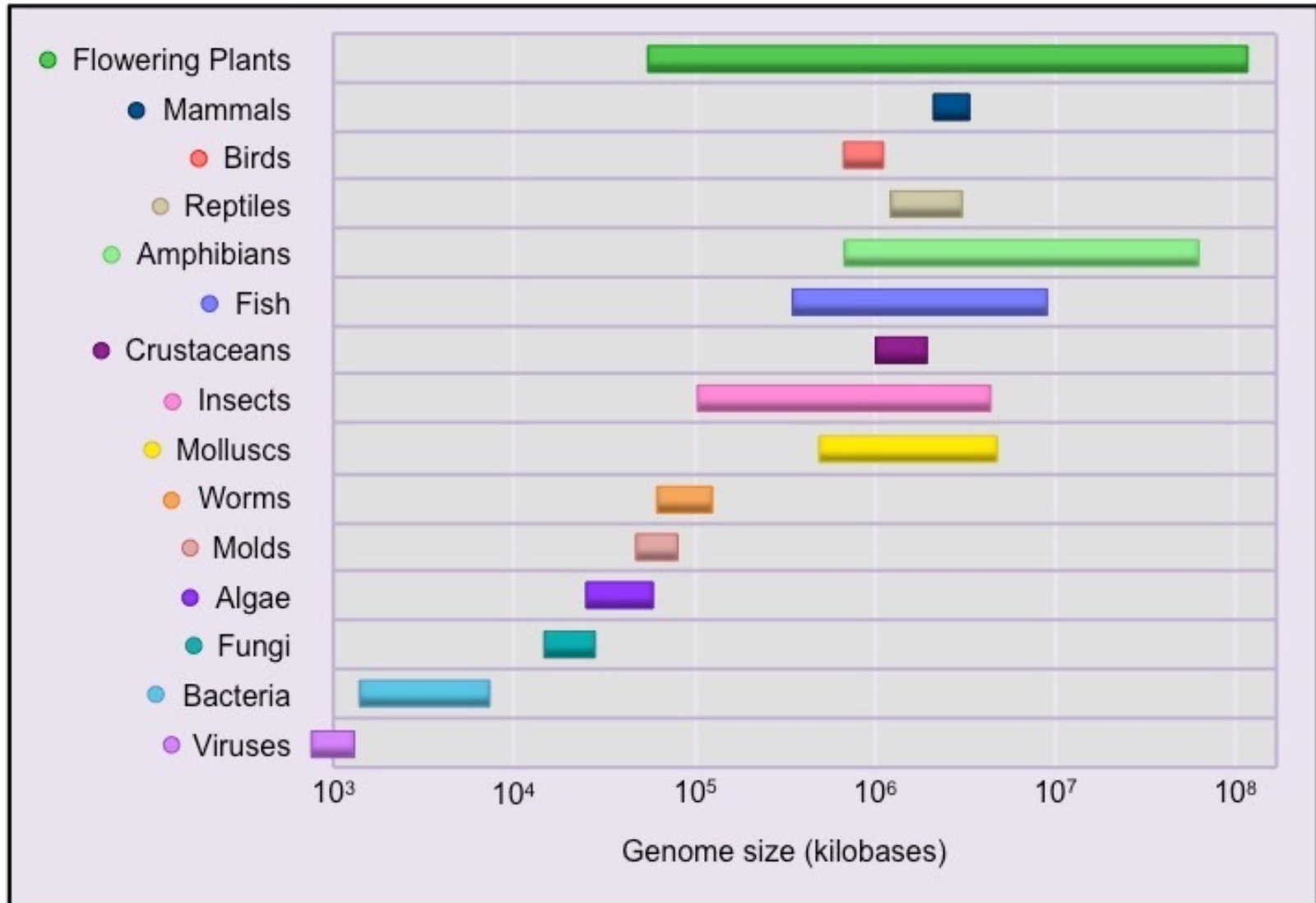


Αύξηση γονιδιώματος

- Πολυπλοειδία - διπλασιασμός ολόκληρου γονιδιώματος
- Διπλασιασμός χρωμοσώματος
- Άνισος διασκελισμός
- Λάθος κατά την αντιγραφή (Replication slippage)
- Μεταφορά από ιό ή μεταθετό στοιχείο
- Ανάστροφη μεταγραφή
- Οριζόντια μεταφορά

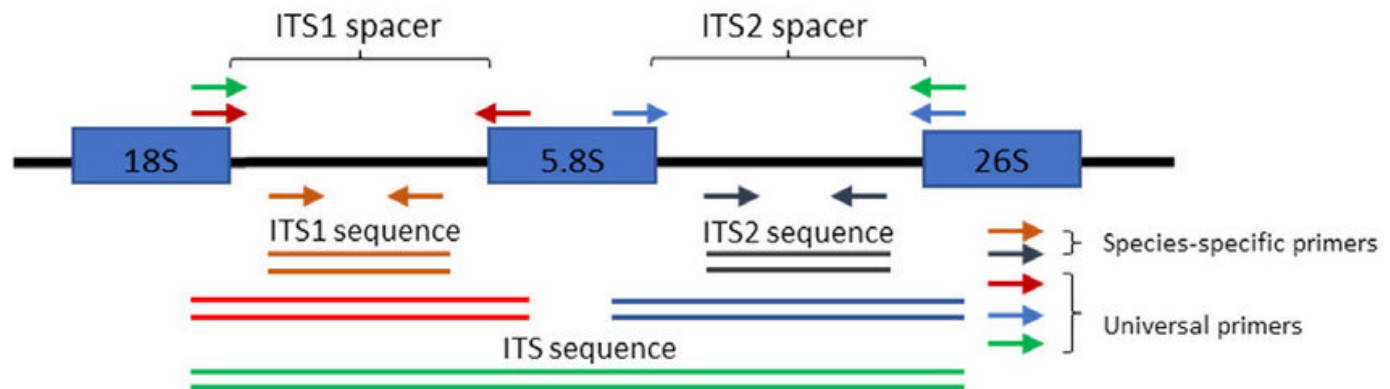


Διαφορές στο μέγεθος μεταξύ διαφόρων taxa



Η προέλευση του ευκαρυωτικού γονιδιώματος

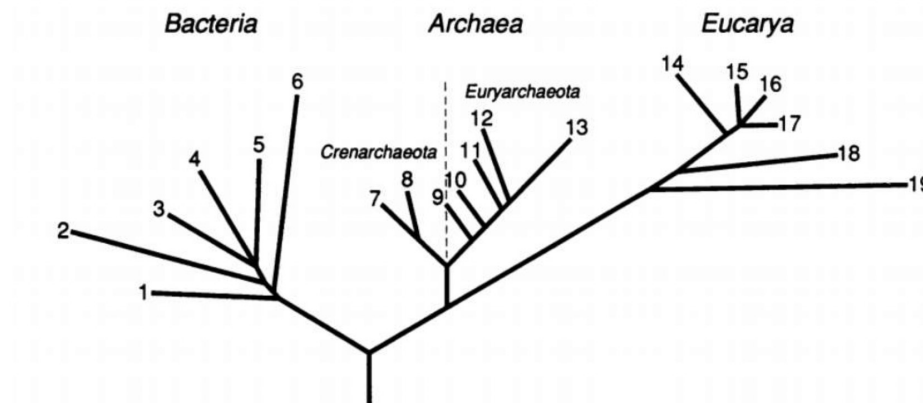
- ❖ Υπάρχουν πολλαπλές ομοιότητες στο επίπεδο του DNA μεταξύ των οργανισμών (π.χ. περιοχές στα γονίδια των ριβοσωμικών DNA που έχουν μείνει συντηρημένες, ίδιες, από τους απλούστερους μονοκύτταρους οργανισμούς μέχρι τους ανώτερους).
- ❖ Η ζωή εμφανίστηκε μια φορά και εξελίχθηκε στους διάφορους οργανισμούς.
- ❖ Το ευκαρυωτικό γονιδίωμα είναι μωσαϊκό από DNA από Αρχαία και Ευβακτήρια. Π.χ. Το ευκαρυωτικό γονιδίωμα έχει οπερόνια σπάνια, ενώ εμφανίζει ιντρόνια. Αυτά τα χαρακτηριστικά συναντούνται και στα Αρχαία.



Οι επικράτειες της ζωής – life domains

- Η βασική υπόθεση η οποία συχνά ονομάζεται το δένδρο της ζωής αναφέρει ότι τα αρχαία και οι ευκαρυώτες εξελίχθηκαν ανεξάρτητα μεταξύ τους και ότι στη βάση αυτού του δένδρου είναι τα βακτήρια. Δλδ. η κάθε ομάδα είναι μονοφυλετική.

Το δέντρο της ζωής με τις 3 επικράτειες, βασισμένο στην ανάλυση της μικρής υπομονάδας του rRNA (Woese et al. 1990).

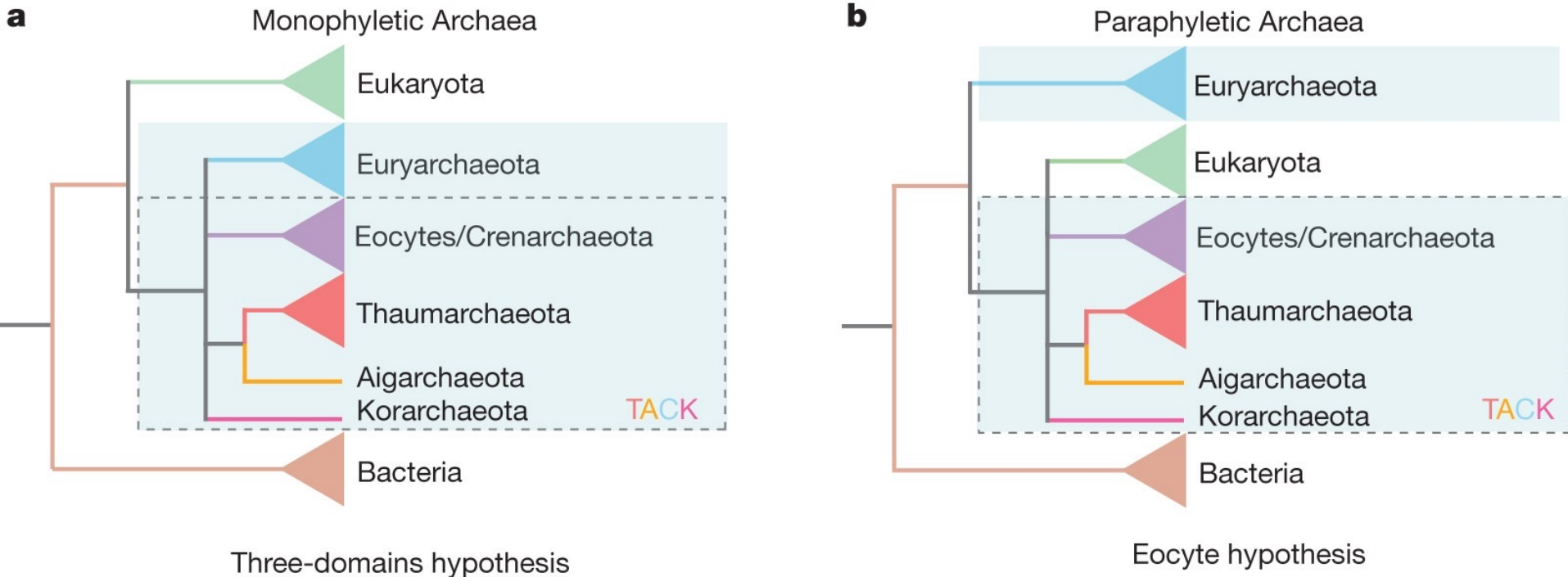


Universal phylogenetic tree in rooted form, showing the three domains.

Οι επικράτειες της ζωής – life domains

- Τα τελευταία χρόνια καθώς έχουν αναπτυχθεί ακόμα πιο πολύπλοκες μέθοδοι εύρεσης φυλογενετικών δένδρων αρχίζει να εμφανίζεται σαν πιθανότητα ότι η ομάδα των αρχαίων είναι παραφυλετική.
- Δηλαδή οι ευκαρυώτες προέκυψαν μέσα από μια συγκεκριμένη ομάδα των αρχαίων την ομάδα TACK, όπως ονομάζεται. Συνεπώς υπάρχουν μόνο δύο βασικές ομάδες οργανισμών από τους οποίους εξελίχθηκε η ζωή, τα βακτήρια και τα αρχαία.

Οι επικράτειες της ζωής – life domains



An archeal origin of eukaryotes supports only two primary domains of life

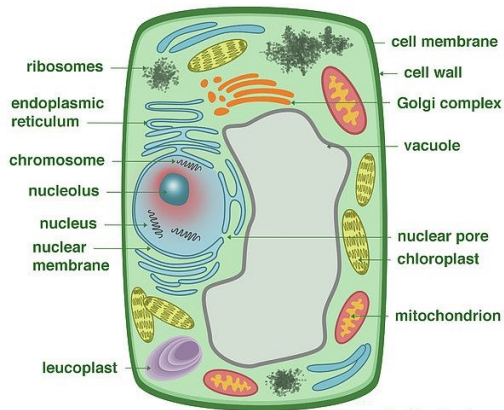
Nature 2013, 504, 231-236

<http://www.nature.com/nature/journal/v504/n7479/full/nature12779.html>

3 τύποι γονιδιωμάτων φυτών

Πυρηνικό DNA

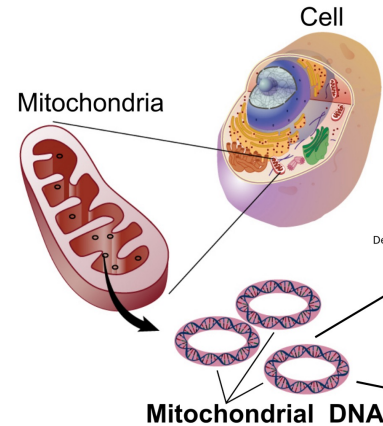
- 157.000.000 νουκλεοτίδια (στο μικρότερο γονιδίωμα φυτού)
- Διγονεϊκή κληρονομικότητα
- Γονίδια multi-copy
- Γονίδια, introns, spacers συντηρημένα σε βαθμό που ποικίλλει αλλά γενικά εξελίσσονται γρήγορα



PLANT CELL

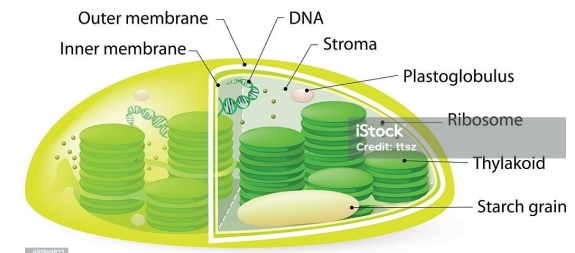
Μιτοχονδριακό DNA

- Κυκλικό
- 350.000-500.000 νουκλεοτίδια
- Κυρίως μητρική κληρονομικότητα
- Γονίδια, introns, spacers single-copy
- Γονίδια συντηρημένα
- Introns, spacers πολυμορφικά
- Ανασυνδυασμός και διπλασιασμός



Χλωροπλαστικό DNA

- Μόνο στα φυτά
- Κυκλικό
- ca. 150.000 νουκλεοτίδια
- Κυρίως μητρική κληρονομικότητα
- Οι περισσότερες περιοχές single-copy
- Συντηρημένες ή πολυμορφικές περιοχές



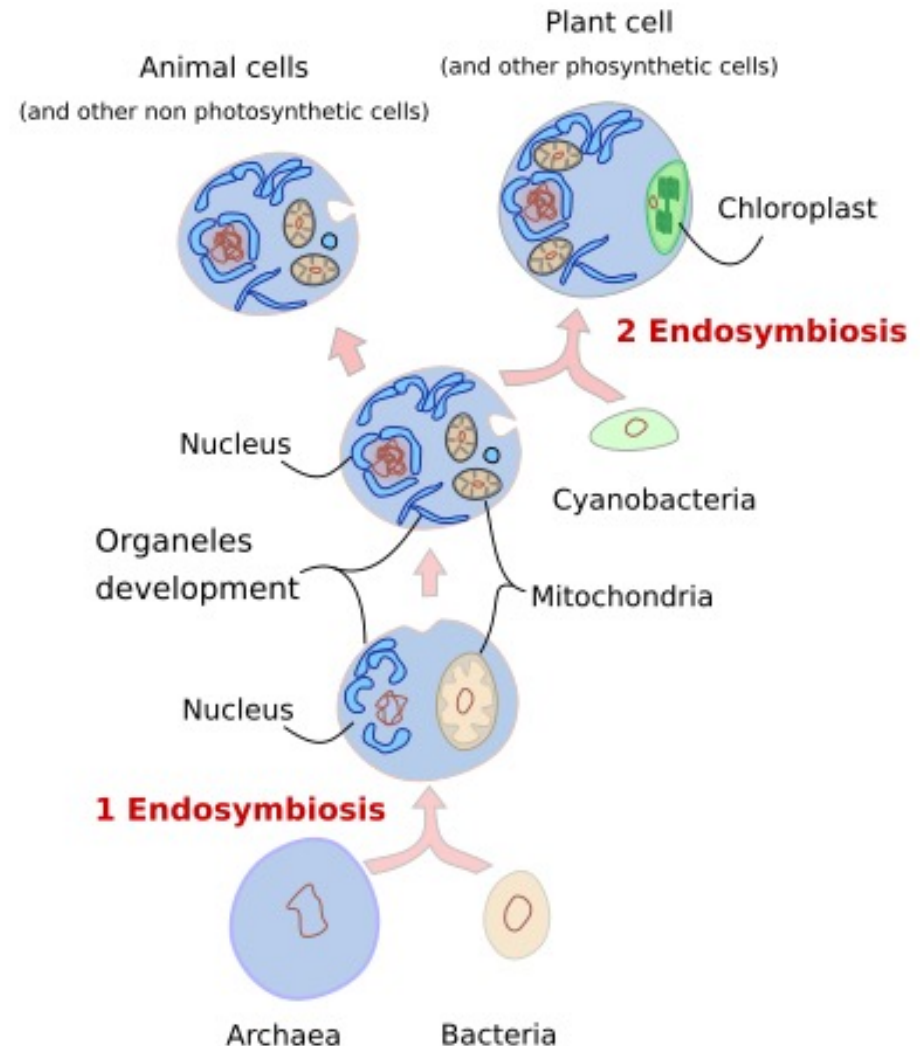
Καταγωγή κι εξέλιξη των χλωροπλαστών και των μιτοχονδρίων

