

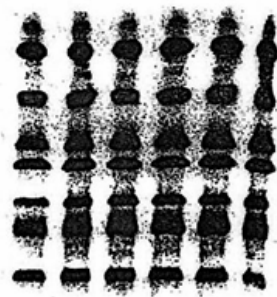
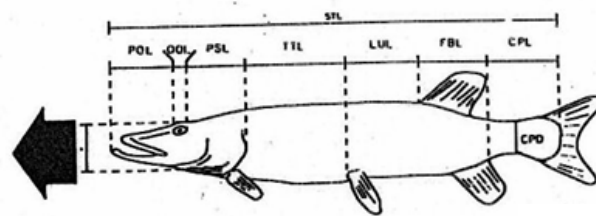


Genetika jeseterovitých ryb

Martin Flajšhans,
flajshans@frov.jcu.cz



- cytogenetika jeseterovitých ryb
 - karyotyp
 - obsah DNA
 - komparativní genomová hybridizace CGH
 - genomová in situ hybridizace GISH
- DNA markery
 - polymorfní proteiny
 - mikrosatelitní DNA
 - mitochondriální DNA
 - fylogeneze jeseterovitých
- identifikace druhů, hybridů a kaviáru



- 1) 降島史夫・会田勝美 (1984): 魚類の性分化とホルモン、性分化とホルモン (日本比較内分泌学会編), 学会出版センター, 東京, pp.77-97.
- 2) 岡田鳳二 (1989): 性の統制、水産増養殖と染色体操作 (鈴木亮編), 恒星社厚生閣, 東京, pp.50-59.
- 3) 小野里田 (1983): 魚類の入為倍數体とその利用, 水産育種, (8), 17-29.
- 4) Fujioka, Y. (1993): Induction of gynogenetic diploid and cytological studies in honnorocho *Gnathopogon caurulescens*, *Nippon Suisan Gakkaishi*, 59(3), 493-500.
- 5) Yamazaki, F. (1983): Sex control and manipulation in fish, *Aquaculture*, 33, 329-354.
- 6) Mirza, J. A. and W. L. Shelton (1988): Induction of

hlavní metoda do 60. let 20. stol.: exteriér, růst, výtěžnost, druhová příslušnost

charakteristika druhu/hybridů, cytotaxonomie, CGH, GISH, evoluční genetika

genetická čistota
(nepřítomnost hybridů)

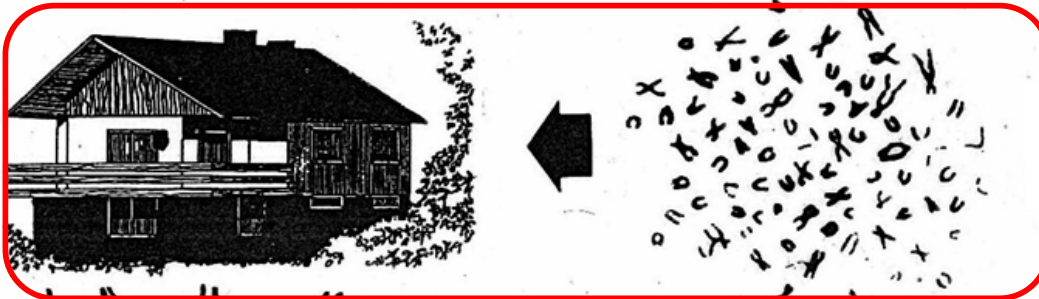
genetická proměnlivost
(v populacích)

genetická vzdálenost
(mezi populacemi)

evoluční genetika, fylogeneze

pomocí morfologie jeseterů nemusíme vždy poznat mezidruhového F_1 hybridu (natož $F_2 \dots F_n$ hybridu) a už vůbec nepoznáme triploida (nebo jiného polyploida) od jedince normální ploidní úrovně

hlavní metoda do 60. let 20. stol.: exteriér, růst, výtěžnost, druhová příslušnost



polymorfní proteiny jsou tkáňově specifické (markery z krve nefungují na kaviár)

charakteristika druhu/hybridů, cytotaxonomie, CGH, GISH, evoluční genetika

- 1) 降島史夫・会田勝美 (1984): 魚類の性分化とホルモン. 性分化とホルモン (日本比較内分泌学会編), 学会出版センター, 東京, pp.77-97.
- 2) 岡田鳳二 (1989): 性の統御. 水産増殖と染色体操作 (鈴木亮編), 朝星社厚生園, 東京, pp.50-59.
- 3) 小野里田 (1983): 魚類の入為倍數体とその利用. 水産育種, (8), 17-29.
- 4) Fujioka, Y. (1993): Induction of gynogenetic diploid and cytological studies in honmorocho *Gnathopogon caurulescens*, *Nippon Suisan Gakkaishi*, 59(3), 493-500.
- 5) Yamazaki, F. (1983): Sex control and manipulation in fish, *Aquaculture*, 33, 329-354.
- 6) Mirza, J. A. and W. L. Shelton (1988): Induction of



genetická čistota
(nepřítomnost hybridů)

genetická proměnlivost
(v populacích)

