

Centrum för genetisk identifiering

DNA analysis av Parkslide (*Reynoutria japonica*)

2025-06-19
330-2025

Naturhistoriska riksmuseet

Postadress:
Box 50007
104 05 Stockholm

Besöksadress:
Frescativägen 40
114 18 Stockholm

Telefon: 08-519 540 00
Telefax: 08-519 540 85
registrator@nrm.se

Centrum för genetisk identifiering vid Naturhistoriska riksmuseet är en uppdragsfinansierad verksamhet som erbjuder myndigheter och organisationer hjälp med genetiska analyser av biologiskt material.

Uppdraget

Centrum för genetisk identifiering (CGI) har 2025 fått i uppdrag av Invaterrn att DNA-analysera två växtprover och bestämma om dessa är hybrider.

Redovisning av arbetsmetod

Extraktion av DNA från materialet har gjorts med OMEGA Mag-Bind® Plant DNA DS 96 kit och Kingfisher extraktionsrobot enligt tillverkarens instruktioner. Vi sekvenserade två gener för hybridproverna, ITS, som ärvs biparentalt och RbcL, en kloroplastgen som ärvt av modern. Sekvenseringsbibliotek skapades enligt (Meyer & Kircher, 2010) och kördes på en MinION-instrument.

De framtagna DNA-sekvenserna analyserades med verktyget blast (Altschul et al., 1990) sedan kartlades DNA-sekvenserna först för hybriden till *Reynoutria japonica* och sedan till *Fallopia baldschuanica*, de två potentiella föräldrarna.

Vi räknade sedan antalet mutationer när vi kartlade dessa sekvenser till någon av dessa föräldrar. Vi hade två antaganden:

1. om provet är en hybrid bör antalet mutationer för ITS vara liknande när man kartlägger data till båda potentiella föräldrarna, eftersom hybriden fick 50 % av sitt DNA från båda föräldrarna.
2. om provet är en hybrid bör antalet mutationer för RbcL-genen variera eftersom endast moderföräldern skickar kloroplasten till sin avkomma. Kartläggningstestet med det lägsta antalet mutationer (eller till och med nollmutationer) som hittats i förhållande till en förälder kommer alltså att indikera vilken som är moderföräldern. Medan kartläggningstestet med det högsta antalet mutationer i förhållande till en förälder som hittats kommer att indikera vilken som inte är moderns förälder.

Resultatredovisning

Vi fann att antalet mutationer för ITS-genen inte skiljde sig väsentligt när man kartlade sekvenserna till någon av kandidatföräldrarna. Om provet hade varit *R. japonica*, skulle antalet mutationer ha varit annorlunda bland potentiella föräldrar och relativt mycket större för *F. baldschuanica*.

Däremot skiljer sig antalet mutationer för RbcL-genen med 50 % i förhållande till varje potentiell förälder. Eftersom antalet mutationer i förhållande till *Fallopia* är mycket större än i förhållande till *R. japonica* (med andra ord har provet en kloroplast RbcL-gen mycket lik *R. japonica*), indikerar detta att moderföräldern med största sannolikhet är *R. japonica*. Anledningen till att detta nummer inte är 0, beror troligen på det faktum att det finns inomartsvariation.

Således drar vi slutsatsen att dessa exemplar är en hybrid mellan en hona *R. japonica* och en hane av *Fallopia baldschuanica*.

Tabell 1. Antal mutationer vid kartläggning av data till antingen *R. japonica* eller *Fallopia baldschuanica*. Således drar vi slutsatsen att dessa exemplar är en hybrid mellan en hona *R. japonica* och en hane av *Fallopia baldschuanica*.

Prov		Gene	
		ITS	RbcL
Prov 1	<i>R. japonica</i>	148	7
	<i>F. baldschuanica</i>	135	17
Prov 2	<i>R. japonica</i>	151	7
	<i>F. baldschuanica</i>	149	13

Data och DNA-extrakt lagras hos NRM/NA och är open access.

Niclas Gyllenstrand
Intendent

Referenser

- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410.
[https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Meyer, M., & Kircher, M. (2010). Illumina Sequencing Library Preparation for Highly Multiplexed Target Capture and Sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2010(6), pdb.prot5448. <https://doi.org/10.1101/pdb.prot5448>

Bilaga

Figur 1. De mottagna proverna.