■ ΜΙΤΟΧΟΝΔΡΙΑ

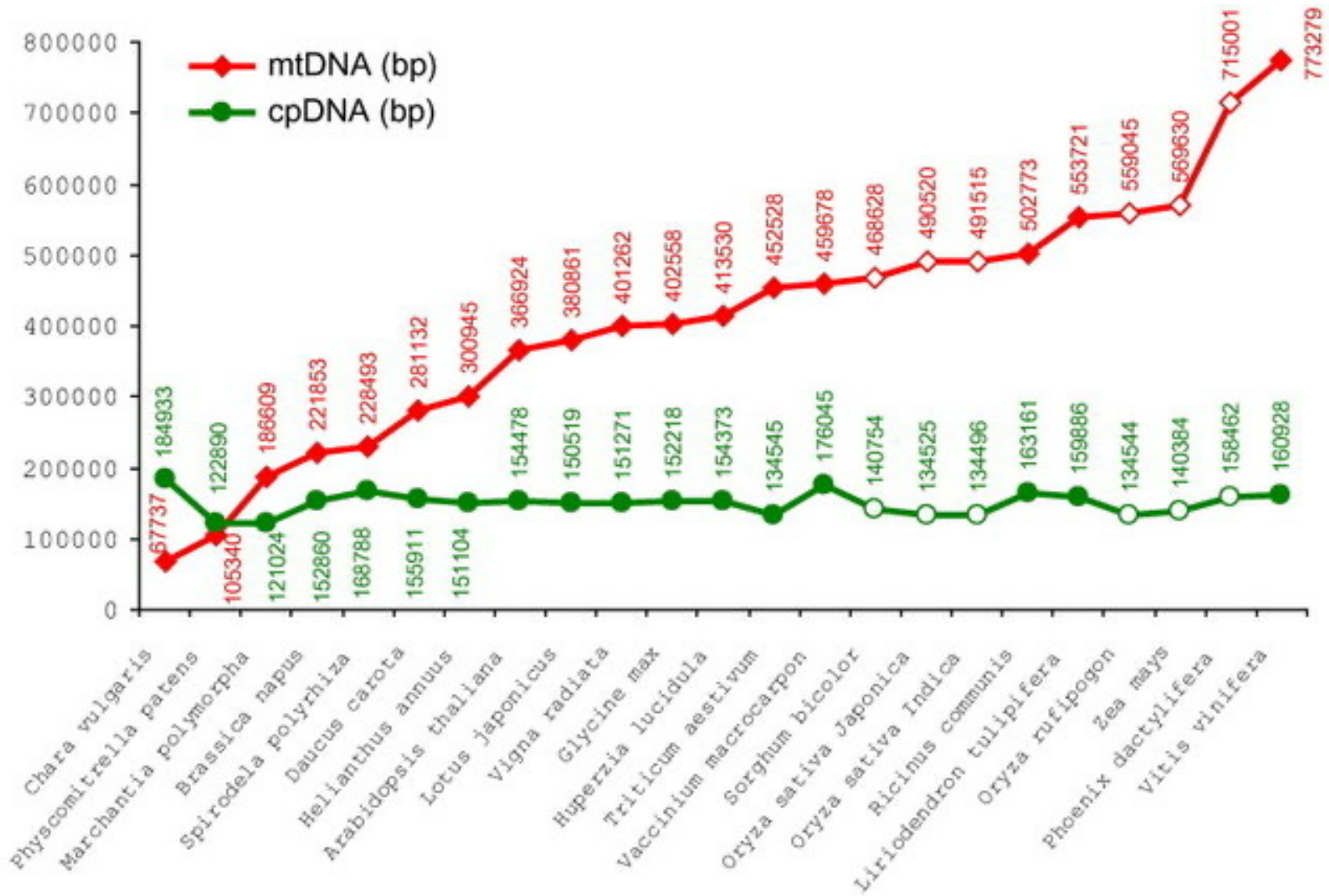
Συμβίωση ενός αναερόβιου αρχαιοβακτηριακού ξενιστή και ενός αλφα-πρωτεοβακτηρίου (όπως το *Rickettsia prowazekii*).

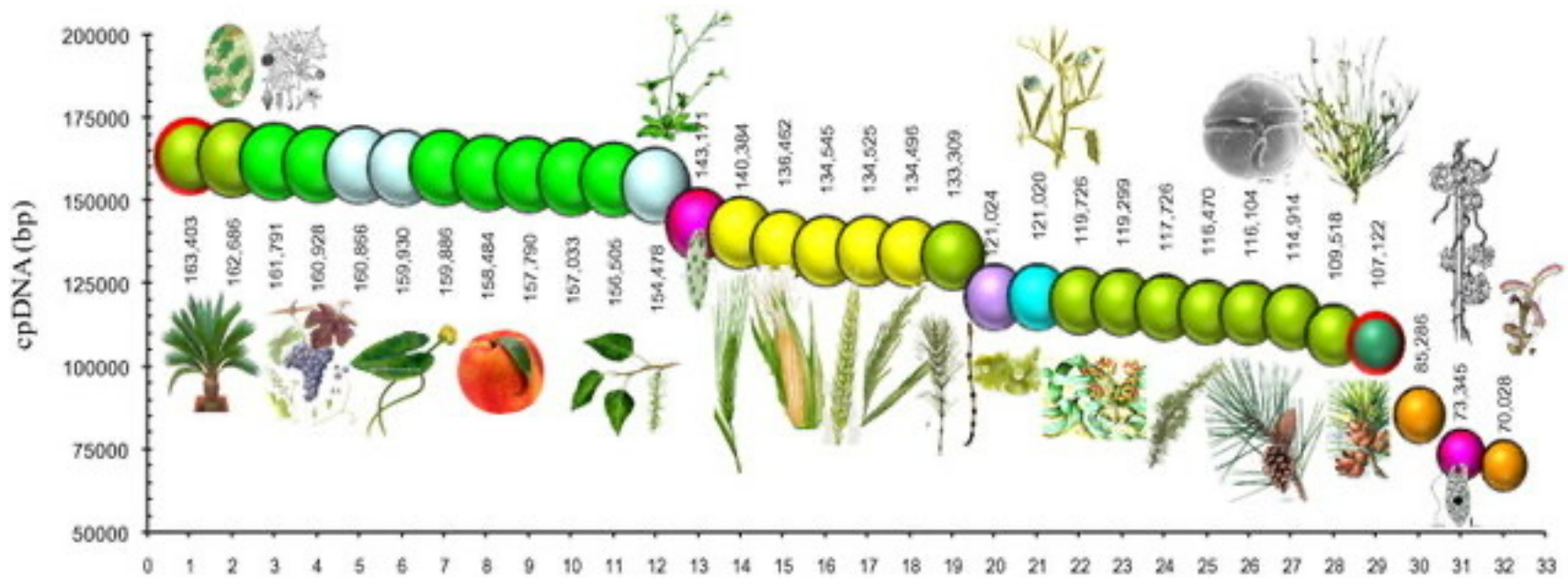
■ ΧΛΩΡΟΠΛΑΣΤΕΣ

Προέκυψαν από κυανοβακτήρια



Changes of organelle genome sizes during the evolution





cpDNA. Comparative sizes (bp) of total plant cpDNAs of different taxa (with NCBI accession numbers; Altschul et al., 1997).

Το χλωροπλαστικό γονιδίωμα

- Εντοπίζεται μόνο στα φυτά
- Κυκλικό μόριο μεγεθους ~150 kb
- Εμφανίζει μητρική συνήθως κληρονόμηση
- Κληρονομείται ως μια μονάδα καθώς δεν υπάρχει γενετικός ανασυνδυασμός
- Παρουσιάζει εξελικτική συντηρητικότητα ως προς τη δομή μεταξύ των φυτών
- Το μεγαλύτερο τμήμα εμφανίζει single copy αλληλουχίες (όχι επαναλήψεις)
- Υπάρχουν περιοχές που εξελίσσονται ταχέως ή είναι συντηρημένες

Χαρακτηριστικά του DNA των χλωροπλαστών

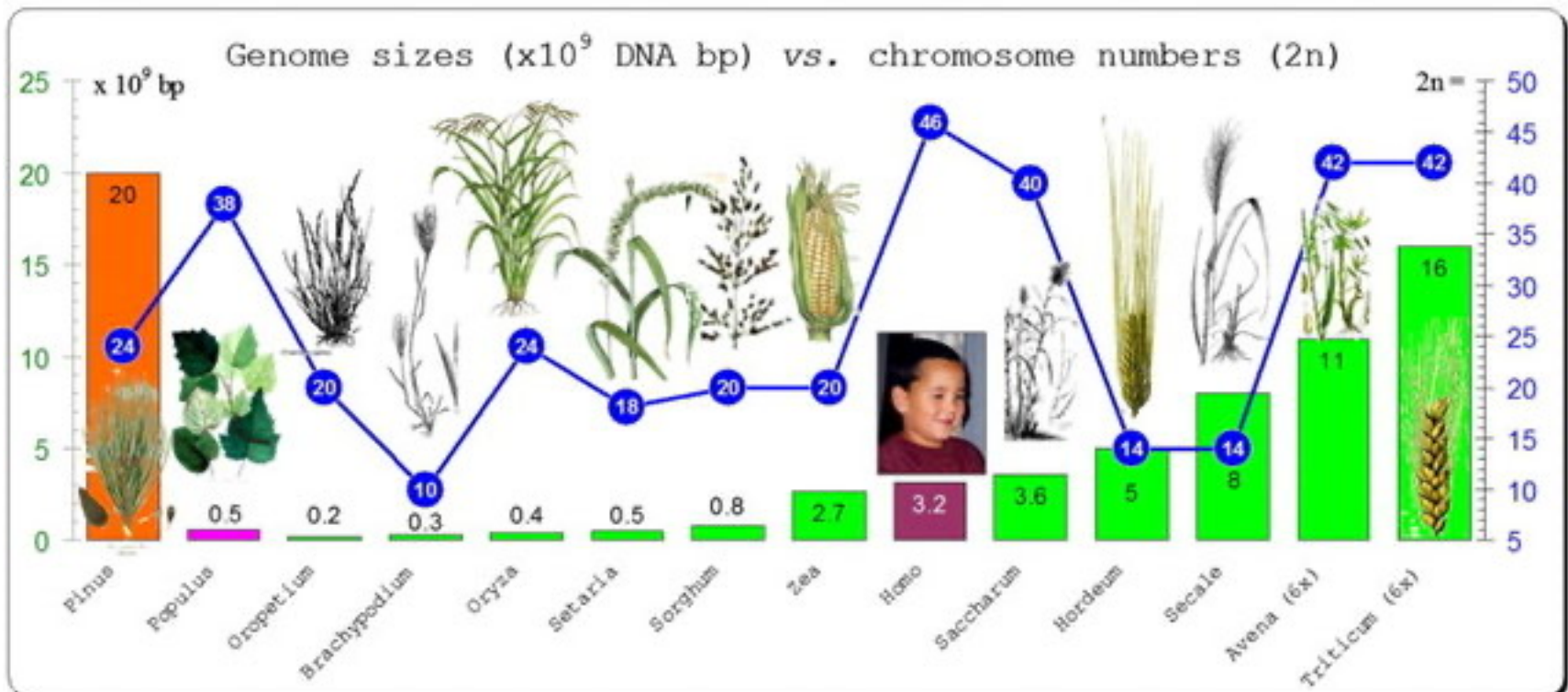
- Ίδιος αριθμός γονιδίων στα φυτικά είδη
- Μητρική κληρονομία
- Δεν παρατηρούνται μεταλλάξεις λόγω ανασυνδυασμών

ΠΙΝΑΚΑΣ 14.1 Ορισμένα γονίδια του χλωροπλάστη, τα οποία έχουν χρησιμοποιηθεί στη μοριακή συστηματική των φυτών σύμφωνα με τους Soltis et al. 1998.

| Γονίδια Χλωροπλάστη | | |
|---------------------|---|--|
| Γονίδιο | Περιοχή | Λειτουργία |
| <i>atpB</i> | Μεγάλου μήκους περιοχή μονού αντιγράφου του χλωροπλάστη | B υπομονάδα της συνθετάσης της ATP, η οποία λειτουργεί στη σύνθεση της ATP μέσω μετατόπισης πρωτονίου |
| <i>rbcL</i> | Μεγάλου μήκους περιοχή μονού αντιγράφου του χλωροπλάστη | Μεγάλη υπομονάδα της καρβοξυλάσης/οξυγονάσης της 1,5-διφωφορικής ριβουλόζης, (RUBISCO) που λειτουργεί στην αρχική δέσμευση του CO ₂ σε αντιδράσεις υπό σκότος |
| <i>matK</i> | Μεγάλου μήκους περιοχή μονού αντιγράφου του χλωροπλάστη | Ματουράση, η οποία λειτουργεί στην εκτομή εσωνίων τύπου II από RNA μετάγραφα |
| <i>ndhF</i> | Μικρού μήκους περιοχή μονού αντιγράφου του χλωροπλάστη | Υπομονάδα της χλωροπλαστικής NADH αφυδρογονάσης, η οποία λειτουργεί στη μετατροπή του NADH σε NAD + H ⁺ , ελέγχοντας διάφορες αντιδράσεις της αναπνοής |

Μελέτη φυτικών γονιδιωμάτων

- ❖ Τα γονιδιώματα των φυτών είναι πιο περίπλοκα από ότι άλλα ευκαρυωτικά γονιδιώματα.
- ❖ Τα φυτά δείχνουν ευρέως διαφορετικό αριθμό χρωμοσωμάτων και ποικίλα επίπεδα πλοειδίας.



Μελέτη φυτικών γονιδιωμάτων

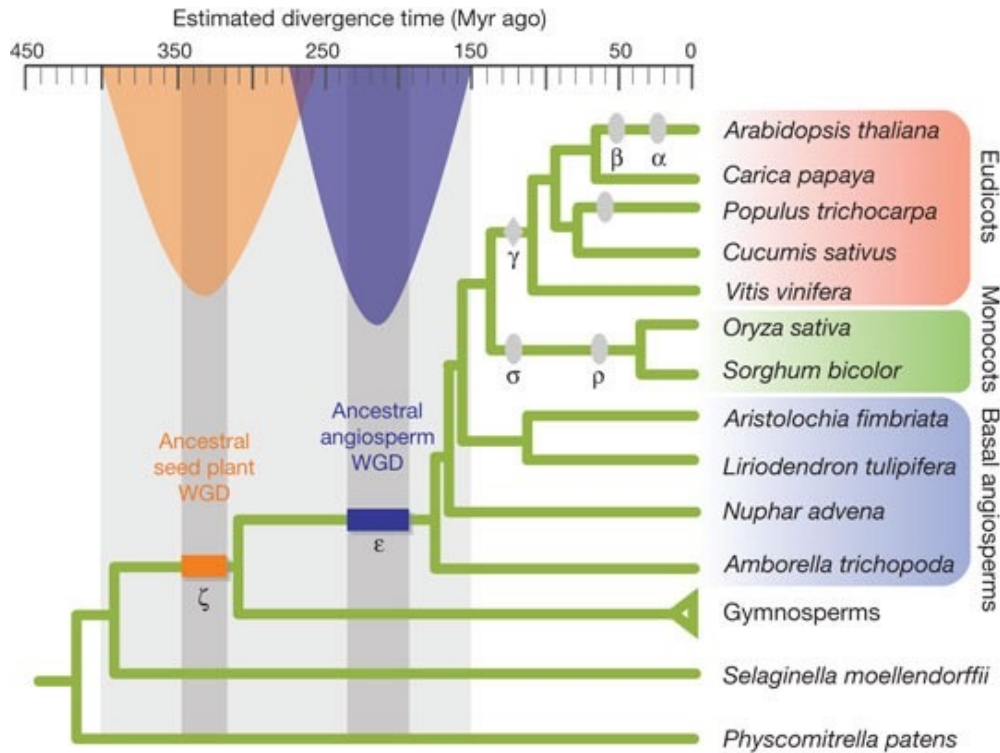
- Συνολικά, το μέγεθος των φυτικών γονιδιωμάτων (ο αριθμός των χρωμοσωμάτων όσο και το σύνολο των ζευγαριων νουκλεοτιδικών βάσεων) παρουσιάζει τη μεγαλύτερη παραλλακτικότητα σε σύγκριση με τους υπόλοιπους ευκαρυωτικούς οργανισμούς.
- Για παράδειγμα, οι τουλίπες περιέχουν πάνω από 170 φορές περισσότερο DNA από ότι το *Arabidopsis thaliana*.

Μέγεθος γονιδιώματος διαφόρων φυτικών ειδών

| Επιστημονικό όνομα | Κοινό όνομα | Μέγεθος γονιδιώματος (Mb) |
|---------------------------------------|-------------|---------------------------|
| <i>Arabidopsis thaliana</i> | Αραβίδοψη | 125 |
| <i>Prunus persica</i> | Ροδάκινο | 262 |
| <i>Ricinus communis</i> | Ρεσινολαδιά | 323 |
| <i>Citrus sinensis</i> | Πορτοκάλι | 367 |
| <i>Oryza sativa spp. javanica</i> | Ρύζι | 424 |
| <i>Petunia parodii</i> | Πετούνια | 1,221 |
| <i>Pisum sativum</i> | Μπιζέλι | 3,947 |
| <i>Avena sativa</i> | Βρώμη | 11,315 |
| <i>Tulipa spp.</i> | Τουλίπα | 24,704 |

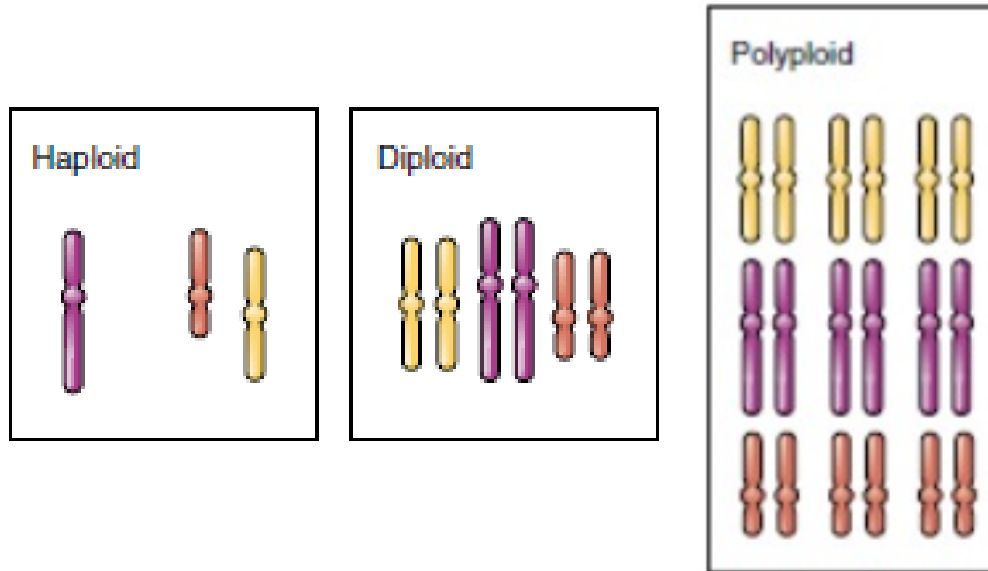
Πώς εξηγείται η πολυπλοκότητα και το μεγάλο μέγεθος του φυτικού γονιδιώματος;

- ❖ Σημαντικό ρόλο έπαιξε ο διπλασιασμός ολόκληρων περιοχών του γονιδιώματος και η πολυπλοειδία.
- ❖ Whole Genome Duplications συνέβησαν 319 και 192 εκατομμύρια χρόνια πριν στα φυτά δημιουργώντας την κατάλληλη ύλη για την ανάπτυξη και εξάπλωση των σπερματοφύτων και των αγγειόσπερμων, χάρι στην αύξηση των ρυθμιστικών στοιχείων που σχετίζονται με τη δημιουργία των σπερμάτων και των ανθέων.