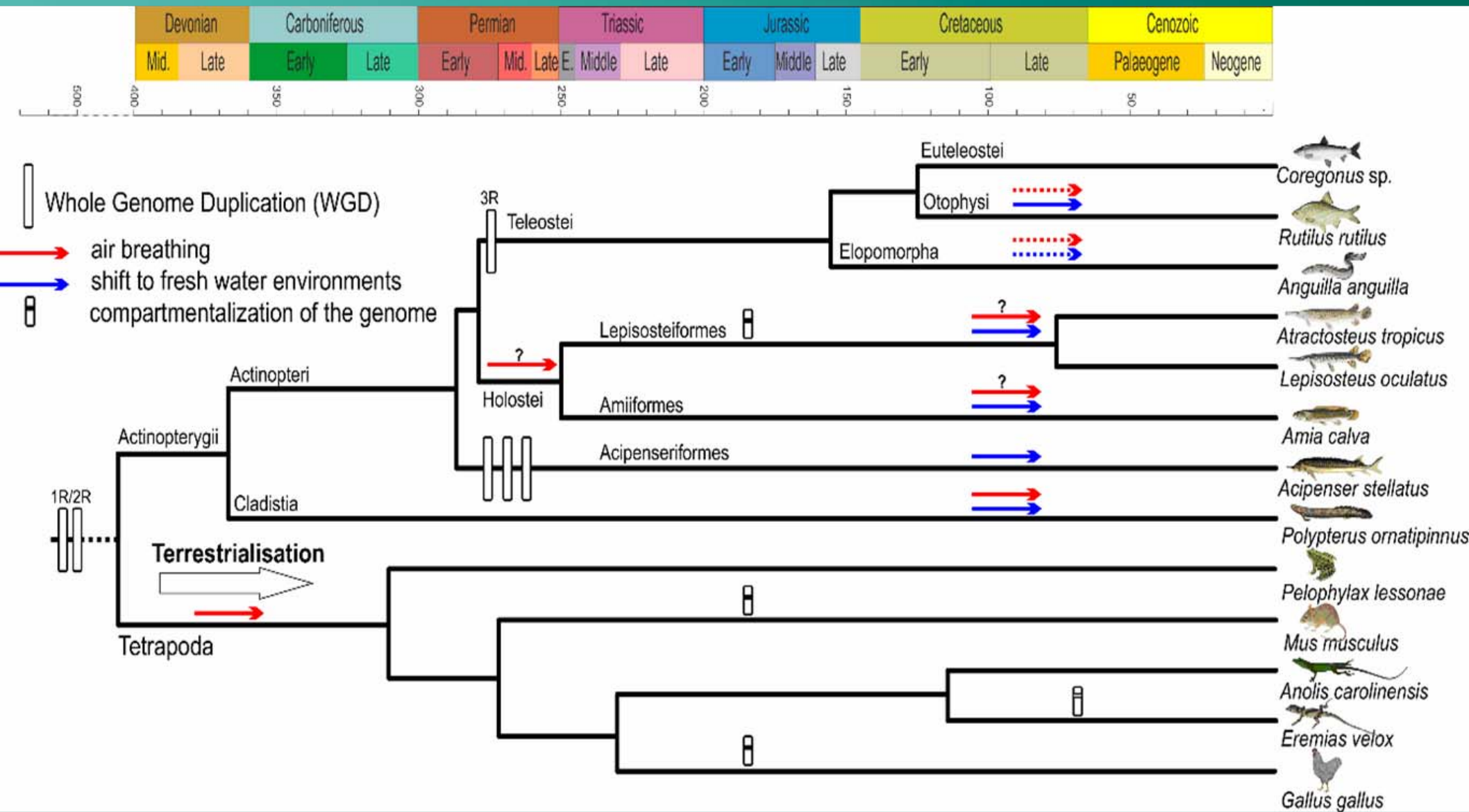
genetická vzdálenost
(mezi populacemi)

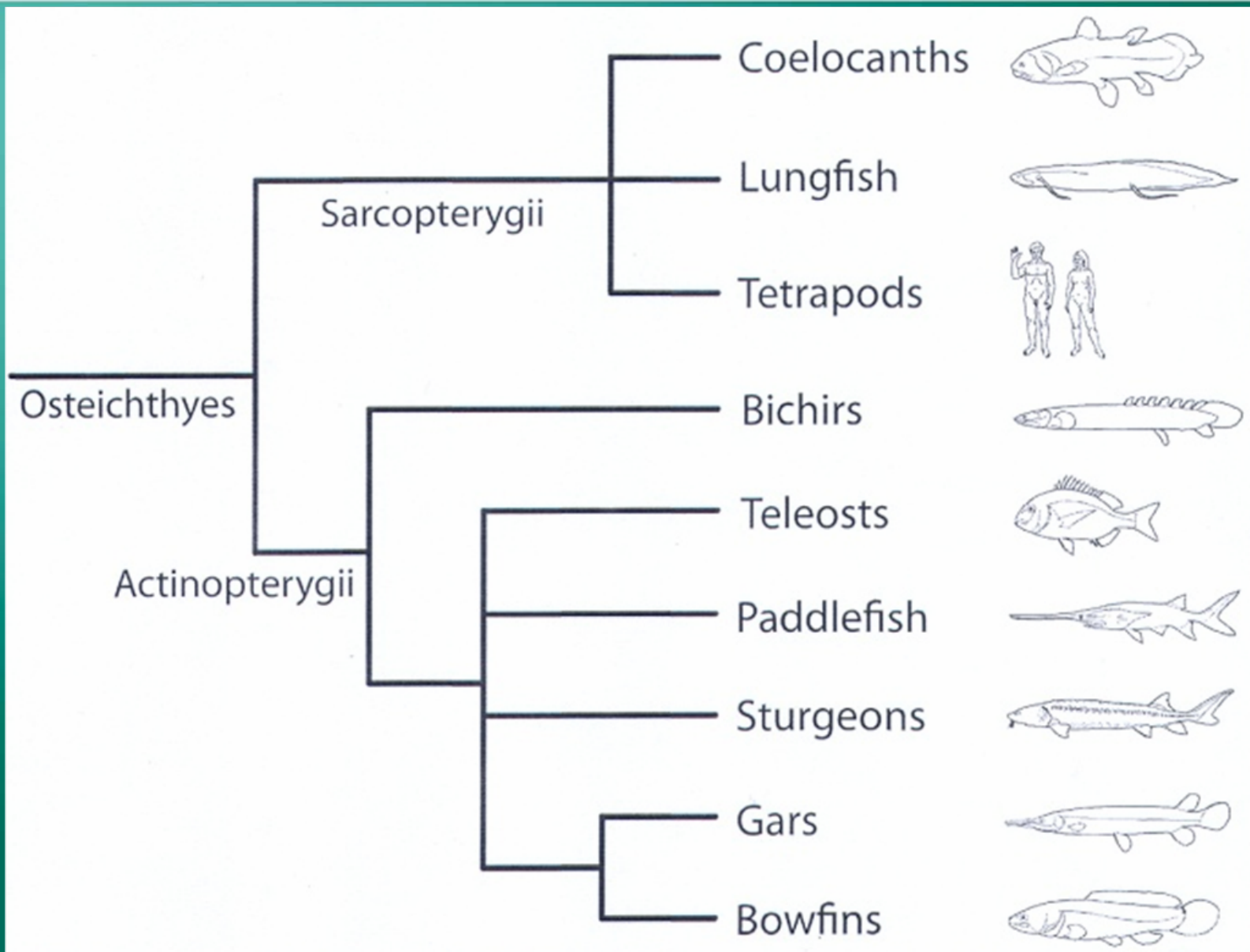
evoluční genetika, fylogeneze

Jen pro zopakování



- **Evoluční genetika** sleduje výskyt jednotlivých alel v populaci a jeho změny, zkoumá mechanismy evolučního vývoje, faktory genetické diverzity v populaci aj.
- **Fylogeneze** zkoumá vývoj druhů organismů. To je historický proces, který většinou nelze přímo pozorovat, ale musí se rekonstruovat na základě evoluční teorie.
- **Fylogeografie** pomáhá biogeografii stanovit s co největší přesností směry a cesty při postupném rozšiřování živých organismů v dané oblasti a v čase.





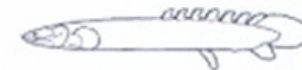
latimérie



bahníci



bichíři



kostnaté ryby



veslonosi



jeseteři



kostlíni



kaprouni



Karyotypová diverzita

POLYPTERIFORMES

Bichiři (2)



$2n = 36, 38$



CHONDROSTEI

Veslonosi (2)



$2n = 120$



4.7

1.9

1.9

4.2

6.9

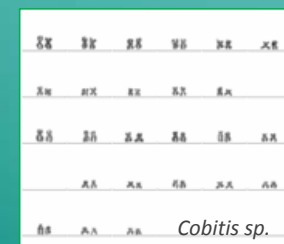
1.2

1.4

0.8

—

3.5



ACTINOPTERI

Jeseteři (4)



$4n = 120$
 $8n = 240$
 $12n = 360$

HOLOSTEI

Kaproun (1)



$2n = 46$

Kostlíni (2)



$2n = 56, 58$

TELEOSTEI (4500+)



$2n = 12 - 446$
(ancest. $2n = 48 - 50$)



Chromozómy (nositelé dědičné informace organismu) =
útvary, do kterých se organizuje během buněčného dělení
materiál buněčného jádra.

Chromozómy = **vysoce dynamické**, mění rychle svoji
morfolonii v průběhu buněčného cyklu, vyskytují se
v mnoha podobách, velké rozdíly mezi chromozómy
somatických a germinálních buněk.

Nejčastěji studován chromozóm od pozdní profáze do
metafáze buněčného dělení, vypadá jako X
(**dvouramenný chromozóm**) nebo V (**jednoramenný
chromozóm**).

Cytogenetika jeseterovitých



karyotyp
jeseterovitých ryb
sestává z velkého
počtu chromozómů
 $2n = 120$ až 360 ,
příčemž obsahuje
značný počet
mikrochromozómů

karyotyp *A. brevirostrum* (Kim et al., 2005); $2n = 360$

Třída: **PAPRSKOPLOUTVÍ - ACTINOPTERYGII**

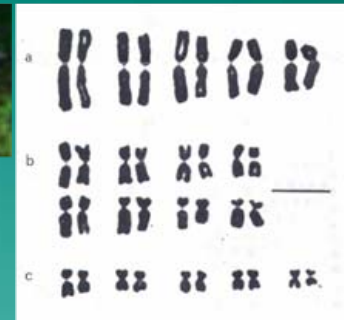
Podtřída: **CHRUPAVČITÍ – CHONDROSTEI /ŘÍDKOKOSTNÍ/**

Řád: **MNOHOPLOUTVÍ – POLYPTERIFORMES /BICHIŘI/**
(1 čeleď, 10 druhů)

Čeleď: **bichirovití (*Polypteridae*) /bichířovití/** (10 druhů)



Polypterus delhezi
Vevoort 1980



$$2n = 36$$

Bichiři jsou bazální linií paprskoploutvých ryb, někteří autoři je dokonce považují za příbuznější nozdratým (Sarcopterygii) než paprskoploutvým (Actinopterygii). Pocházejí ze sladkých vod tropické Afriky. Vyznačují se protáhlým tělem a velkým počtem (5-18) drobných hřbetních ploutviček. Párové ploutve jsou na kostru napojeny unikátním způsobem. Další znaky, kterými se bichiři liší od ostatních paprskoploutvých, jsou ploutve se svalovými násadci a párové plíce vychlípené z břišní strany střeva, čímž jsou podobní spíše bahníkům, s nimi mají i další společný znak - vnější žábry juvenilů. Znaky mohou být zděděné od společného předka paprskoploutvých a nozdratých.



Řád: **JESETEŘI – ACIPENSERIFORMES**
(2 čeledi, 27 druhů)

Čeleď: **jeseterovití** (*Acipenseridae*) (26 druhů)

Acipenser baerii Brandt, 1869
Acipenser brevirostrum Le Sueur, 1818
Acipenser dabryanus Duméril, 1869
Acipenser fulvescens Rafinesque, 1817
(= *Acipenser rubicundus*)
Acipenser gueldenstaedtii Brandt & Ratzeburg, 1833
Acipenser medirostris Ayres, 1854
Acipenser mikadoi Hilgendorf, 1892
Acipenser multiscutatus Tanaka, 1908
Acipenser naccarii Bonaparte, 1836
Acipenser nudiiventris Lovetsky, 1828
Acipenser oxyrhynchus Mitchill, 1815
Acipenser persicus Borodin, 1897
Acipenser ruthenus Linnaeus, 1758

Acipenser schrenckii Brandt, 1869
Acipenser sinensis Gray, 1835
Acipenser stellatus Pallas, 1771
Acipenser sturio Linnaeus, 1758

Acipenser transmontanus Richardson (ex Gairdner), 1836
Huso dauricus (Georgi, 1775)

Huso huso (Linnaeus, 1758)

jeseter sibiřský
jeseter krátkorypý
jeseter jihočínský
jeseter jezerní
jeseter rudý
jeseter ruský
jeseter sachalinský
jeseter severní
jeseter štitkatý
jeseter jadranský
jeseter hladký
jeseter ostrorypý
jeseter perský
jeseter malý
sterlet
jeseter amurský
jeseter čínský
jeseter hvězdnatý
jeseter velký
jeseter obecný
jeseter veliký
jeseter bílý
vyza malá
vyza sibiřská
kaluga
vyza velká
běluha
běluha obecná

***A. multiscutatus* považují
někteří ichtyologové za
synonymum *A. schrenckii*
(Birstein a Bemis, 1997)**

***A. sturio* a *A. oxyrhynchus*
blizce příbuzné druhy**

***A. sinensis* a *A. dabryanus*
blizce příbuzné druhy**

***r. Huso* je monofyletický, *H. huso* má blíž k *A. ruthenus*,
H. dauricus k *A. schrenckii***

Pseudoscaphirhynchus* je fylogeneticky vnořen do okruhu *A. stellatus

Pseudoscaphirhynchus fedtschenkoi (Kessler, 1872)

Pseudoscaphirhynchus hermanni (Kessler, 1877)

Pseudoscaphirhynchus kaufmanni (Kessler /ex Bogdanov/, 1877)

Scaphirhynchus albus (Forbes & Richardson, 1905)

Scaphirhynchus mexicanus Giltay, 1928

Scaphirhynchus platorhynchus (Rafinesque, 1820)

Scaphirhynchus suttkusi Williams & Clemmer, 1991

Čeleď: **veslonosovití** (*Polyodontidae*) (2 druhy)

Polyodon spathula (Walbaum, 1792)

Psephurus gladius (Martens, 1862)

lopatonos Fedčenkův

lopatonos Hermannův

lopatonos Kaufmannův

lopatonos velký

lopatonos mexický

lopatonos americký

lopatonos alabamský

veslonos americký

veslonos čínský



***Psephurus gladius* – Čína**

- poslední dokumentovaný úlovek 2007
 - od r. 1995 žádný záchyt juvenilů
 - blízko vyhynutí, blokována migrace ř. Jang-c-Tiang na jediná známá trdliště přehradami Tři soutěsky a Gezhouba (Gao et al. 2009).
- 2n = 120** Zhang et al. 1999