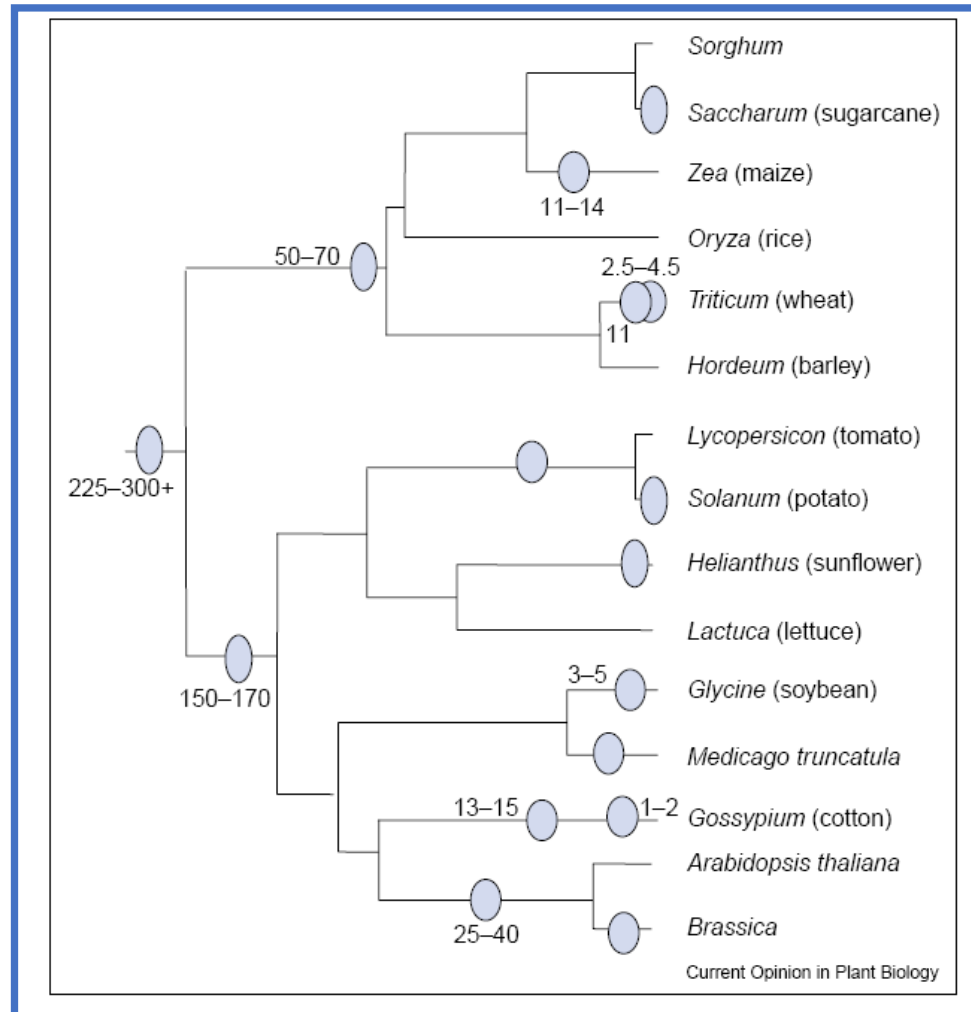
Ancestral polyploidy in seed plants and angiosperms
 Nature473,97–100(05 May2011)doi:10.1038/nature09916

Πολυπλοειδία στα φυτικά γονιδιώματα

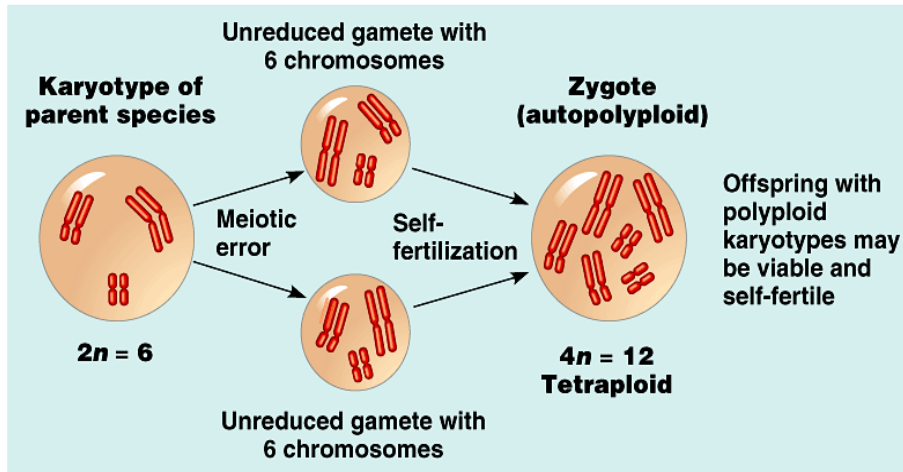


- Η πολυπλοειδία μπορεί να αυξήσει άμεσα το μέγεθος του γονιδιώματος πολλαπλασιάζοντας όλα τα περιεχόμενα του, και αυτό συμβαίνει ευρέως στα αγγειόσπερμα.
- Διακρίνεται σε αυτοπολυπλοειδία και αλλοπολυπλοειδία

Η πολυπλοειδία είναι πολύ διαδεδομένη στα φυτά, αφού εκτιμάται ότι περίπου το 70% των μονοκοτυλήδων και δικοτυλήδων έχει υποστεί κάποιο επεισόδιο πολυπλοειδισμού κατά την εξελικτική του πορεία.



Αυτοπολυπλοειδή vs. Αλλοπολυπλοειδή



Κολχικίνη, στείρα seedless καρπούζια,
τριπλοειδή μπανάνα

| | | |
|---------|--------------------------|-----------|
| alfalfa | <i>Medicago sativa</i> | $2n = 4x$ |
| tea | <i>Camellia sinensis</i> | $2n = 4x$ |
| potato | <i>Solanum tuberosum</i> | $2n = 4x$ |
| yam | <i>Dioscorea alata</i> | $2n = 6x$ |

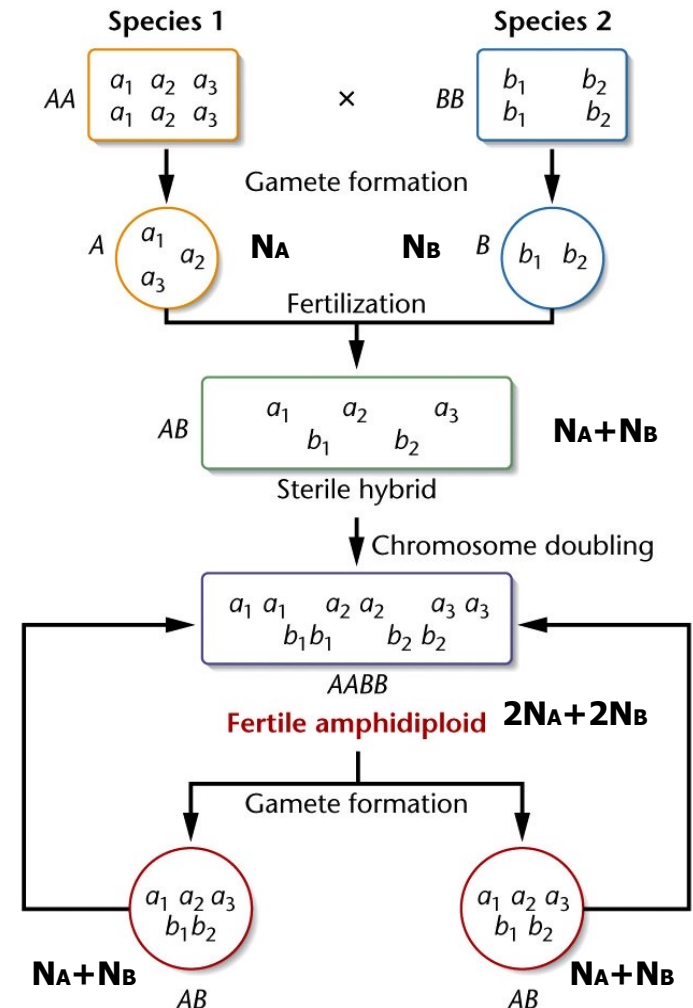
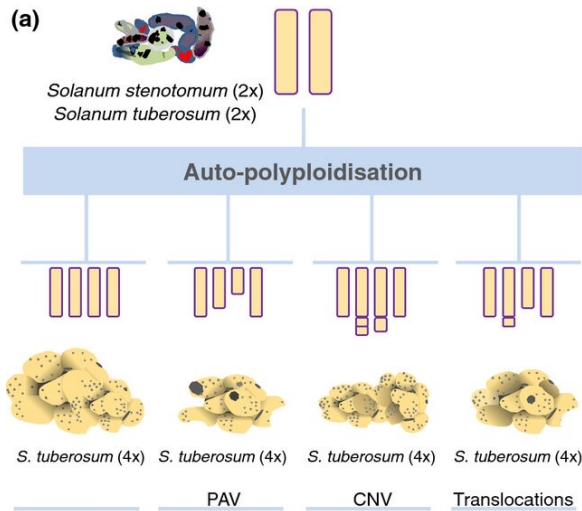
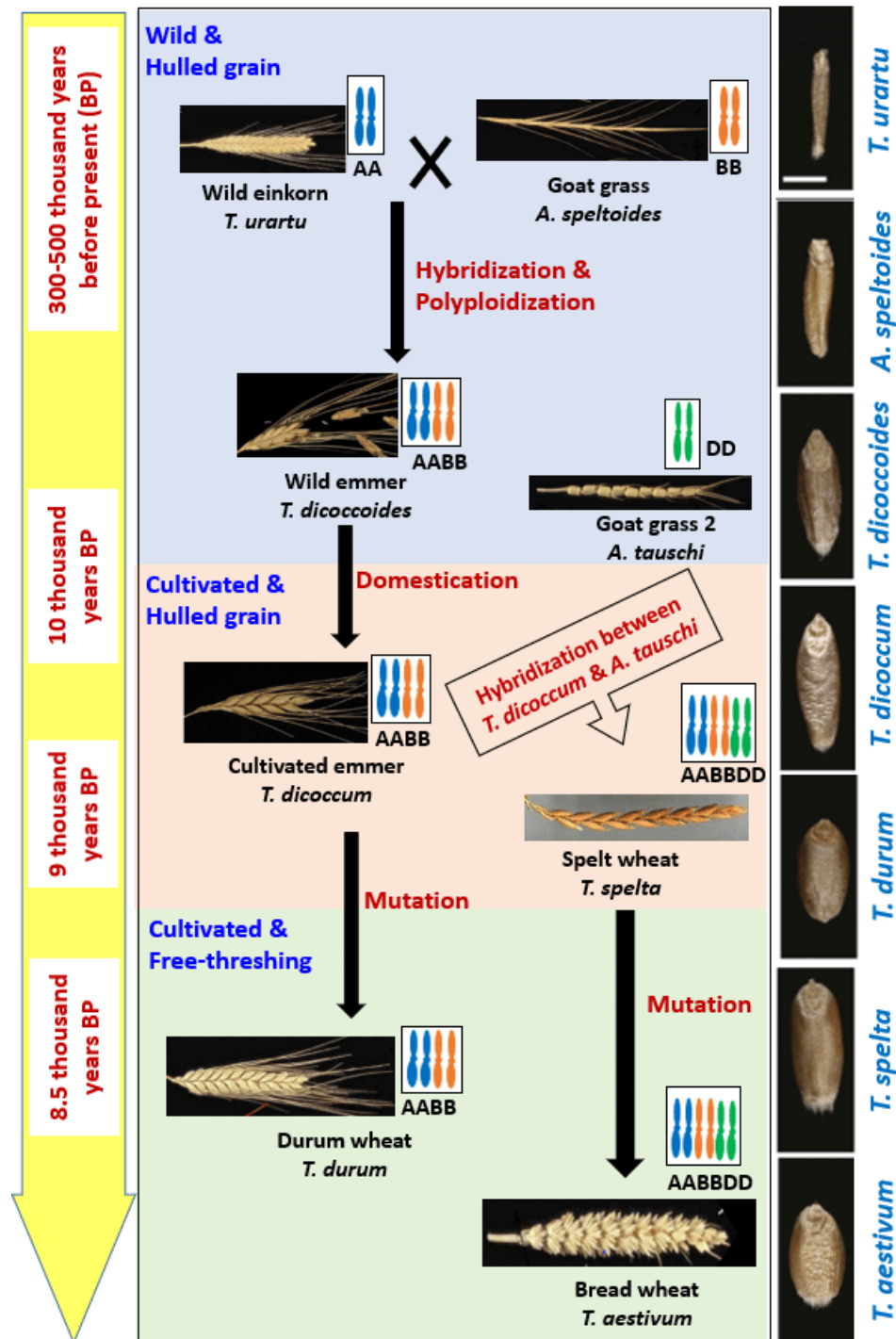


Figure 6-8 Essentials of Genetics, 6/e
© 2007 Pearson Prentice Hall, Inc.

Η πολύχρωμη ποικιλομορφία των ποικιλιών πατάτας στο Περού

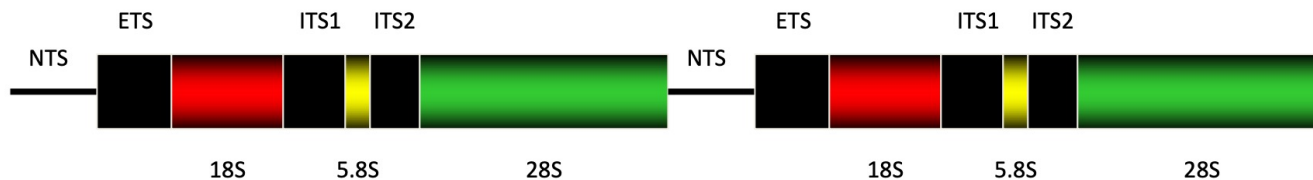


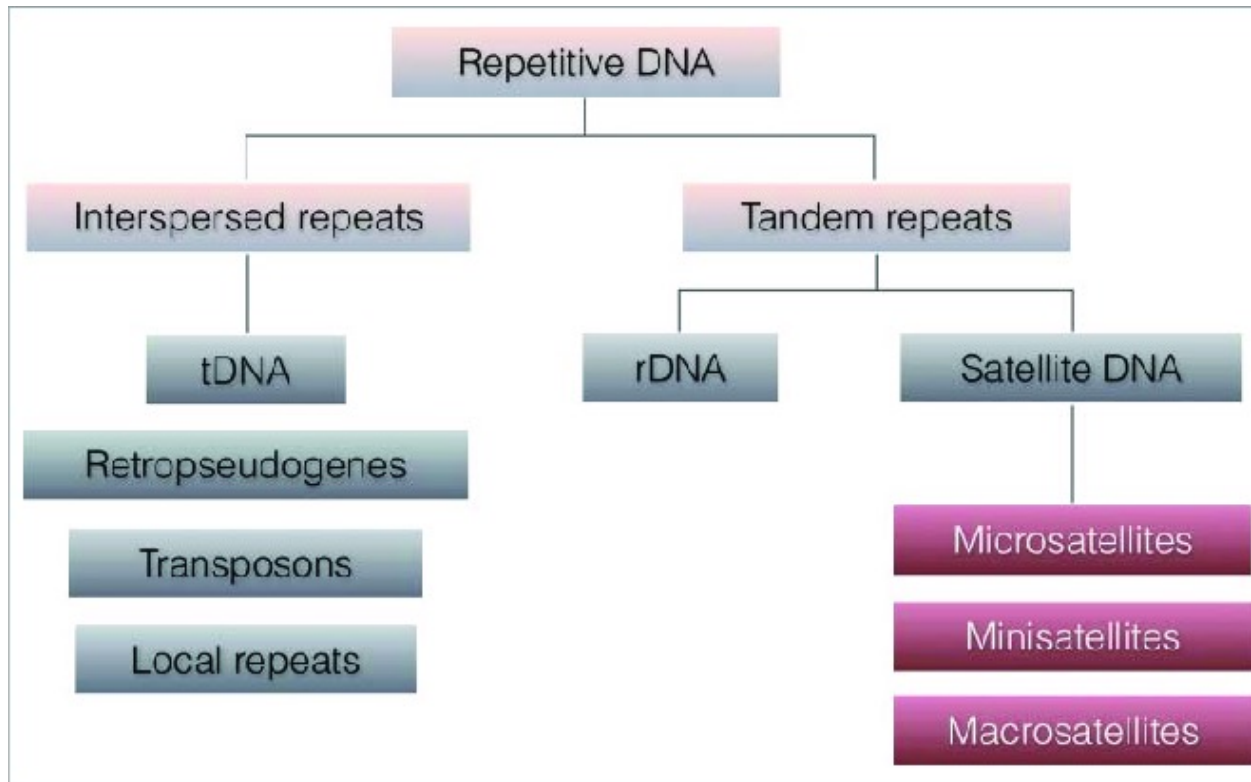
Εξελικτική ιστορία του σιταριού



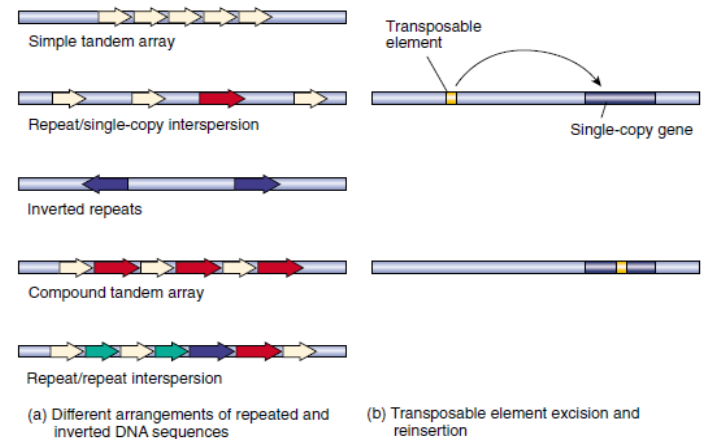
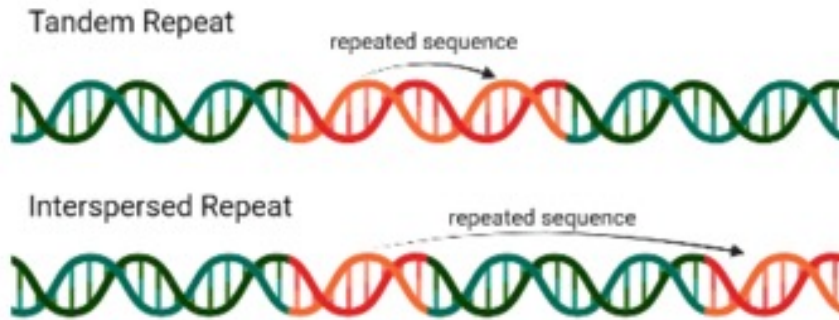
Επαναλαμβανόμενες αλληλουχίες DNA