Podtřída: **KOSTNATÍ – NEOPTERYGII**

Řád: **KOSTLÍNI – SEMIONOTIFORMES (= LEPISOSTEIFORMES)**
(1 čeleď, 7 druhů)

Čeleď: **kostlínovití** (*Lepisosteidae*) (7 druhů)

Atractosteus spatula (Lacépède, 1803)

Atractosteus tristoechus (Bloch & Schneider /ex Parra/, 1801)
(=*Lepisosteus tristoechus*)

Atractosteus tropicus Gill, 1863

(=*Lepisosteus tropicus*)

Lepisosteus oculatus (Winchell, 1864)

Lepisosteus osseus (Linnaeus, 1758)

Lepisosteus platostomus Rafinesque, 1820

Lepisosteus platyrhynchus DeKay, 1842

Řád: **KAPROUNI - AMIIFORMES**
(1 čeleď, 1 druh)

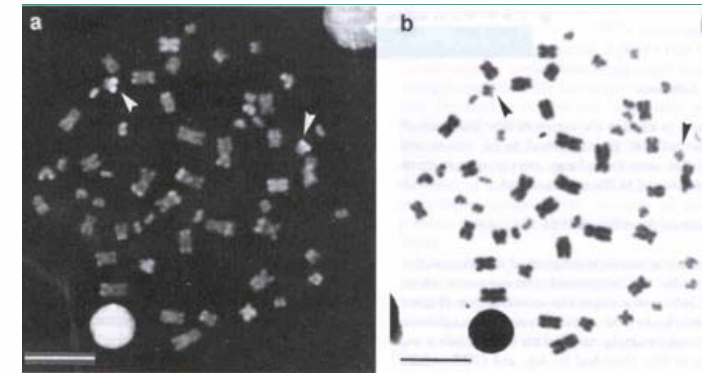
Čeleď: **kaprounovití** (*Amiidae*) (1 druh)

Amia calva Linnaeus, 1766

kostlín obrovský
kostlín kubánský
kostlín obrovský
kostlín mexický

kostlín skvrnitý
kostlín úzkočelistý
kostlín obecný
kostlín americký
kostlín dlouhonosý
kostlín krátkotlamý
kostlín plochonosý
kostlín floridský

kaproun obecný



Lepisosteus osseus
Ráb et al. 1999 Chrom. Res.

2n = 56



2n = 46

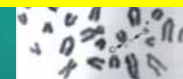


Podtřída: **KOSTNATÍ – NEOPTERYGII**

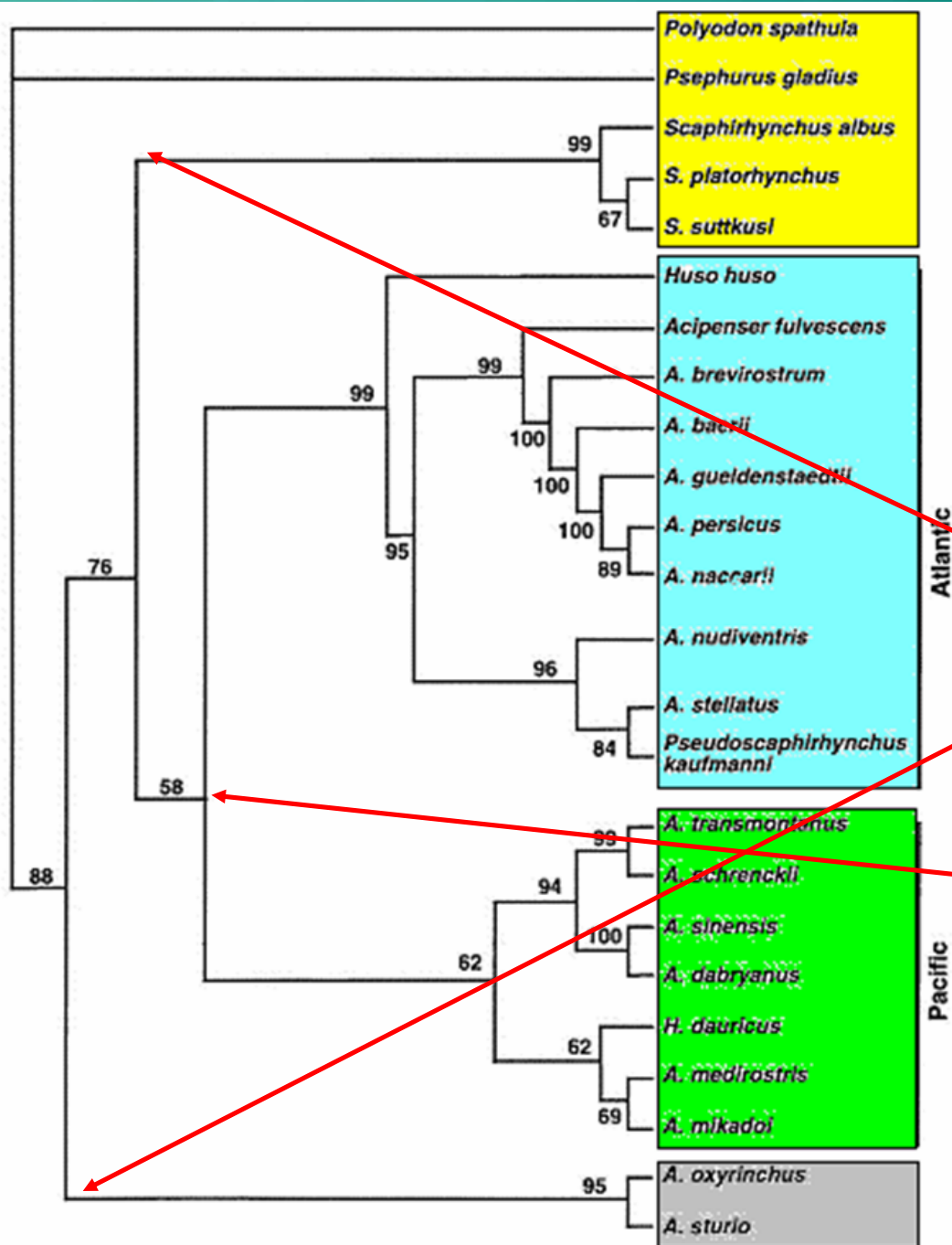
Řád: **KOSTLÍNI – SEMIONOTIFORMES (=**



Nejrozšířenější ryby v druhohorách. V současnosti obývají zejm. sladkovodní, zřídka brakické a slané vody Severní a Střední Ameriky a Kuby. Vykazují znaky primitivní i pokročilé, mají protáhlé tělo pokryté silnými ganoidními šupinami a dlouhé ozubené čelisti. Kostra vykazuje pokročilý stupeň osifikace, plynový měchýř má podpůrnou dýchací funkci. *Lepisosteus osseus* dosahuje max. délky 1,5 m, *L. tristoechus* až 3 m. Živí se dravě.



Fylogeneze jeseterovitých



P. spathula je bazální rod a odráží divergenci čeledí Polyodontidae a Acipenseridae.

Uvnitř Acipenseridae jsou 3 oddělené clustery.

První zahrnuje 3 druhy Scaphirhynchinae,

druhý tvoří *A. oxyrinchus* a *A. sturio*,

a třetí zahrnuje ostatní druhy – opět ve 3 clusterech, kt. částečně odrážejí zeměpisné rozšíření (Ludwig et al., 2001).

Rozdělení podle karyotypu



Druh	Počet chromozómů	Obsah DNA/jádro	Ploidie
<i>A. nudiventris</i> j. hladký	120	3,88-4,04pg	4n (2n)
<i>A. oxyrinchus</i> j. ostrorypý	120	3,74pg	4n (2n)
<i>A. ruthenus</i> j. malý	120	3,74pg	4n (2n)
<i>A. stellatus</i> j. hvězdnatý	120	3,74pg	4n (2n)
<i>A. sturio</i> j. velký	120	3,6pg	4n (2n)
<i>H. dauricus</i> vyza malá, kaluga	120	3,74pg	4n (2n)
<i>H. huso</i> vyza velká	120	3,6pg	4n (2n)
<i>S. platyrhynchus</i> l. americký	120	3,6pg	4n (2n)
<i>A. baerii</i> j. sibiřský	250	8,28-8,31pg	8n (4n)
<i>A. fulvescens</i> j. jezerní	250	8,9pg	8n (4n)
<i>A. gueldenstaedtii</i> j. ruský	250	7,86-7,88pg	8n (4n)
<i>A. medirostris</i> j. sachalinský	250	7,8-8,3pg	8n (4n)
<i>A. transmontanus</i> j. bílý	270	9,2-9,6pg	8n (4n)
<i>A. mikadoi</i> j. severní	270	8,0-9,1 pg	8n (4n)
<i>A. brevirostrum</i> j. krátkorypý	360	13,08pg	12n (6n)

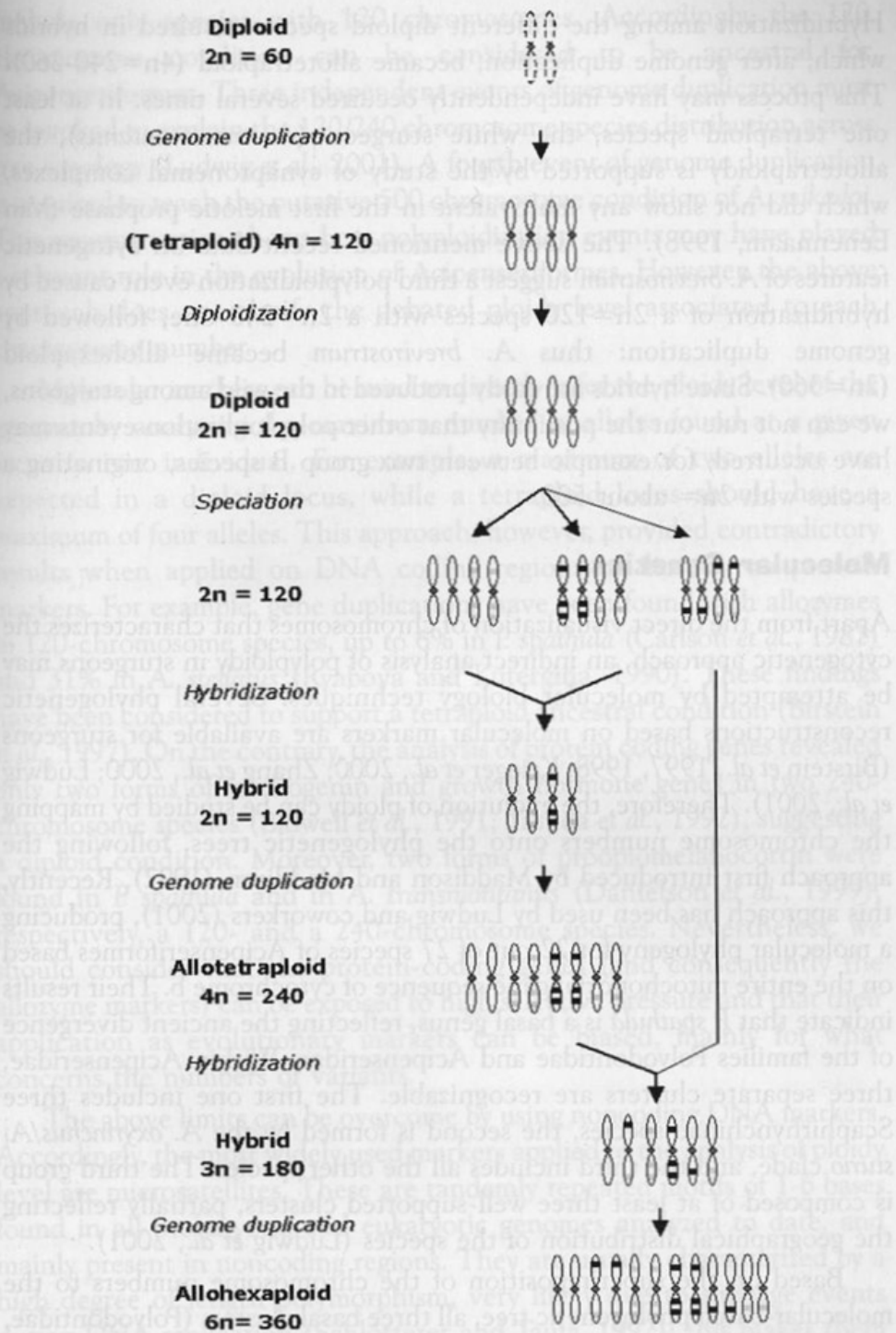


Fig. 4.2.2 Sturgeon speciation hypothesis through genome duplication, diploidization, divergent evolution and hybridization.