- ✓ Οι επαναλαμβανόμενες αλληλουχίες DNA αντιπροσωπεύουν την πλειονότητα του γονιδιωματικού DNA στα περισσότερα είδη φυτών, και εμφανίζονται σε λίγα έως εκατομμύρια αντίγραφα.
- ✓ Το περιεχόμενο ποικίλει από ~3% στην *Utricularia gibba* έως ~ 85% στο καλαμπόκι

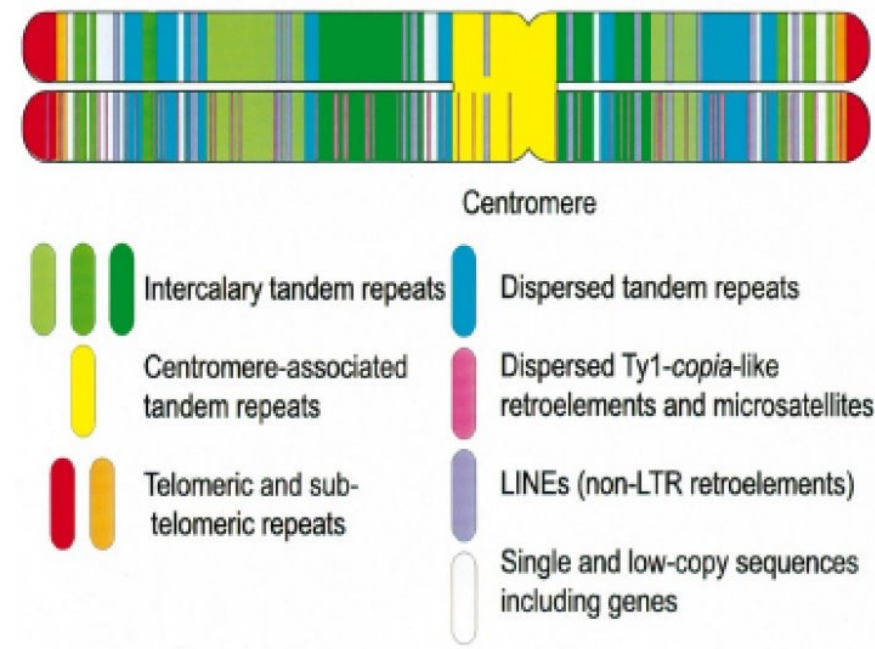
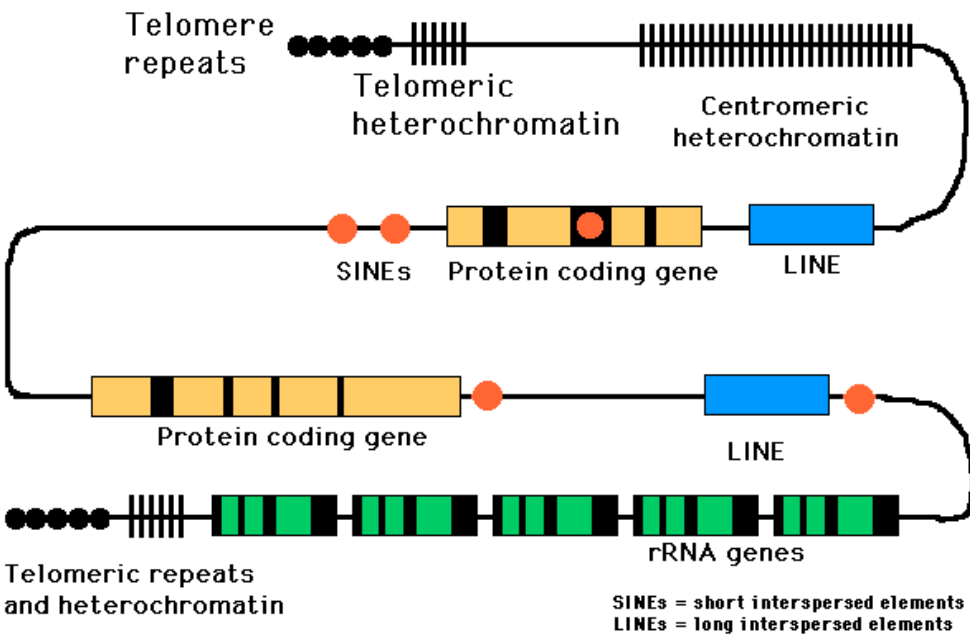




- ✓ *Μεταθετά στοιχεία: αποτελούν το μεγαλύτερο ποσοστό*
- ✓ *Ψευδογονίδια: Προκύπτουν από διπλασιασμούς γονιδίων ή από αντιγραφή του RNA σε DNA και ενσωμάτωση στο γονιδίωμα (πάνω από 10.000)*



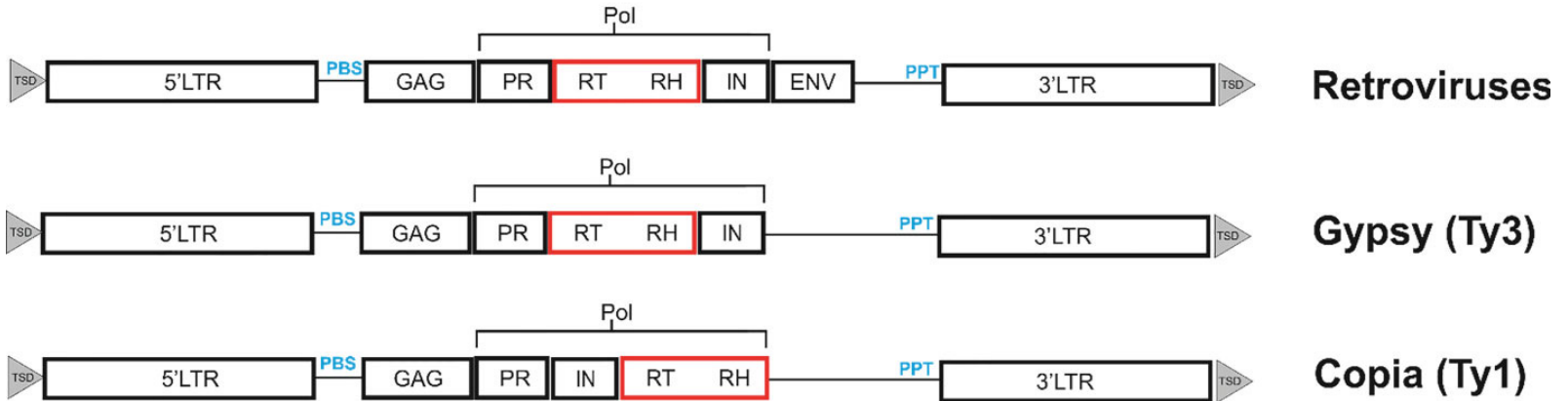
- ✓ Απλές επαναλήψεις μικρών αλληλουχιών (SSRs) από 2-5bp (~3% του γονιδιώματος).
- ✓ Διπλασιασμοί μεγάλων περιοχών 10-300 Kb του γονιδιώματος (~5% του γονιδιώματος).
- ✓ Δομικές επαναλαμβανόμενες περιοχές: κεντρομερή, στα τελομερή και άλλες χρωσωματικές περιοχές.



Μεταθετά στοιχεία είναι το μεγαλύτερο ποσοστό:

- **LINES:** Μακρά διάσπαρτα στοιχεία (long interspersed elements) : 6–8 Kb. Χαρακτηριστικός εκπρόσωπος τα στοιχεία L1. Στο 3' άκρο έχουν 20-50 αδενίνες (A)
- **SINES:** Βραχέα διάσπαρτα στοιχεία (short interspersed elements) : 100-300 bp ~1.500.000 αντίγραφα στο γονιδίωμα.
- **LTR's:** Μεταθετά στοιχεία που μοιάζουν με ρετροϊούς (long terminal repeat retrotransposons): παρουσιάζουν στα άκρα επαναλαμβανόμενες περιοχές 340bp για τη μετακίνησή τους. Αποτελούν το 75% του συνόλου του πυρηνικού DNA.
- **DNA** μεταθετά στοιχεία.

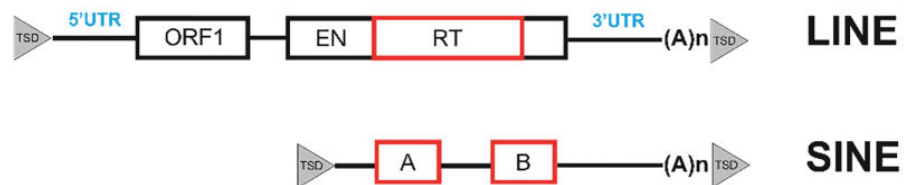
A Autonomous LTR retrotransposons



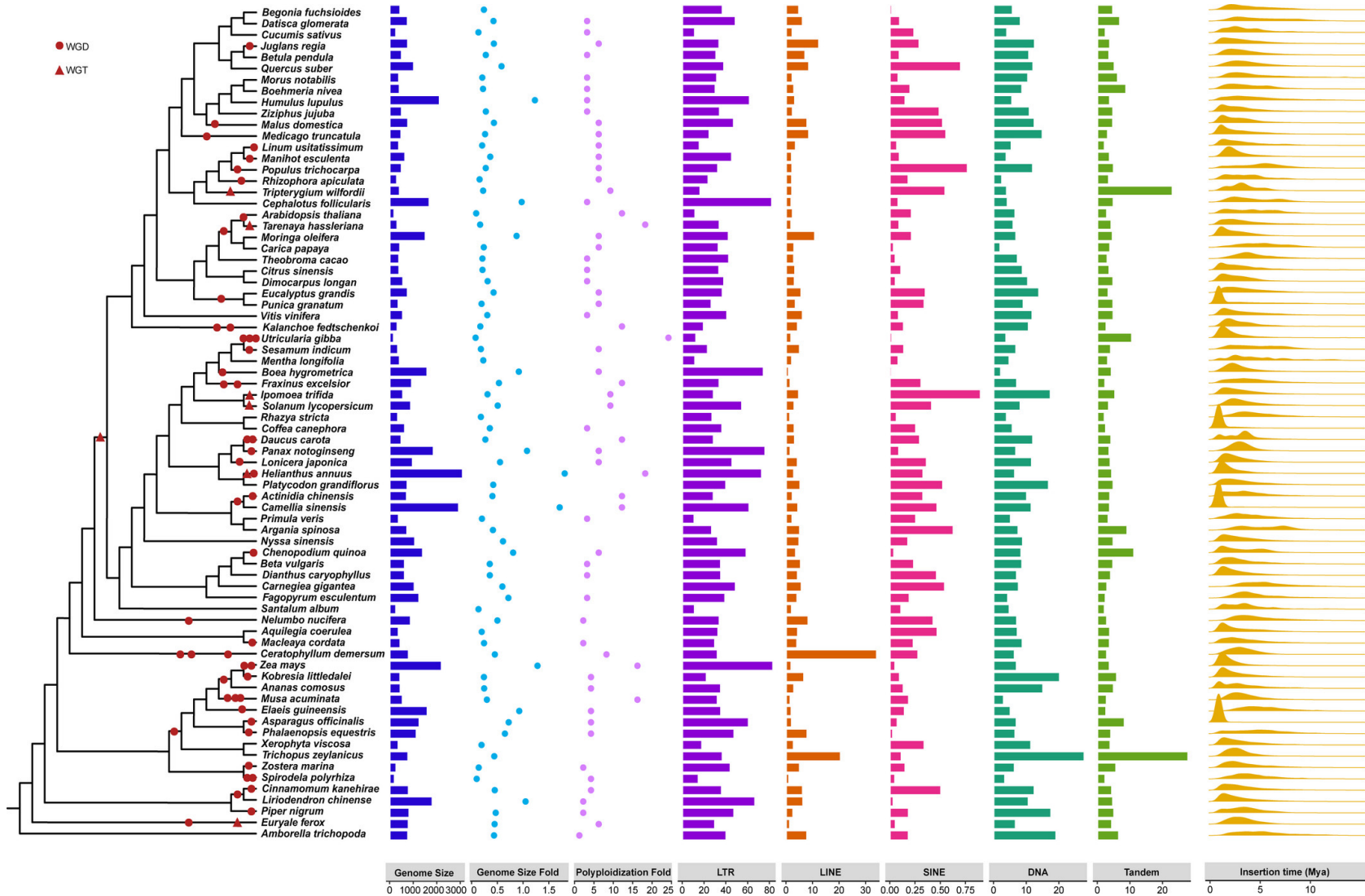
B Non-autonomous LTR retrotransposons



C Non-LTR retrotransposons



Which factors contribute most to genome size variation within angiosperms?



Συγκριτική γονιδιωματική – Comparative Genomics

- ❖ Πεδίο βιολογικής έρευνας στο οποίο συγκρίνονται τα γονιδιωματικά χαρακτηριστικά διαφορετικών οργανισμών.
- ❖ Περιλαμβάνει την σύγκριση των γονιδιωμάτων μεταξύ συγγενικών οργανισμών.
- ❖ Δομική γονιδιωματική – Structural genomics
- ❖ Λειτουργική γονιδιωματική - Functional Geneomics

Τι συγκρίνεται

- ✓ Το μέγεθος του γονιδιώματος
- ✓ Ο αριθμός των γονιδίων και η ομολογία τους
- ✓ Η αλληλουχία των γονιδίων όσο και η θέση κάθε γονιδίου (γονιδιακή διάταξη)
- ✓ Οι ρυθμιστικές αλληλουχίες (μεταγραφικών παραγόντων miRNA κλπ)
- ✓ Επαναλαμβανόμενο DNA
- ✓ Πυρηνικό, κυτταροπλασματικό DNA
- ✓ & κωδικοποιητικών μη κωδικοποιητικών αλληλουχιών
- ✓ Αριθμός και μέγεθος ORF's

Σε τι βοηθάει η συγκριτική γονιδιωματική

- ❑ Στον εντοπισμό γονιδίων μέσα από σύγκριση με γονιδιώματα αναφοράς (reference genomes).
- ❑ Μέσω της εύρεσης των ομολογιών μεταξύ των γονιδιωμάτων διευκολύνεται η ταυτοποίηση/τεκμηρίωση των γονιδίων και σε άλλους οργανισμούς (annotation).
- ❑ Ποια είναι τα γονίδια που είναι κοινά μεταξύ των διαφορετικών φύλων/ειδών; Ποια είναι τα μοναδικά γονίδια; Η διάταξη αυτών των γονιδίων ποικίλλει?
- ❑ Σε επίπεδο πρωτεϊνών, ποιες είναι οι κοινές πρωτεΐνες και ποιες οι μοναδικές; Ποιες οι διαφορές και οι ομοιότητες στις αλληλεπιδράσεις των πρωτεϊνών και στη ρύθμιση της έκφρασής τους μεταξύ των φύλων/ειδών;

Σε τι βοηθάει η συγκριτική γονιδιωματική

- ❑ Στον προσδιορισμό μη κωδικών στοιχείων στο γονιδίωμα.
- ❑ Στον καθορισμό των φυλογενετικών σχέσεων μεταξύ ειδών – evolutionary genomics.
- ❑ Στην πρόβλεψη της λειτουργίας των γονιδίων ή των πρωτεϊνών.
- ❑ Συλλέγονται πληροφορίες για τις πρωτεΐνες που κωδικοποιούνται από τα γονίδια. Έτσι μπορεί να γίνει πρόβλεψη για τη λειτουργία μιας πρωτεΐνης σε έναν οργανισμό, με βάση τους κανόνες αναλογίας, την αλληλουχία και τη δομή της πρωτεΐνης σε κάποιον άλλο οργανισμό.
- ❑ Στη μελέτη της γονιδιωματικής εξέλιξης και της οργάνωσης του γονιδιώματος

Σε τι βοηθάει η συγκριτική γονιδιωματική

- ❑ Διευκολύνεται η εύρεση νέων γενετικών δεικτών (SSR και SNP) και η συνειδητοποίηση του μεγάλου εύρους πολυμορφισμού που υπάρχει σε κάθε οργανισμό.
- ❑ Εύρεση ομολογίας, αν δύο γονίδια σε δύο οργανισμούς είναι ορθόλογα (έχουν προκύψει δηλαδή με διπλασιασμό σε έναν κοινό πρόγονο και πιθανώς επιτελούν την ίδια λειτουργία) ή παράλογα (δεν υπάρχει άμεσος κοινός πρόγονος σε ένα προγενέστερο είδος, αλλά έχουν προκύψει από διπλασιασμό γονιδίου σε κάποιο πολύ παλιότερο είδος, και επιτελούν παρόμοια αλλά όχι ίδια λειτουργία).
- ❑ Έτσι, αποφεύγονται τα λάθη από τη σύγκριση λάθος γονιδίων όταν προσπαθούμε να καταλάβουμε τη λειτουργία τους.

Βασική αρχή

- ❖ Ολόκληρα ή μεγάλα τμήματα γονιδιωμάτων συγκρίνονται για τη μελέτη βασικών βιολογικών ομοιοτήτων και διαφορών καθώς και εξελικτικών σχέσεων μεταξύ των οργανισμών.
- ❖ Η κύρια αρχή είναι ότι τα κοινά χαρακτηριστικά δύο οργανισμών θα αντικατοπτρίζουν ομοιότητες στο DNA οι οποίες θα πηγάζουν από στενή εξελικτική σχέση.
- ❖ Επομένως, οι συγκριτικές γονιδιωματικές προσεγγίσεις ξεκινούν με τη δημιουργία κάποιας μορφής ευθυγράμμισης αλληλουχιών γονιδιώματος και την αναζήτηση ορθόλογων ακολουθιών (αλληλουχίες που μοιράζονται μια κοινή καταγωγή) στα ευθυγραμμισμένα γονιδιώματα και τον έλεγχο σε ποιο βαθμό αυτές οι αλληλουχίες διατηρούνται.

Φυτά μοντέλα

- Η μεταφορά γνώσης από φυτά - μοντέλα σε πιο περίπλοκους φυτικούς οργανισμούς.
- Σύγκριση με φυτά αντιπροσωπευτικά από διάφορα taxa
- Δημιουργία και σύγκριση με γονιδιώματα αναφοράς
- Μέσω της χαρτογράφησης των γονιδίων σε φυτά-μοντέλα μπορεί να γίνει η κατανόηση της εξέλιξης των φυτών στο γενετικό επίπεδο.