původ *Actinopterygia*,
vyhynulý předek jeseterů $2n = 60$

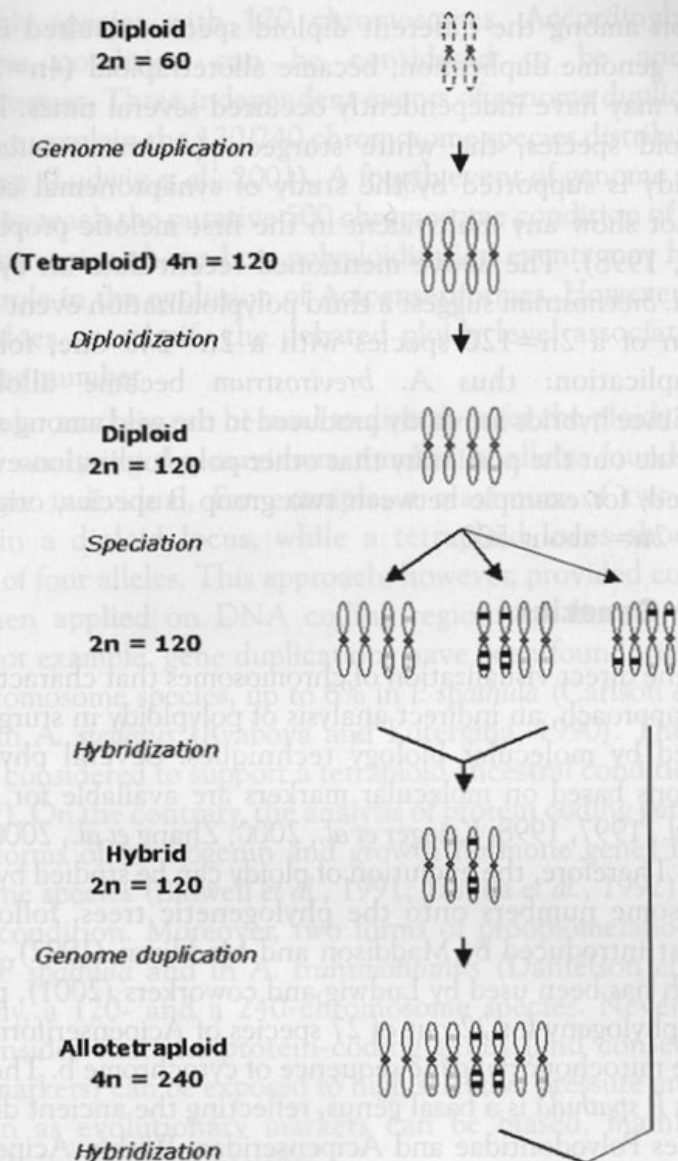
genová diversifikace a
duplikační události

hybridizace mezi druhy $2n$

allotetraploidní (hybridní)
druh (*A. transmontanus*)

hybridizace $2n \times 4n$ druhů a genomová
duplikace (*A. brevirostrum*)

Fontana et al. (2007)



První epizoda duplikace genomu u vzniku obratlovců,

druhá epizoda duplikace genomu u vzniku čelistnatých (Gnathostoma).

= 2R hypotéza („two rounds“)

Třetí epizoda duplikace genomu u vzniku kostnatých ryb (Teleostei)

= 3R hypotéza

naznačuje, že jeseteři jsou allopolyploidního původu,

veslonosi jsou autopolyploidního původu

Acipenseridae

paleotetraploidi ~ 120 chromozomů

Acipenser stellatus
Acipenser ruthenus
Acipenser oxyrinchus
Acipenser nudiiventris
Acipenser sturio
„Huso“ huso
Pseudoscaphirhynchus kaufmanni
Scaphirhynchus platyrhynchus



paleododekaploid ~ 360 chromozomů

Acipenser brevirostrum

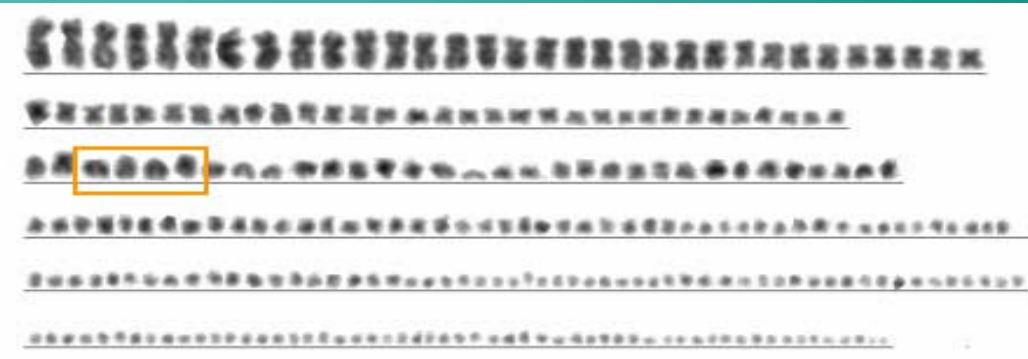
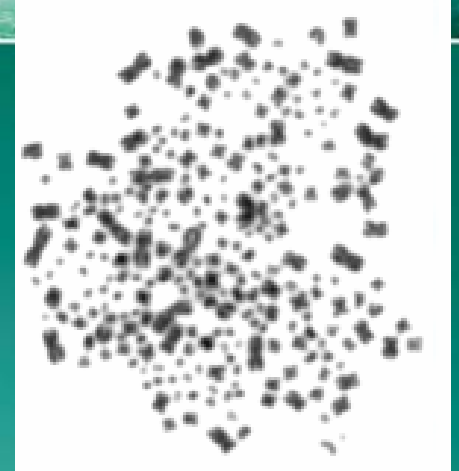


Kim et al. 2005



paleooktaploidi ~ 240 chromozomů

Acipenser baerii
Acipenser gueldenstaedti
Acipenser dabryanus
Acipenser fulvescens
Acipenser medirostris
Acipenser naccari
Acipenser persicus
Acipenser schrenckii
Acipenser sinensis



paleononaploidi ~ 270 chromozomů

Acipenser transmontanus
Acipenser mikadoi



Jak si to přebrat v hlavě?



- Každý organismus, který vykazuje **diploidní/haploidní cykly** v každé generaci je biologicky diploidní a to bez ohledu na počet chromozómů/obsah DNA v jádře.
- Spontánní polyploidizační události, resp. jejich výsledky se za určitých podmínek mohou fixovat v evoluci mající potom za následek vznik taxonů (tj. druhů, rodů, linií, čeledí, atd.), které jsou **evolučně polyploidního původu**, ač se u nich vyskytuje **diploidní/haploidní cyklus** u každé generace a daný organismus tak je **biologicky diploidní**. Z tohoto pohledu je termín **evoluční polyploidie** smysluplným jen ve fylogenetickém smyslu.
- Evoluční polyploidie = paleopolyploidie
- Evoluční tetraploid = funkční (moderní) diploid, atd.

Mezidruhová hybridizace



Table 4. Natural hybridization of sturgeon species and their ploidy.