Φυτά -μοντέλα

- Αραβιδοψη. Έχει ένα ασυνήθιστα μικρό γονιδίωμα με μόνο 20% επαναλαμβανόμενο DNA κι έτσι έγινε δυνατή η πλήρης αλληλούχιση ολόκληρου του γονιδιώματος του πολύ γρήγορα.
- Ένα φυτό-μοντέλο είναι το ρύζι επειδή έχει υψηλό επίπεδο συνταινίας με άλλα δημητριακά και έχει το πιο μικρό γονιδίωμα .

Oryza sativa, Arabidopsis, Nicotiana benthamiana, Medicago truncatula, Zea mays



Γενετική, φυσιολογία, βιοχημεία, αναπτυξιακή βιολογία, ιολογία, βιοτεχνολογία

Τομείς συγκριτικής γονιδιωματικής

- **Μοριακή φυλογενετική (molecular phylogenetics)**
 - Πολλαπλές ευθυγραμμίσεις αλληλουχιών (multiple sequence alignment)
 - Υπολογισμός φυλογενετικών δέντρων
 - Πρόβλεψη ορθόλογων γονιδίων
- **Γονιδιωματικές αναδιατάξεις**
 - Μεγάλης κλίμακας αναστροφές (inversions), απώλειες και μετατοπίσεις (translocations) χρωμοσωμάτων - γονιδίων
 - Συνταινία και συγγραμικότητα
- **Δομικές παραλλαγές γονιδίων**

Μοριακή φυλογενετική

- Η κατάταξη των οργανισμών σύμφωνα με την εξελικτική τους ιστορία αποτελεί αντικείμενο της φυλογενετικής.
- Όλοι οι ζωντανοί οργανισμοί προέρχονται από έναν κοινό πρόγονο και συνδέονται μεταξύ τους με σχέσεις καταγωγής δηλ. μέσω της εξελικτικής τους ιστορίας
- Η διαδικασία της εξέλιξης περιλαμβάνει αλλαγές στο γονιδίωμα (δομή και λειτουργία) των οργανισμών οι οποίες μεταβιβάζονται στις επόμενες γενεές.
- Άρα οι αλληλουχίες παρουσιάζουν διαφορετικού βαθμού ομοιότητα. Ο βαθμός ομοιότητας ανακλά τη φυλογενετική τους ιστορία.

Μοριακή φυλογενετική

Χρήση μοριακών δεδομένων για την καθιέρωση της σχέσης μεταξύ ειδών, οργανισμών ή οικογενειών γονιδίων

- **Ομολογία – Homology:** Αλληλουχίες DNA ή πρωτεϊνών με ομοιότητα λόγω κοινής καταγωγής (κοινός πρόγονος). Για παράδειγμα, πρωτεΐνες με στατιστικά σημαντικό ποσοστό ομοιότητας και, πιθανά, παρόμοια δομή και λειτουργία.

Η ομολογία αποτελεί κομβικό σημείο:

- Πολλαπλή στοίχιση αλληλουχιών - Κάθε στήλη θεωρείται ότι αποτελεί ομόλογη θέση
- Κατασκευή φυλογενετικών δέντρων - Προϋπόθεση για την προσθήκη μιας αλληλουχίας σε ένα φυλογενετικό δέντρο είναι η κοινή καταγωγή και επομένως η ομολογία μεταξύ των αλληλουχιών

Ομόλογες αλληλουχίες

| | | | | |
|-------------------------------|-------|--|--|-------------------|
| | | Domain II | | Domain III |
| <u><i>Fagus sylvatica</i></u> | ----- | FRPISLIGSIYKLLAKVLANRLKLVLDSVISESQNSFVGGROILDSVLIANECLDSFIKSGIPGLICKLDIEK | | |
| <i>Arabidopsis thaliana</i> | | GVITLIPKIKDANNIKA FRPICLLNVCFKFLTKILTKRLTEVAAKVIGQSQTAFIPGRHILDGMVILHEVLHTIKKGHHSGLIFKLDFEK | | |
| <i>Antirrhinum majus</i> | ----- | NKFRPISLIGCMYKMLAKLLANRVSKVMGPIISNEQAAFIIEGRQIMDSILIANEVLDLKKRKRIPSLVFKVDFEK | | |
| <i>Beta vulgaris</i> | | AFIALIPKTQHPRGFNE FRPISMGVCLYKIIAKILARRLQRMVMDHLI GPYQSSFIKGRQILDGVLIASELIDSCRRMKNEAVVLKLDLDFK | | |
| <i>Oryza sativa</i> | | ANVVLIPKKEGAEIGD FRPISLIHGTEKLIISKVLALRLQPHMGALI SQAQSAFIKRRSIHDNFMYVHNLARKEHQTRTPTLLKLDISK | | |
| <i>Pinus elliottii</i> | | TFIALVPKVEEAHTPEK FRPIALCNVIYKIIISKVIANRLKIIIPGIISQEQSGYVEGROILDNILLAQEMIHSIHSRKVAGMLIQLDLSK | | |

| | | | |
|-------------------------------|--|--|--|
| <u><i>Fagus sylvatica</i></u> | AYDHVNDCLFIFILDRMGFGRKWVCWMMKACVSTVRYSVIVNGSPTGFFDSRGLRQGDPLSPLLF LVIMEVLNPM LRRTEEG | | |
| <i>Arabidopsis thaliana</i> | AYDRVQWSFLFEVLQRKGENEKWVQWIKMATVEGRVA ININGEVKDFFKTYRGVRQGDPLSPLLFNLVADALSEMLNRAKEA | | |
| <i>Antirrhinum majus</i> | AFDCVNWNYLDSMMDNLGFCATWRKWISECLHSGTI SVLVNGSPTDEFRAQRGLRQGDPLS----- | | |
| <i>Beta vulgaris</i> | AFDSISWNYLEWVLCQNFELVWRSWIRSCVMSASAAVLINGSPPSVEKLRGLRQGDPLS----- | | |
| <i>Oryza sativa</i> | AFDSVRWDYLIDLQRKGFTSKWTNWITNLLVSSTTRVLLNGCPCGVPIKHGRGLRQGDPLSPLLFILAI DPLHHLLEKATDL | | |
| <i>Pinus elliottii</i> | AYDKVSWTYLEAILKAFGESRPWIKWVLELIKSMRYSVLVNGTPTSTPESP SRGIROGYPIRE----- | | |

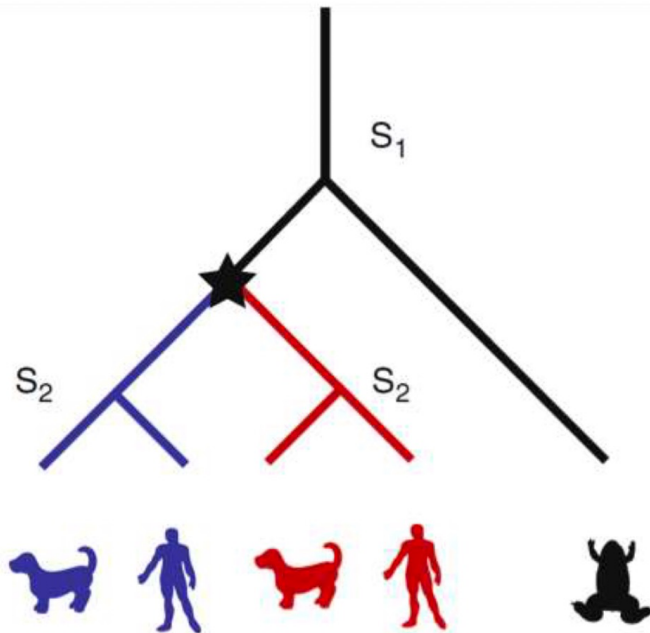
Domain III

Domain IV

Ορθόλογα vs. Παράλογα

Ορθόλογα γονίδια: ομόλογες αλληλουχίες σε διαφορετικά είδη που προήλθαν από ένα γεγονός ειδογένεσης (speciation event)

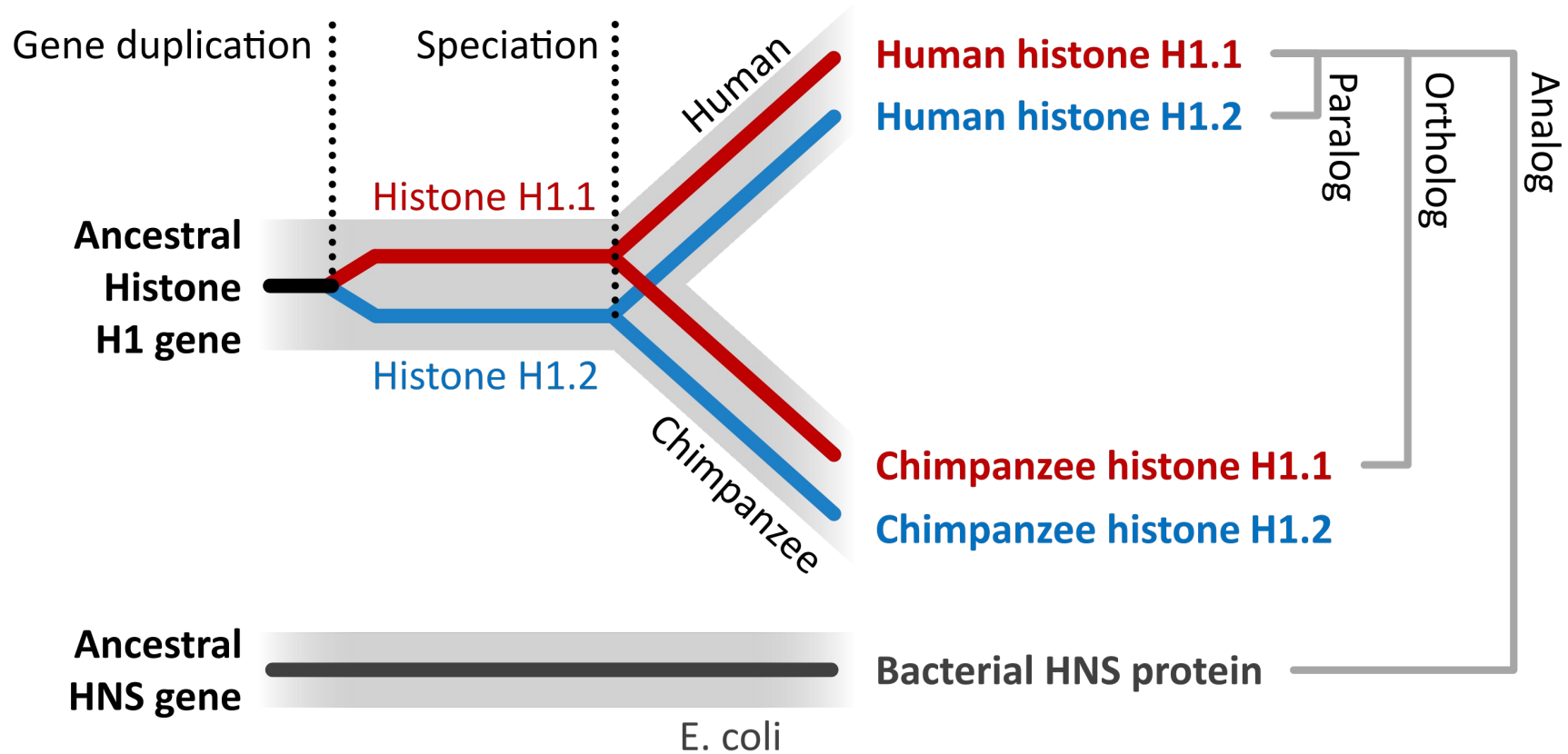
Παράλογα: Ομόλογες αλληλουχίες στο ίδιο ή σε διαφορετικά είδη που προήλθαν από ένα φαινόμενο διπλασιασμού (duplication event). Έχουν διαφορετική λειτουργία στις περισσότερες περιπτώσεις.



Αυτό το δέντρο απεικονίζει τις σχέσεις μεταξύ 5 γονιδιακών αλληλουχιών. Κάθε εσωτερικός κόμβος αντιπροσωπεύει είτε συμβάν ειδογένεσης (S₁ και S₂) είτε συμβάν διπλασιασμού (αστέρι).

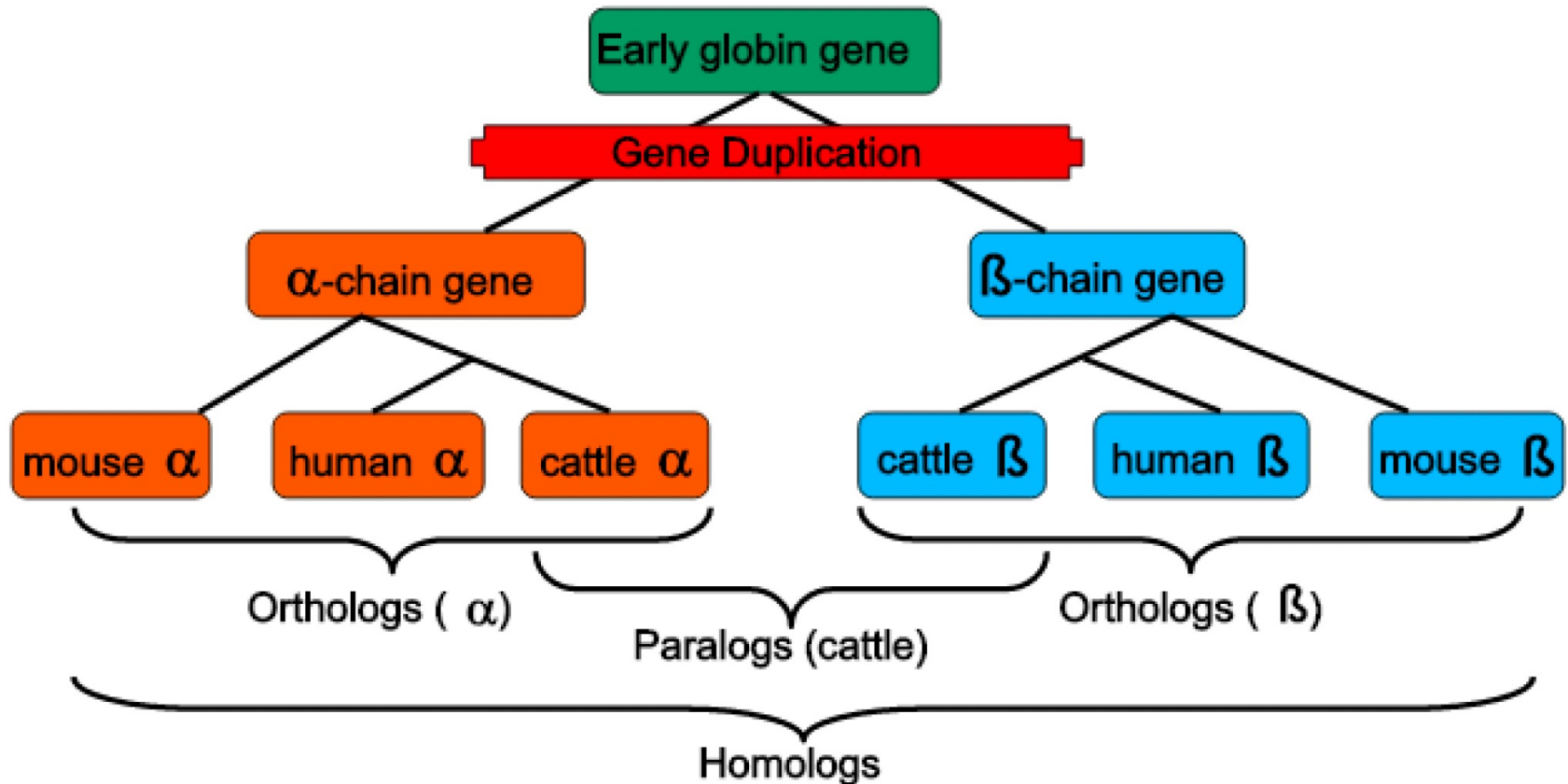
Εδώ, τα μπλε γονίδια του σκύλου και του ανθρώπου είναι ορθόλογα (αφού συγκλίνουν σε ένα συμβάν ειδογένεσης). Τα κόκκινα γονίδια του σκύλου και του ανθρώπου είναι επίσης ορθόλογα.

Ωστόσο, τα μπλε γονίδια είναι παράλογα σε σχέση με τα κόκκινα επειδή συγκλίνουν σε ένα συμβάν διπλασιασμού.



Xenologues: προέρχονται από οριζόντια μεταφορά

Ορθόλογα vs. Παράλογα



https://www.orthodb.org/

Databases of orthologous genes [\[edit \]](#)

Given their tremendous importance for biology and [bioinformatics](#), orthologous genes have been organized in several specialized [databases](#) that provide tools to identify and analyze orthologous gene sequences. These resources employ approaches that can be generally classified into those that use [heuristic](#) analysis of all pairwise sequence comparisons, and those that use [phylogenetic](#) methods. Sequence comparison methods were first pioneered in the COGs database in 1997.^[8] These methods have been extended and automated in twelve different databases the most advanced being AYbRAH Analyzing Yeasts by Reconstructing Ancestry of Homologs^[9] as well as these following databases right now.

- [eggNOG](#)^{[10][11]}
- [GreenPhylDB](#)^{[12][13]} for plants
- [InParanoid](#)^{[14][15]} focuses on pairwise ortholog relationships
- [OHNOLOGS](#) [↗](#)^{[16][17]} is a repository of the genes retained from whole genome duplications in the vertebrate genomes including human and mouse.
- [OMA](#)^[18]
- [OrthoDB](#)^[19] appreciates that the orthology concept is relative to different speciation points by providing a hierarchy of orthologs along the species tree.
- [OrthoInspector](#) [↗](#)^[20] is a repository of orthologous genes for 4753 organisms covering the three domains of life
- [OrthologD](#)^{[21][22]}
- [OrthoMaM](#)^{[23][24][25]} for mammals
- [OrthoMCL](#)^{[26][27]}
- [Roundup](#)^[28]

Tree-based [phylogenetic](#) approaches aim to distinguish speciation from gene duplication events by comparing gene trees with species trees, as implemented in databases and software tools such as:

- [LOFT](#)^[29]
- [TreeFam](#)^{[30][31]}
- [OrthoFinder](#)^[32]

A third category of hybrid approaches uses both heuristic and phylogenetic methods to construct clusters and determine trees, for example:

- [EnsemblCompara GeneTrees](#)^{[33][34]}
- [HomoloGene](#)^[35]
- [Ortholuge](#)^[36]

OrthoDB v11

About Documentation SparQL API Data Soft Charts Upload Login

Text e.g. hsp70, sex-lethal, "cytochrome c", kinase -serine Advanced Submit

The hierarchical catalog of orthologs
mapping genomics to functional data

| | | | |
|--------------|---------------|--------------|-------------|
| Eukaryotes | Prokaryotes | Viruses | Genes |
| 1,952 | 18,158 | 7,962 | 100M |

Ευθυγράμμιση Αλληλουχιών – sequence alignment

Η ευθυγράμμιση ή στοίχιση είναι η διάταξη δύο ή περισσότερων αλληλουχιών αμινοξέων ή νουκλεοτιδίων από έναν οργανισμό ή οργανισμούς με τέτοιο τρόπο ώστε να προσαρμόζονται οι περιοχές των αλληλουχιών που μοιράζονται κοινές ιδιότητες.

Ευθυγράμμιση ακολουθιών:

Στοίχιση ανά ζεύγη- pairwise alignment

Πολλαπλή στοίχιση – multiple sequence alignment

Κατασκευή φυλογενετικών δένδρων

Χρήση αλγορίθμων : οι πιο κοινοί **CLUSTALW, BLAST, FASTA**

■ Στοιχισή αλληλουχίας

- Είναι η διάταξη δύο ή περισσότερων αλληλουχιών αμινοξέων ή νουκλεοτιδίων από έναν οργανισμό ή οργανισμούς με τέτοιο τρόπο ώστε να προσαρμόζονται οι περιοχές των αλληλουχιών που μοιράζονται κοινές ιδιότητες.

```
Query: 85  aagct-gggccagggctgctttggcgaggtgtggatggggacctggaacggtaccaccag 143
          ||||| ||| | ||||| | ||||| || || ||| ||| ||||| || |||||
Sbjct: 703  aagcttggggcggggcag-tttggtgaagtttgggaggtgtgtggaatgggaccaccag 761

Query: 144  ggtggccatcaaaaccctgaagcctggcacgatgtctccagaggccttctgcaggaggc 203
          ||||| || | ||||| || || ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct: 762  tgtggccgttaagaccctcaaaccaggcacaatgtctgtcagaggagttcctgcaggaggc 821

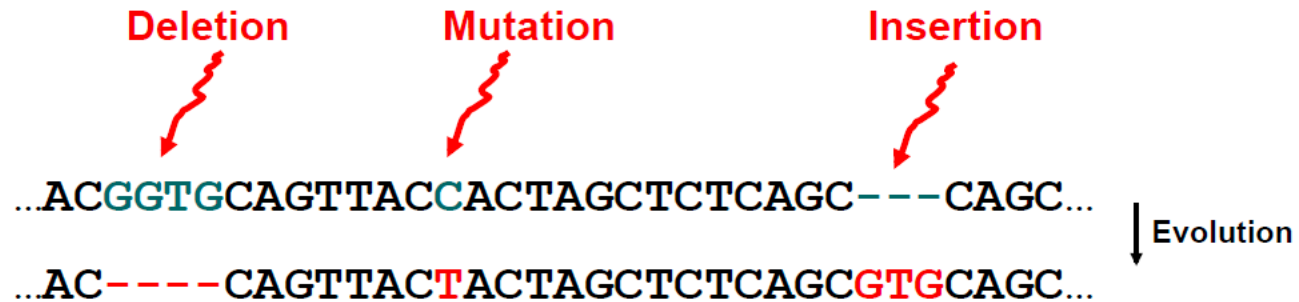
Query: 204  ccaggtcatgaagaagct 221
          ||||| |||||
Sbjct: 822  aagcatcatgaagaagct 839
```

■ Πολλαπλή στοίχισή αλληλουχιών

- Η πολλαπλή στοίχισή καταδεικνύει τη συγγένεια μεταξύ δύο ή περισσότερων αλληλουχιών.
- Το πιο γνωστό και περισσότερο χρησιμοποιημένο λογισμικό στοίχισής είναι το πρόγραμμα **ClustalW**.

- Ενδείξεις για το αν και πόσο οι αλληλουχίες διαφοροποιήθηκαν από μια κοινή προγονική αλληλουχία μέσω μεταλλάξεων και φυσικής επιλογής.

Mutations & Indels



Αντικαταστάσεις:

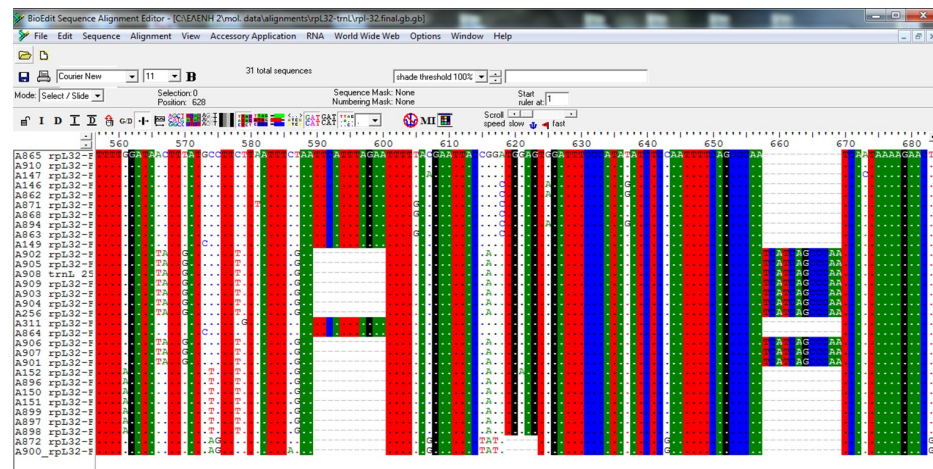
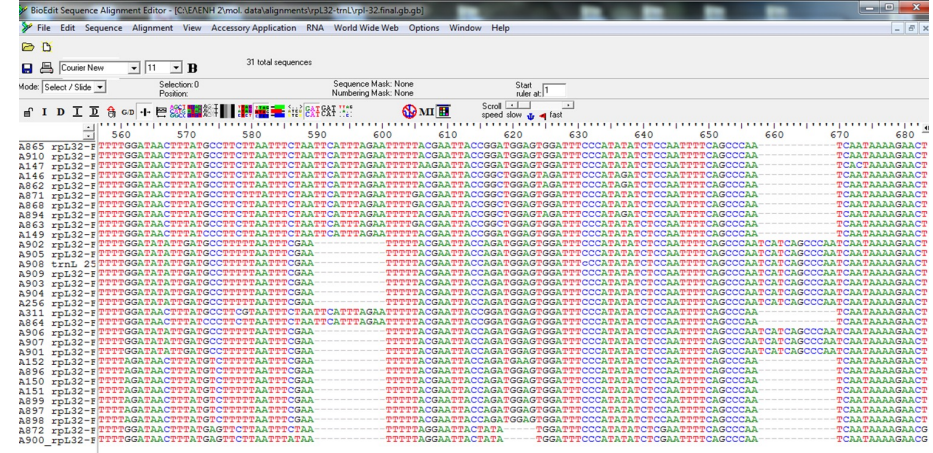
transitions/transversions, συνώνυμες/μη

Απαλοιφές

Ενθέσεις



Χάσματα



Αλγόριθμοι αναζήτησης ομόλογων αλληλουχιών:

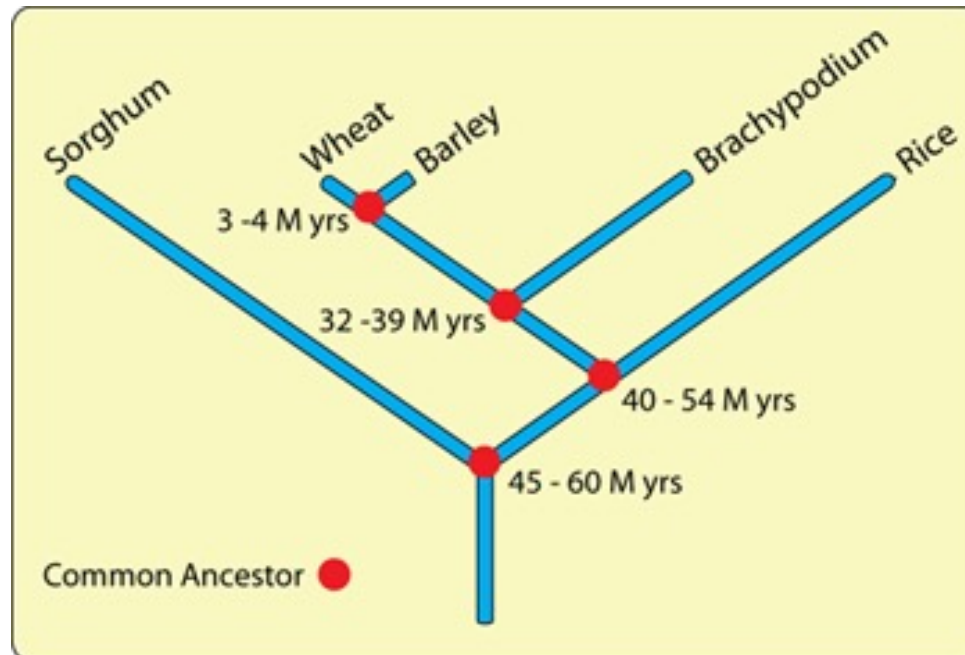
FASTA και BLAST, παρέχουν πολύ γρήγορες αναζητήσεις σε βάσεις δεδομένων αλληλουχιών. MegaBlast είναι ένας αλγόριθμος βασισμένος στο NCBI BLAST και ενδείκνυται για την αναζήτηση ομοιότητας μεταξύ μεγάλων αλληλουχιών.

Φυλογενετικό Δένδρο

Δενδροειδής (συνήθως) παράσταση που απεικονίζει τις εξελικτικές σχέσεις ανάμεσα σε μια ομάδα οργανισμών (ή και γονιδίων – πρωτεϊνών). Εξετάζει απογονικούς χαρακτήρες.

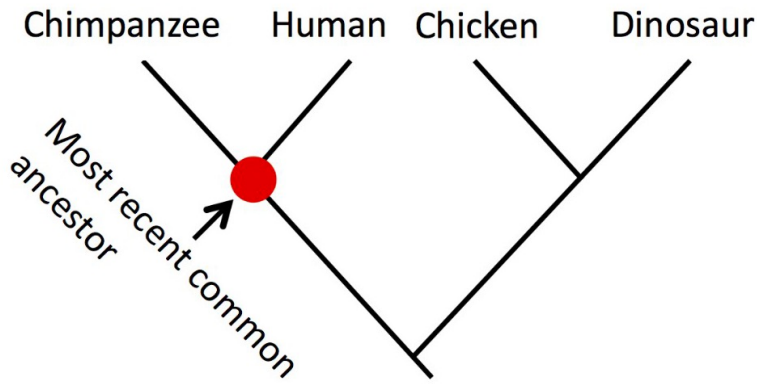
Αποτελείται από:

1. Κόμβους (λειτουργικές ταξινομικές μονάδες, OTUs)
2. Κλάδους (μια γραμμή που συνδέει δύο κόμβους)

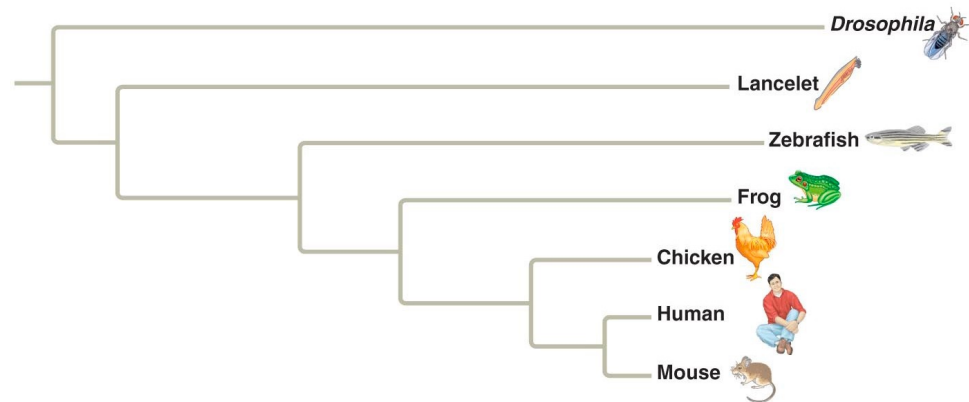


Κλαδόγραμμα και φυλογενετικό δέντρο

Κλαδόγραμμα: δείχνει τις εξελικτικές σχέσεις ανάμεσα σε taxa



Φυλογενετικό δέντρο: κάνει το ίδιο με τους κλάδους του να είναι ανάλογοι με τον χρόνο



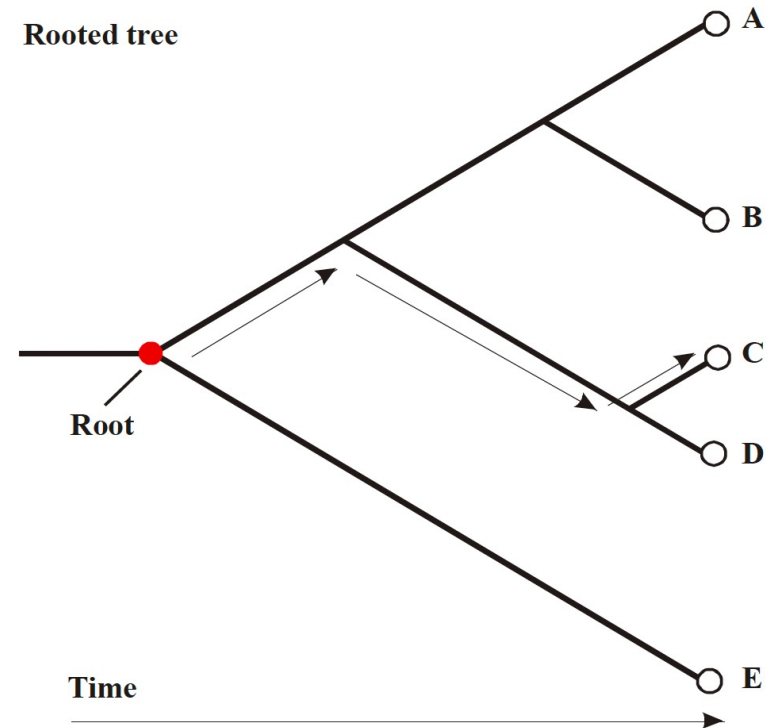
«όσο πιο πρόσφατα 2 είδη μοιράζονται ένα κοινό πρόγονο τόσο πιο συγγενικά είναι»

Έρριζα και άρριζα φυλογενετικά δένδρα

A. Υποδεικνύεται ο πιο κοινός πρόγονος από τον οποίο οι υπό εξέταση ταξινομικές μονάδες προήλθαν.

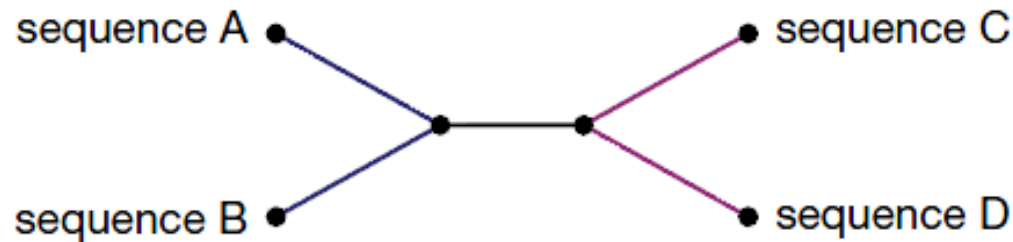
Ρίζα (root) θεωρούμε τον κοινό πρόγονο των taxa ενός δέντρου. Μονοπάτι από τη ρίζα σε κόμβο προσδιορίζει το εξελικτικό μονοπάτι.

Εξωμάδα (outgroup) είναι ένα taxon που γνωρίζουμε ότι βρίσκεται πολύ μακριά εξελικτικά από τα υπόλοιπα taxa του δέντρου.



- Δεν κάνουμε καμία υπόθεση για τη θέση ενός εξελικτικού προγόνου (ρίζας) στο δέντρο.
- Αντικατοπτρίζει τις εξελικτικές σχέσεις μεταξύ των OTUs
- Οι πιο πολλές φυλογενετικές μέθοδοι κατασκευάζουν δέντρα χωρίς ρίζα. Αυτό συμβαίνει γιατί βρίσκουν τις διαφορές μεταξύ αλληλουχιών, αλλά δεν είναι δυνατός ο ορισμός κατεύθυνσης της αλλαγής σχετικά με τον χρόνο.

B. Unrooted tree



Κατασκευή φυλογενετικών δέντρων

Συναπομορφία και ομοπλασία στο DNA

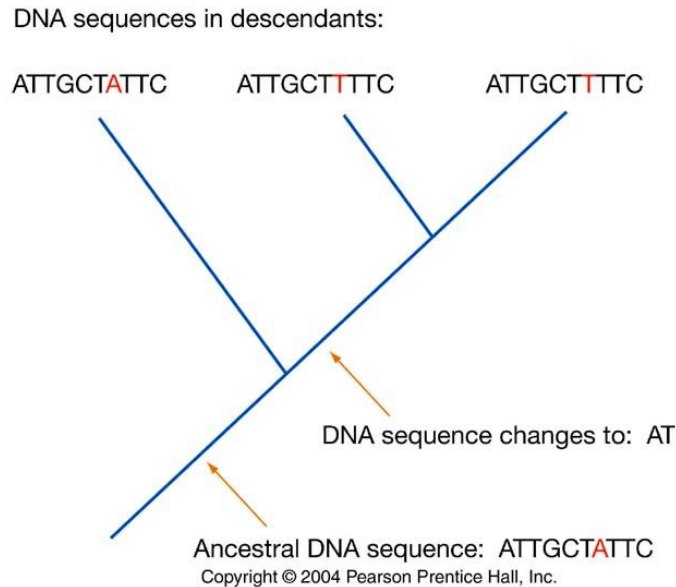
Μια παράγωγη κατάσταση χαρακτήρα που είναι κοινή σε μια ομάδα taxa λέγεται **συναπομορφία (synapomorphy)**. Οι συναπόμορφοι χαρακτήρες λέγονται αλλιώς ομόλογοι.

- Απόδειξη ότι τα taxa εξελίχτηκαν από τον ίδιο κοινό πρόγονο
- Είναι ιδιαίτερα χρήσιμοι για την κατασκευή φυλογενετικών δέντρων γιατί ορίζουν μονοφυλετικές ομάδες (κλάδους)

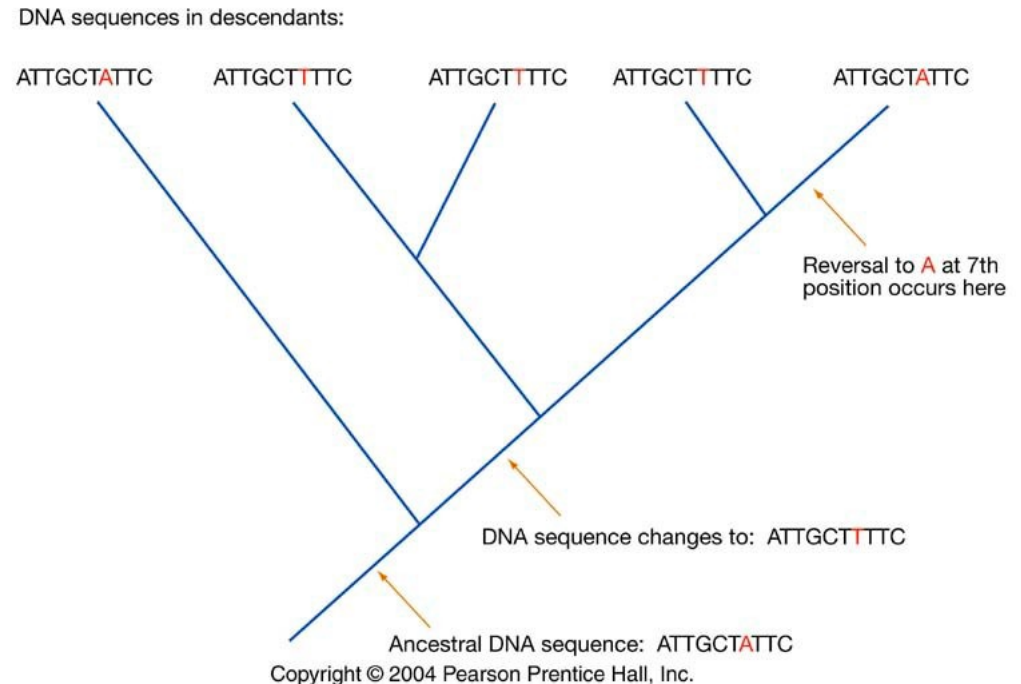
Ομοπλασία: η κατάσταση κατά την οποία ένας κοινός χαρακτήρας εξελίσσεται ανεξάρτητα σε πάνω από μία περιπτώσεις. Το ανάποδο της ομολογίας.