Interspecies hybrids	Intergenera hybrids
1. Caspian Sea basin¹	
(a) Volga River	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. ruthenus</i> (4n) ²	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. persicus</i> (8n) ³	
(b) Kama River	
	<i>Huso huso</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)
	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)
	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)
	<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>H. huso</i> (4n)
(c) Ural River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)
(d) Kura River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)
(e) Sefir-Rud River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
(f) Caspian Sea	
	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. persicus</i> (8n)
2. Sea of Azov basin⁴	
Don River	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
3. Black Sea basin⁵	
(a) Danube	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) <i>H. huso</i> (4n)
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>H. huso</i> (4n)
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>H. huso</i> (4n)
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. sturio</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
(b) Black Sea	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. sturio</i> (4n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
4. Siberian rivers	
Main rivers (Yenisey, Lena, Ob, Kolyma) ⁶	
<i>A. baertii</i> (8n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	Amur River ⁷
	<i>Huso dauricus</i> (4n) × <i>A. schrenckii</i> (8n?)
5. Central Asia⁸	
Amu-Darya River	
<i>Pseudoscaphirhynchus kaufmanni</i> (4n) × <i>P. hermanni</i>	
6. North America⁹	
Missouri and Mississippi Rivers	
<i>Scaphirhynchus albus</i> (?) × <i>S. platyrhynchus</i> (4n)	



Table 4. Natural hybridization of sturgeon species and their ploidy.

Interspecies hybrids	Intergenera hybrids
1. Caspian Sea basin¹	
(a) Volga River	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. ruthenus</i> (4n) ²	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. persicus</i> (8n) ³	
(b) Kama River	
	<i>Huso huso</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)
	<i>H. huso</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)
(c) Ural River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
(d) Kura River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
(e) Sefir-Rud River	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
(f) Caspian Sea	
2. Sea of Azov basin⁴	
Don River	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
3. Black Sea basin⁵	
(a) Danube	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. stellatus</i> (4n)	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	
<i>A. ruthenus</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. stellatus</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. nudiventris</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
<i>A. sturio</i> (4n) × <i>A. gueldenstaedtii</i> (8n)	
(b) Black Sea	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. sturio</i> (4n)	
<i>A. gueldenstaedtii</i> (8n) × <i>A. nudiventris</i> (4n)	
4. Siberian rivers	
Main rivers (Yenisey, Lena, Ob, Kolyma) ⁶	
<i>A. baerli</i> (8n) × <i>A. ruthenus</i> (4n)	
	Amur River ⁷
	<i>Huso dauricus</i> (4n) × <i>A. schrenckii</i> (8n?)
5. Central Asia⁸	
Amu-Darya River	
<i>Pseudoscaphirhynchus kaufmanni</i> (4n) × <i>P. hermanni</i>	
6. North America⁹	
Missouri and Mississippi Rivers	
<i>Scaphirhynchus albus</i> (?) × <i>S. platyrhynchus</i> (4n)	



Arefjev (1997, 1998) a Birstein (2002) tvrdí, že

1) hybridy mezi druhy/rody se stejným počtem chromozómů (tj. 4n x 4n, 8n x 8n atd.) mohou být plodní,

2) zatímco hybridy mezi druhy/rody s odlišnými počty chromozómů (tj. 4n x 8n, 8n x 4n atd.) jsou neplodní. ???

Birstein et al. (1997)

Mezidruhová hybridizace



oproti původním předpokladům (Arefjev a Nikolaev, 1991) se ukazuje, že F_1 hybridi jeseterů o různé ploidii (tzv. interploidní hybridy) mají intermediární počet chromozomů

$$4n (\sim 120 \text{ chr.}) \times 8n (\sim 240 \text{ chr.}) = 6n (\sim 180 \text{ chr.})$$



Kontrola:

čistý *A. ruthenus* ~ 120 (4n)

x

čistý *A. gueldenstaedtii* ~ 240 (8n)

A. baerii ~ 240 (8n)

=

Hybrid ~ 180 (6n)

potomstvo vždy intermediární ploidie:

~ 120 (4n) x ~ 180 (6n) = 150 (5n)

~ 120 (4n) x ~ 240 (8n) = 180 (6n)

~ 180 (6n) x ~ 240 (8n) = 210 (7n)

~ 240 (8n) x ~ 300 (10n) = 270 (9n)

~ 240 (8n) x ~ 360 (12n) = 300 (10n)

ve všech kombinacích životaschopné potomstvo

179 chromozomů - hybrid 6n
A. ruthenus samice
x 10n *A. baerii* samec



Křížení:

čistý *A. ruthenus* ~ 120 (4n)

x

samci/samice ~ 180 (6n), ~ 300 (10n),
~ 360 (12n) jedinců

A

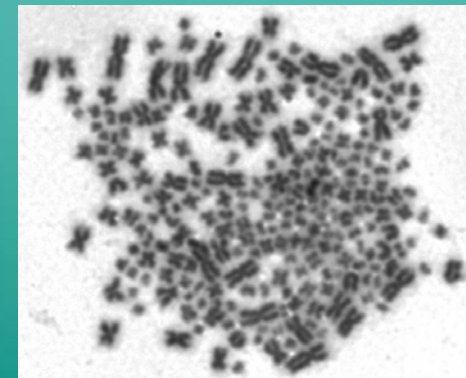
čistý *A. gueldenstaedtii* ~ 240 (8n)