- Οι ομοπλασίες δυσκολεύουν την κατασκευή φυλογενετικών δέντρων γιατί οδηγούν σε λάθος ομαδοποιήσεις
- Είναι όμοιοι χαρακτήρες που όμως εξελίχτηκαν χωριστά

(a) Mutations can create synapomorphies



(b) Reversals ("back-mutations") can remove synapomorphies

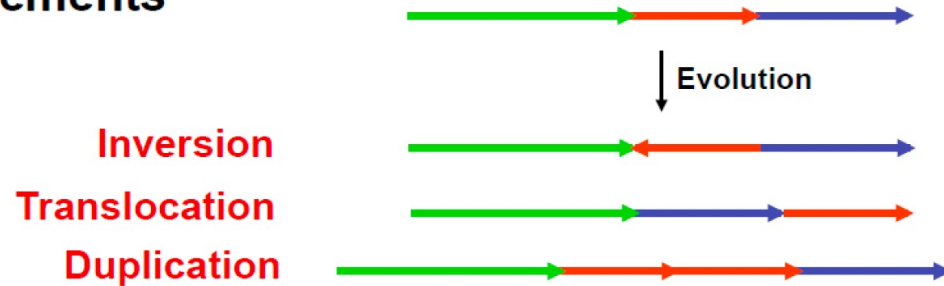


Κατασκευή φυλογενετικών δέντρων

- ❑ **Μέσω αποστάσεων:** κατασκευάζουν φυλογενετικά δέντρα με βάση τις μεταλλάξεις (διαφορές) μεταξύ των ταξινομικών ομάδων για να υπολογίσουν την απόσταση μεταξύ τους και στη συνέχεια να χτίσουν το δέντρο με βάση αυτές τις αποστάσεις: **Neighbor-Joining, UPGMA**
- ❑ **Μέθοδοι με βάση τους χαρακτήρες:** οι μέθοδοι που βασίζονται σε χαρακτήρες κατασκευάζουν φυλογενετικά δέντρα χρησιμοποιώντας την παρουσία ή την απουσία κοινών παράγωγων χαρακτηριστικών (συναπομορφίες) για να συναγάγουν εξελικτικές σχέσεις: **Μέγιστης Φειδωλότητας (Maximum parsimony, MP), Μέγιστης Πιθανότητας (Maximum likelihood, ML), Μπεϋζιανή Συμπερασματολογία, (Bayesian inference, BI).**

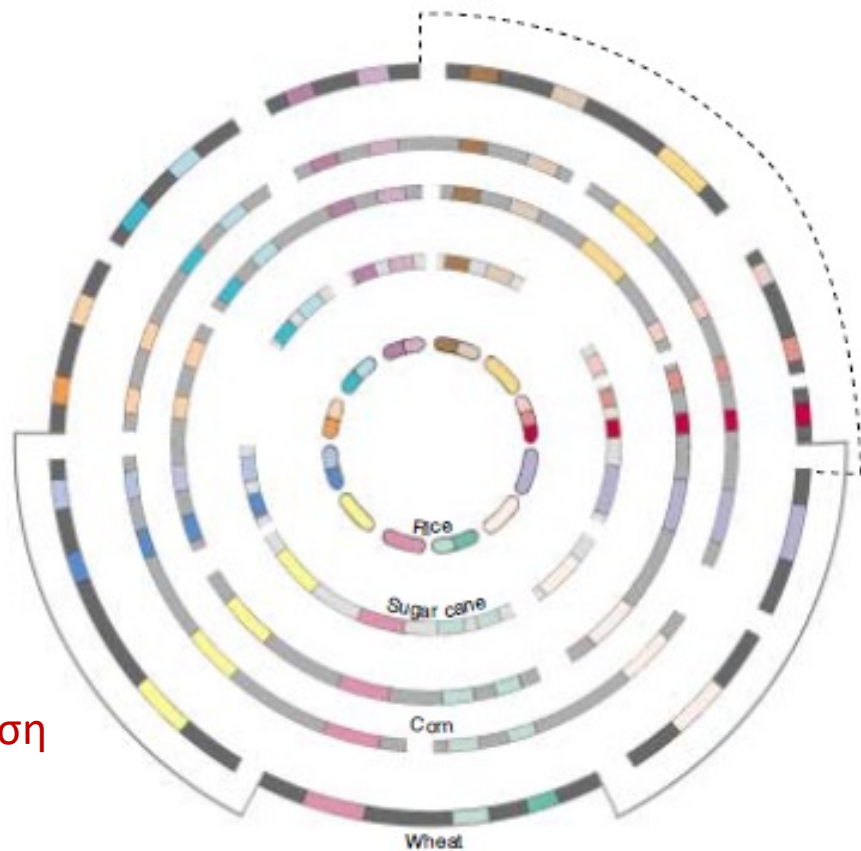
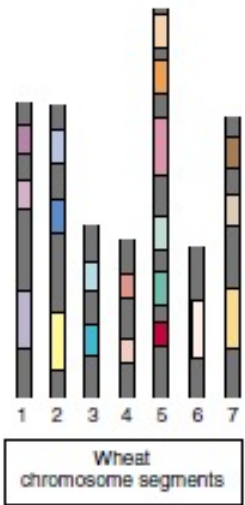
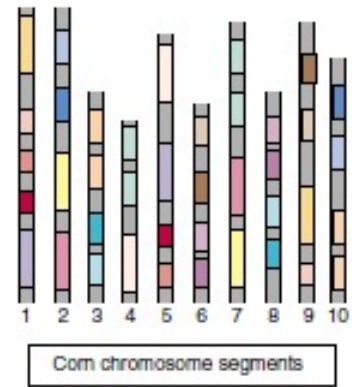
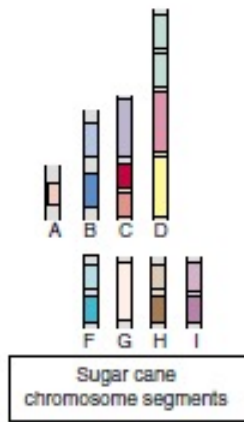
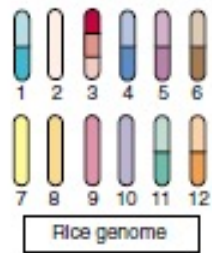
Γονιδιωματικές αναδιατάξεις

Rearrangements



- Τα γονιδιώματα των σιτηρών είναι αναδιατάξεις παρόμοιων τμημάτων χρωμοσωμάτων. Διαχωρίζοντας τα μεμονωμένα χρωμοσώματα σε τμήματα και αναδιατάσσοντας τα ανακαλύφθηκε ότι συστατικά του γονιδιώματος του ρυζιού, του ζαχαροκάλαμου, του καλαμποκιού και του σιταριού είναι εξαιρετικά συντηρημένα ως προς την αλληλουχία τους αλλά έχει αλλάξει η θέση τους στα χρωμοσώματα.

Αποχρώσεις του ίδιου χρώματος αντιπροσωπεύουν κομμάτια DNA που είναι συντηρημένα μεταξύ των διαφόρων ειδών, αλλά έχουν αναδιαταχθεί.



Γονιδιωματική στοίχιση

Συνταινία και συγγραμικότητα (Synteny & collinearity)

❖ **Συνταινία (Synteny):**

Γονιδιακές θέσεις βρίσκονται στο ίδιο χρωμόσωμα.

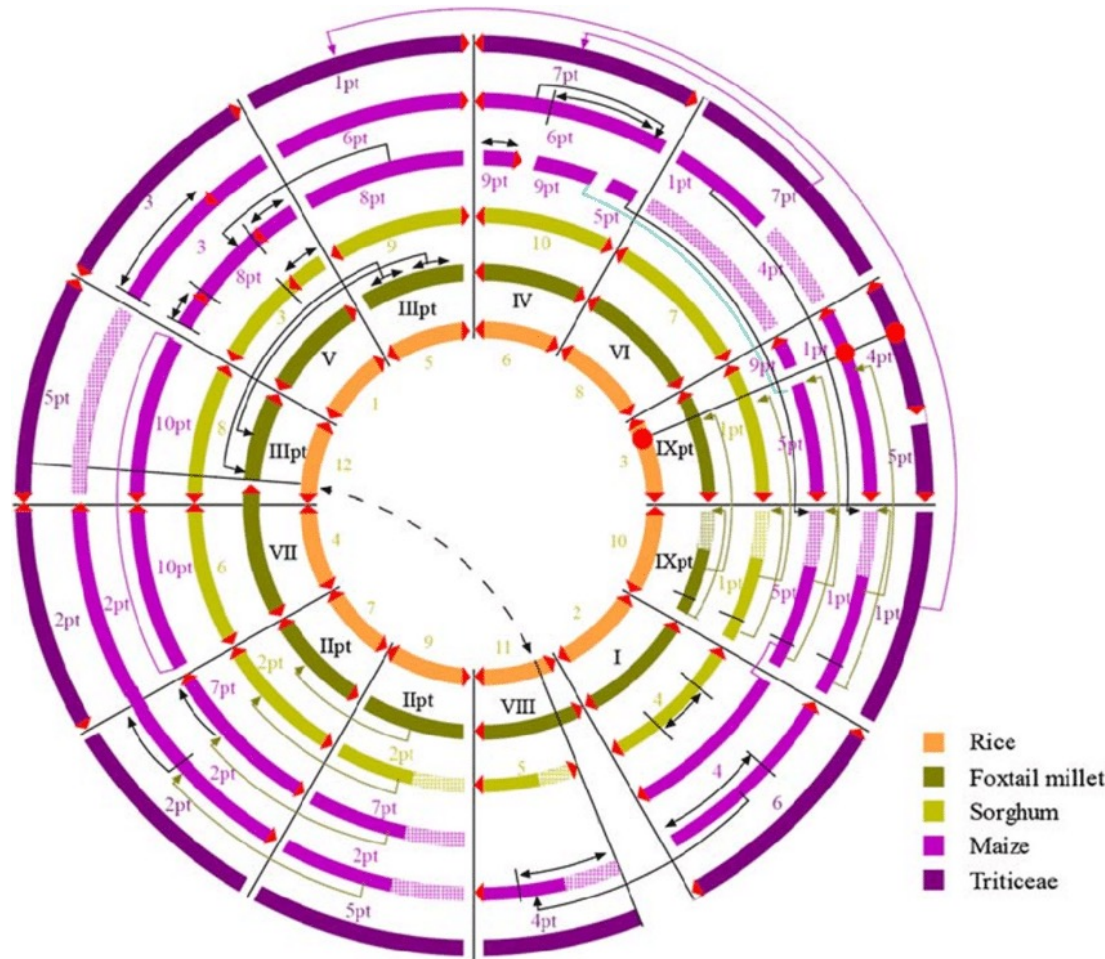
❖ **Διατηρημένη συνταινία (Conserved synteny):**

Γονιδιακές θέσεις βρίσκονται στο ίδιο χρωμόσωμα σε διαφορετικά είδη.

❖ Με σύγκριση των συνταινικών περιοχών συλλέγονται χρήσιμες πληροφορίες για τα γονίδια που περιέχονται μέσα σε αυτές. Η φύση και η έκταση της συνταινίας ποικίλλει από χρωμόσωμα σε χρωμόσωμα

Synteny of five crop genomes.

Different color bars represent the chromosomes in different grass genomes, with their telomeres indicated by red triangles. Arrows show rearrangements relative to rice. Arrows with a single arrowhead are translocations, and those with two arrowheads are inversions. Arrows at 3 o'clock and 7 o'clock indicate rearrangements that are shared by the subfamily Panicoideae (foxtail millet, sorghum, and maize). The dotted internal line indicates a duplication shared by chromosomes 11 and 12 of rice [69]. Red dots are orthologous genes controlling semi-dwarf phenotypes that are located on rice chromosome 3, wheat chromosome 4 and maize chromosome 1 [22, 73]. pt Part of a chromosome.

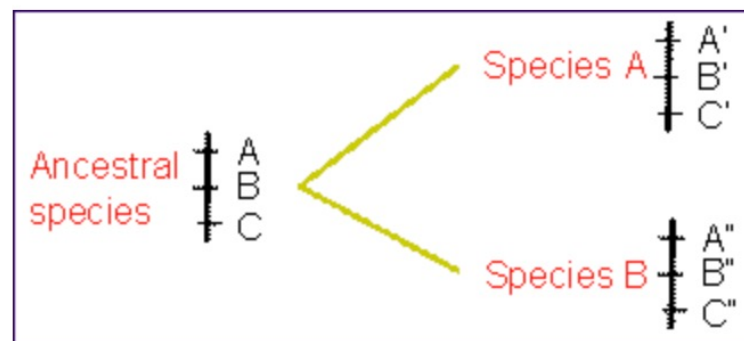
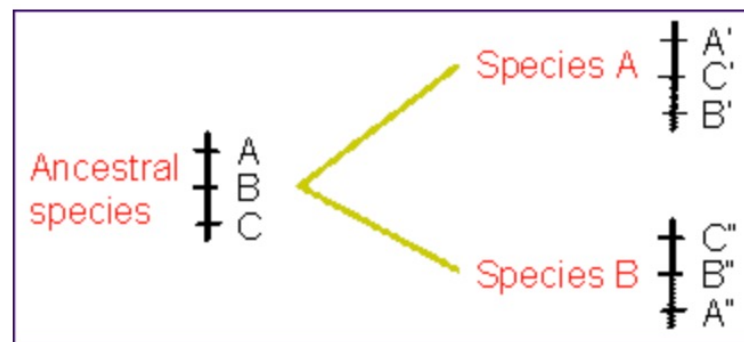


Grass Genomic Synteny Illuminates Plant Genome Function and Evolution

DOI: [10.1007/s12284-008-9015-6](https://doi.org/10.1007/s12284-008-9015-6)

Συγγραμικότητα - Collinearity

Εκτιμάται ότι το 75% των γονιδίων στα δικοτυλήδονα και το 40% των γονιδίων στα μονοκοτυλήδονα βρίσκονται σε περιοχές που παρουσιάζουν συγγραμικότητα με την αραβίδοψη γεγονός που θα μπορούσαν να εκμεταλλευτούν οι βελτιωτές

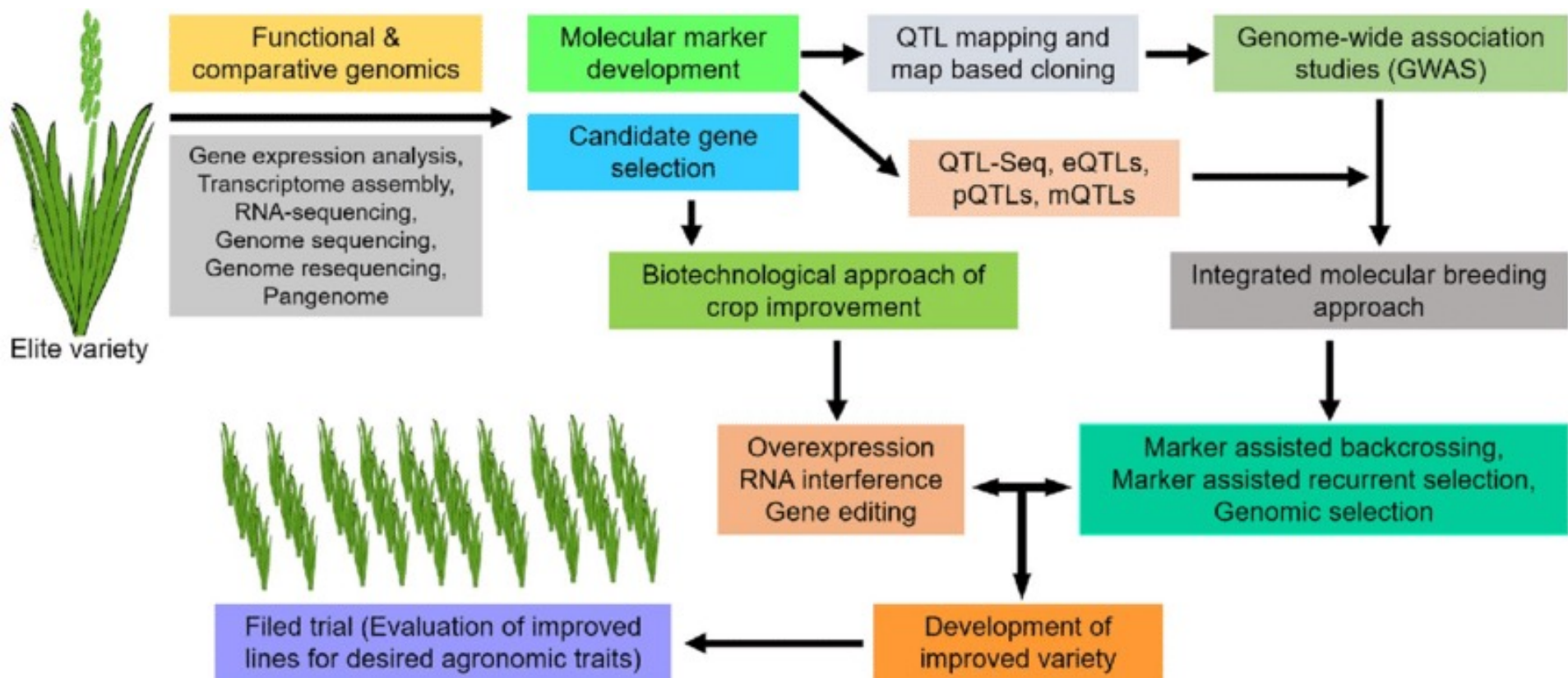


Εφαρμογές της συγκριτικής γονιδιωματικής στη βελτίωση φυτών

- ✓ Η πρόβλεψη της θέσης των γονιδίων που ελέγχουν μια συγκεκριμένη λειτουργία σε διάφορα καλλιεργούμενα είδη
- ✓ Η διευκόλυνση της χαρτογράφησης των φυτικών γονιδιωμάτων, μεταφέροντας δείκτες από ένα καλά χαρτογραφημένο γονιδιωμα σε ένα λιγότερο μελετημένο
- ✓ Η χαρτογράφηση διευκολύνει τη συμβολή δεικτών επιλογής στην επιλογή και την κλωνοποίηση γονιδίων με βάση το χρωμοσωμικό χάρτη
- ✓ Μετά την κλωνοποίηση ενός χρωμοσωμικού τόπου με αγρονομική σημασία, η συγγραμικότητα μπορεί να χρησιμοποιηθεί με σκοπό τη συσσώρευση ομόλογων γονιδίων αυτού του τόπου από άλλα μακρινά συγγενή είδη.
- ✓ Αυτή η συλλογή γονιδίων από συγκεκριμένους χρωμοσωμικούς τόπους μπορεί να αποτελέσει πηγή για εφαρμογές της γενετικής μηχανικής σε καλλιεργούμενα είδη

Συγκριτική γονιδιωματική

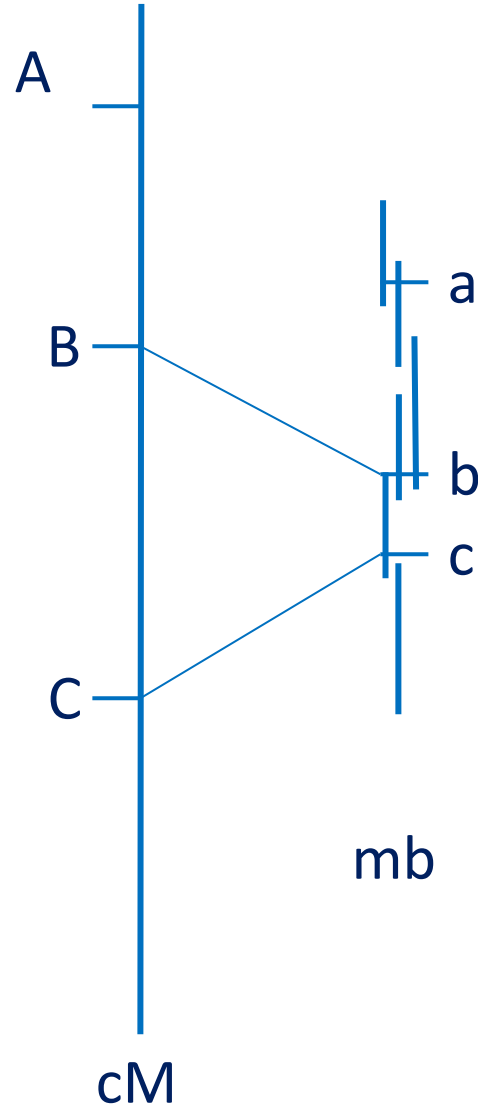
- Το γονιδίωμα του αραβοσίτου, παρουσιάζει εξελικτική σχέση με το γονιδίωμα του ρυζιού που είναι το ένα δέκατο του μεγέθους του αραβοσίτου και έχει ήδη αναλυθεί.
- Επειδή τα δύο δημητριακά είναι στενά συνδεδεμένα από εξελικτική άποψη, έχουν δημιουργηθεί επιτυχώς ειδικοί χάρτες που συσχετίζουν τον γενετικό χάρτη του αραβοσίτου με την αλληλουχία του γονιδιώματος του ρυζιού.
- Αυτό επιτρέπει στους αναλυτές να ακολουθήσουν ένα γενετικά χαρτογραφημένο χαρακτηριστικό στον αραβόσιτο, όπως η ανοχή σε υψηλά επίπεδα αλατότητας στο έδαφος, και να μετακινηθούν στην αντίστοιχη περιοχή στο γονιδίωμα του ρυζιού, αναγνωρίζοντας έτσι τα πιθανά γονίδια για αντοχή στην αλατότητα.



Σύγκριση του γονιδιώματος της πατάτας (γενετικός χάρτης) με το γονιδίωμα της Αραβίδοψης (φυσικός χάρτης)



S. tuberosum, ca. 1000 Mbp



A. thaliana, 121 Mbp

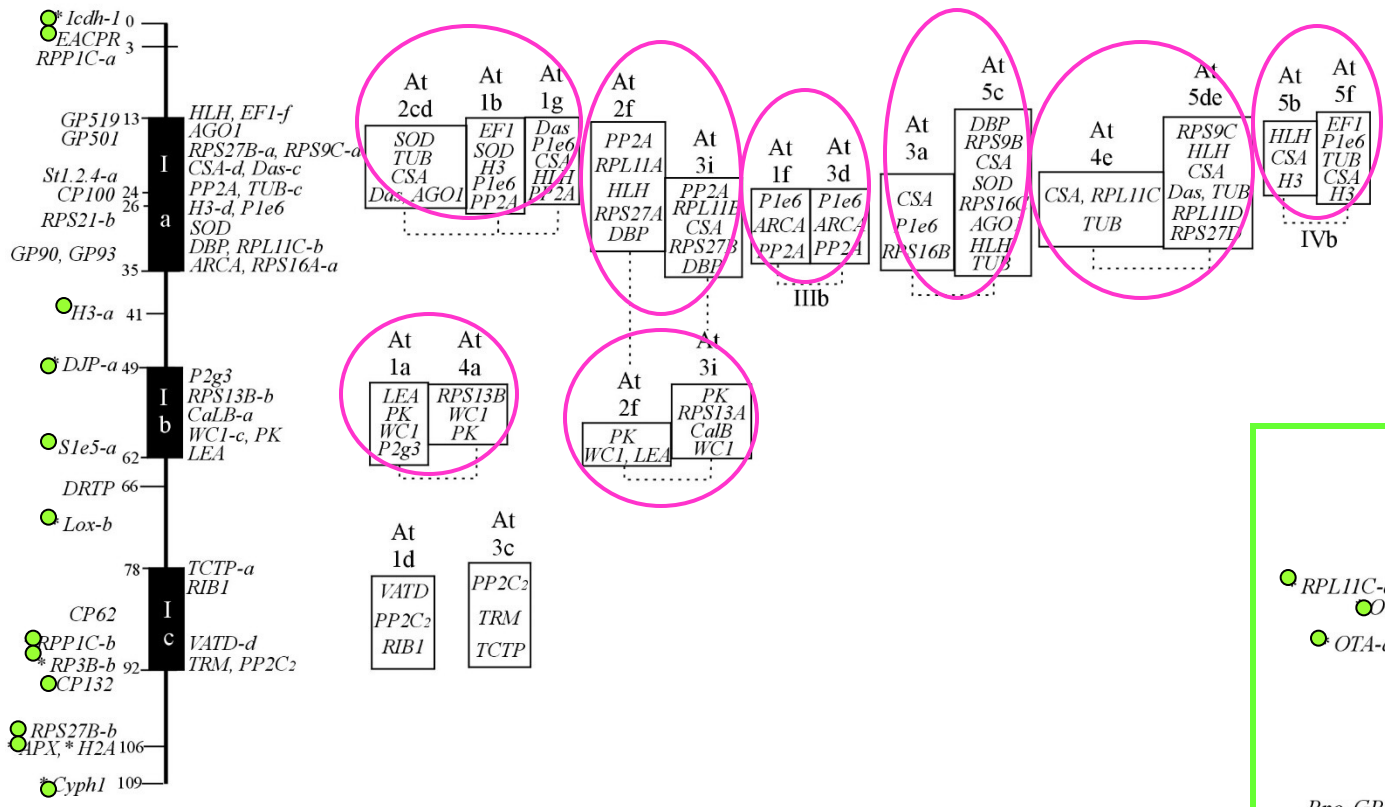
Συγκριτική χαρτογράφηση με ESTs και RFLPs δείκτες σε διατηρημένες περιοχές μεταξύ της πατάτας και της αραβίδοψης

1. Χάρτες σύνδεσης (γενετικοί χάρτες) των 12 χρωμοσώμων της πατάτας κατασκευάστηκαν βασιζόμενοι σε 445 RFLP τύπους.
2. Οι αλληλουχίες των μοριακών δεικτών συγκρίθηκαν με τις γονιδιωματικές αλληλουχίες της αραβίδοψης.

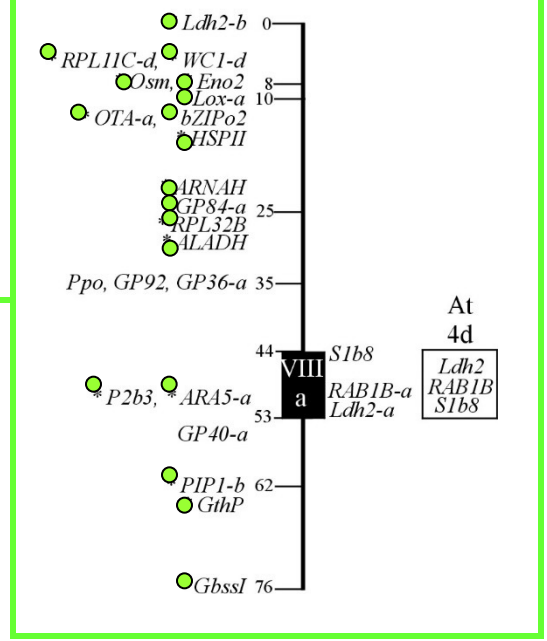
ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

1. 321 RFLP τόποι στην πατάτα παρουσιάζουν ομοιότητες στην αλληλουχία τους με το γονιδίωμα της αραβίδοψης.
2. Περίπου το 41 % του γενετικού χάρτη της πατάτας παρουσιάζει σχέσεις συνταινίας με το 50 % του φυσικού χάρτη της αραβίδοψης.

StI

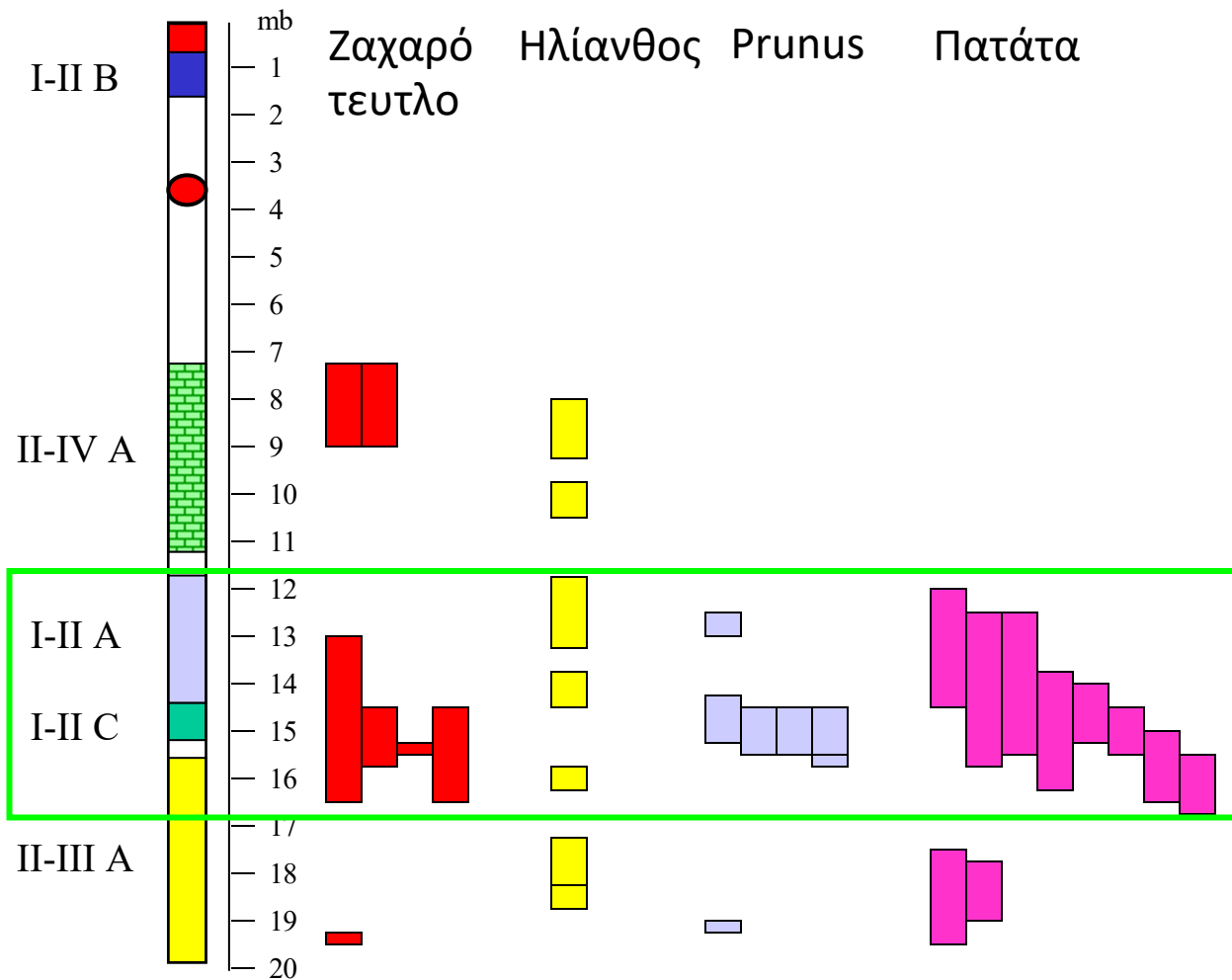


StVIII



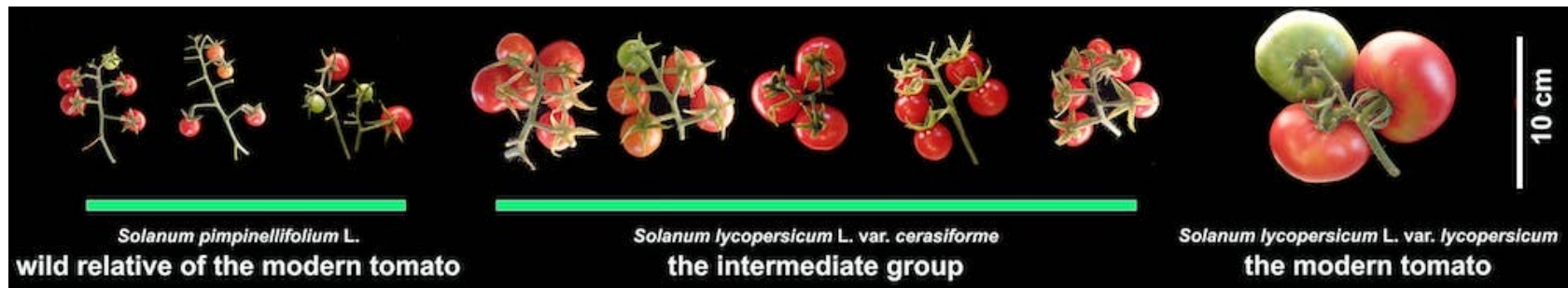
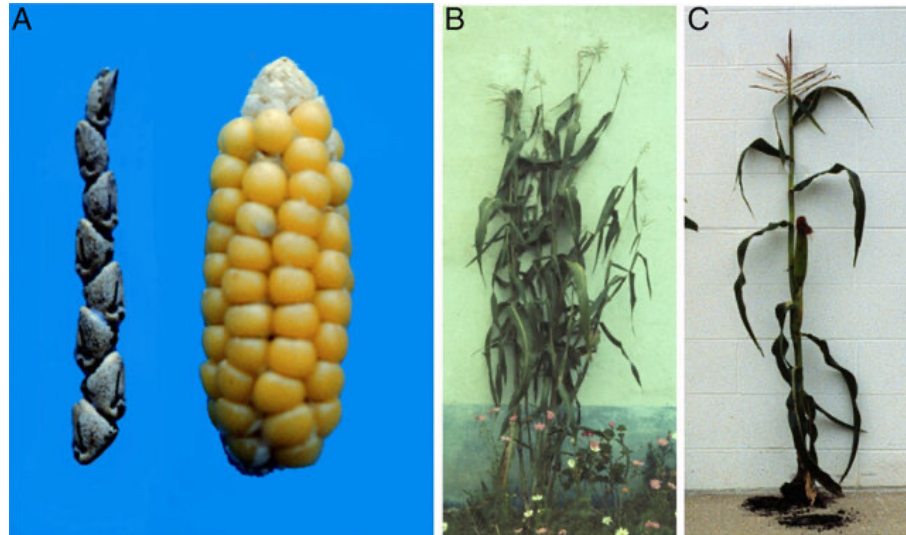
Παρόμοια πειράματα, συγκρίνοντας τα ζαχαρότευτλα (*Beta vulgaris*), τον ηλιάνθο (*Helianthus annuus*) και διαφορά είδη *Prunus* με την αραβίδοψη με βάση διαφορετικά σύνολα EST δεικτών, δίνουν παρόμοια αποτελέσματα.

αραβ 2



Αρχαιολογία γονιδιώματος

Συγκρίνοντας τα γονιδιώματα των σύγχρονων και των μακρινών συγγενών φυτικών ειδών, είναι σαν να 'σκάβει' τα ερείπια ενός προγονικού τους γονιδιώματος



| Βασική έρευνα | | Εφαρμοσμένη έρευνα |
|--------------------|--|--------------------|
| | Εύρεση τόπων που ρυθμίζουν αγροκομικά χαρακτηριστικά που ενδιαφέρουν τον βελτιωτή | |
| Συγκριτικοί χάρτες | Δομή γονιδιωμάτων καλλιεργούμενων ειδών | Δείκτες για MAS |
| | Βιοποικιλότητα | |
| | Υποψήφια γονίδια για αντοχή σε ασθένειες | |

Γονιδιωματική και Βελτίωση

- Αλληλούχηση και εκ νέου συγκρότηση (de novo assembly) των μη-μοντέλων των φυτικών ειδών
- Δημιουργία λεπτομερούς καταλόγου γονιδίων και της λειτουργίας τους
- Ανακάλυψη μιας μεγάλης ποσότητας SNP (μονονουκλεοτιδικός πολυμορφισμός) / InDeLs (πολυμορφισμός προσθήκης - απαλοιφής νουκλεοτιδίων) δεικτών, για να συμβάλλει στην ακριβή χαρτογράφηση και την επιλογή του είδους με τα επιθυμητά χαρακτηριστικά.

Γονιδιωματική και Βελτίωση

- ❖ Προσδιορισμός των "υποψήφίων γονιδίων/μεταλλάξεων/αλληλομόρφων" σε συνδυασμό με τα επιθυμητά χαρακτηριστικά μετά τη διαφοροποίηση των υποκείμενων QTLs (γονιδιακών τόπων ποσοτικών χαρακτηριστικών) από τους δείκτες που δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας μεθόδους χαρτογράφησης QTL π.χ. GWAS (μελέτες διερεύνησης ολόκληρου γονιδιώματος)