A. baerii ~ 240 (8n)

x

samci/samice ~ 180 (6n), ~ 300 (10n),
~ 360 (12n) jedinců

244 chromozomů - hybrid
8n *A. baerii* samice x 8n *A. gueldenstaedtii* samec



Spontánní polyploidizace



I. ● přifúzování 2. pólového tělíska; $2n$



Spontánní triploidie

známa u lososovitých, kaprovitých, sumcovitých

u j. malého, j. sibiřského a j. bílého

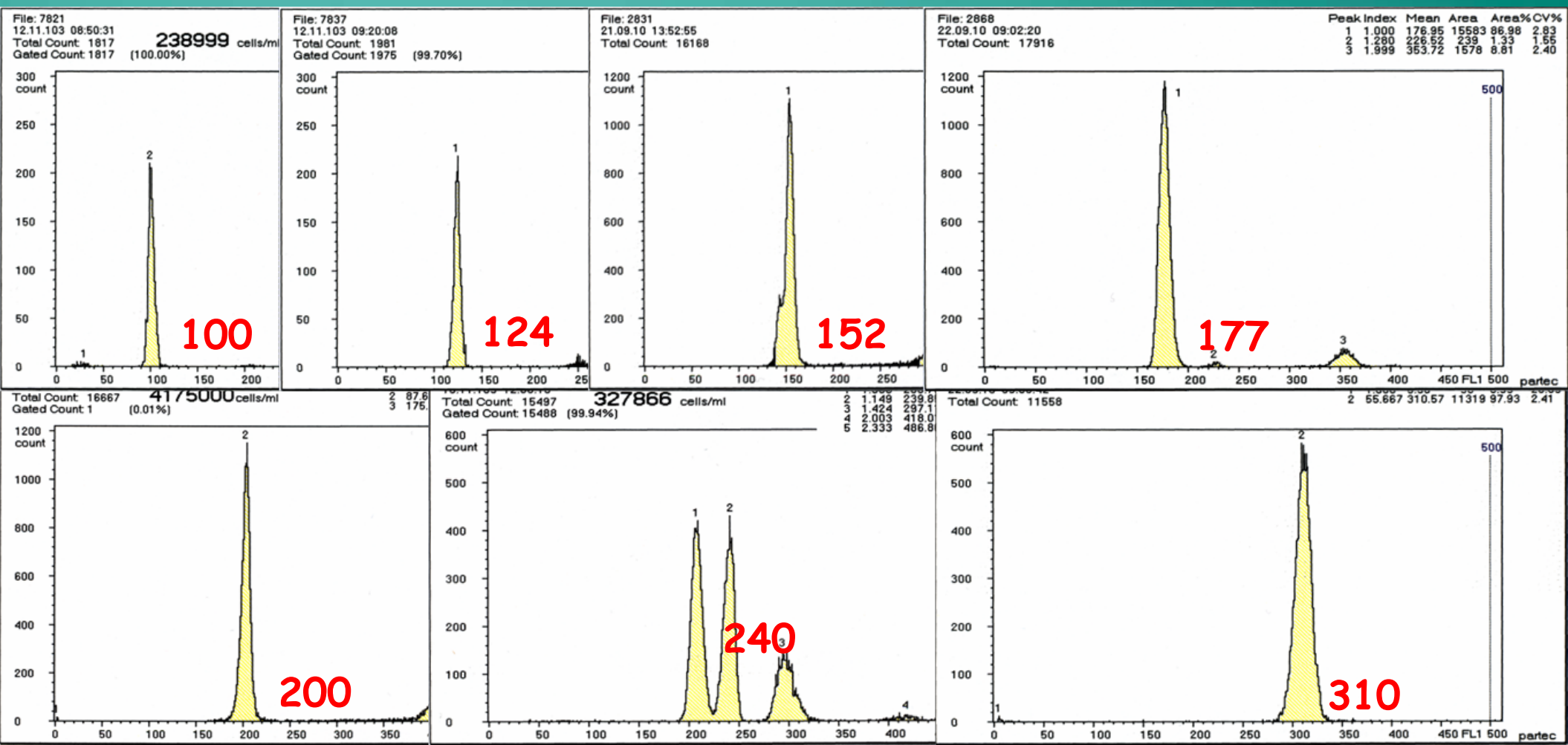
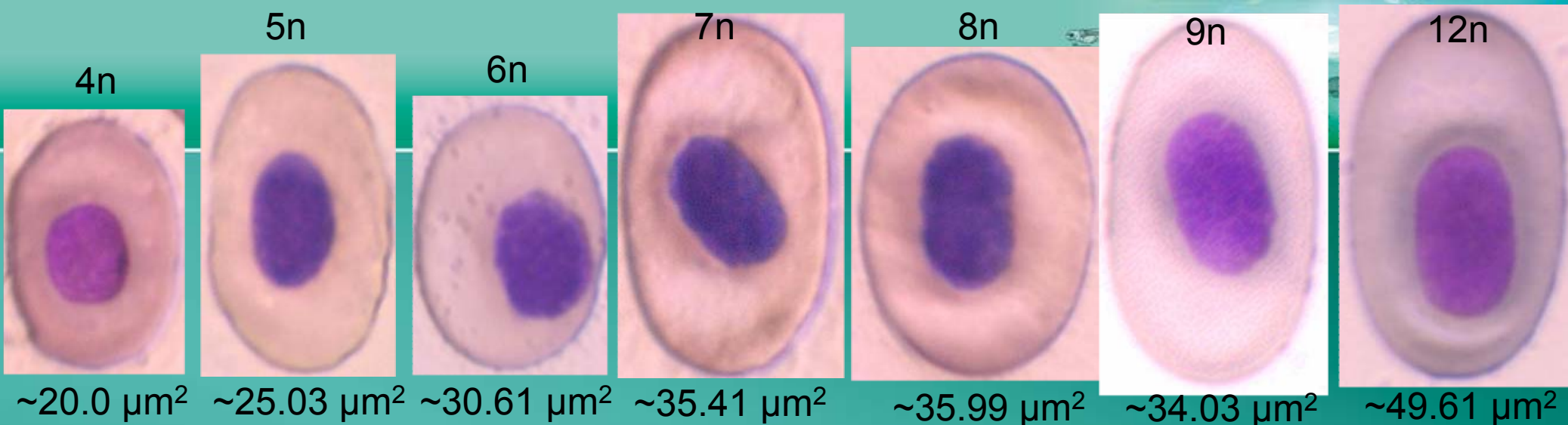
II.



Polyspermické oplození ?

jikra jes. má více mikropylí, Grunina et al., (1996, 2006) a Recoubratsky et al. (1996) použili polysp. oploz. k restauraci „diploidie“ při androgenezi

když se první spermie dotkne cytoplazmy na dně mikropyle, nastává kortikální reakce – rozpadají se kortikální granule a vzniklý perivitelinní prostor uzavře ostatní mikropyle (Pšenička a kol., 2010)



Jak to rozluštit?



- karyotyp ukáže počet chromozómů a ploidii – typický/netypický pro druh
- relativní/absolutní obsah DNA/jádro – ukáže ploidii a obsah typický/netypický pro druh www.genomesize.com
- CGH/GISH naznačí/prokáže hybridní původ jedince
- pokud známe rodiče, tak
analýza mitochondriální DNA ukáže na hybridizaci po maternální linii;
- analýza mikrosatelitní DNA může rozlišit původ dalších chromozomových sad v genomu jedince
- pokud rodiče neznáme, molekulární data podrobujeme sérii statistických analýz, např. Factorial Correspondence Analysis (FCA), STRUCTURE assignation a NEWHYBRIDS status determination.

Jak to rozluštit?



Rana pipiens
C-value: 6.70pg

Home

Search Data

Statistics

FAQ

References

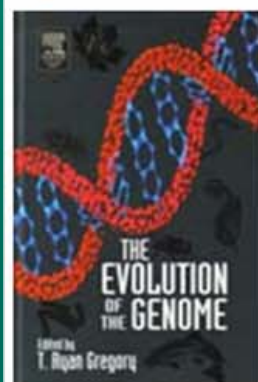
Submit Data

Links

Gregory Lab
GENOMIC DIVERSITY

UNIVERSITY
OF GUELPH

BIO
Biodiversity Institute
of Ontario



Search Criteria: species LIKE 'Acipenser'

Number of Results: 23

Pages: 1

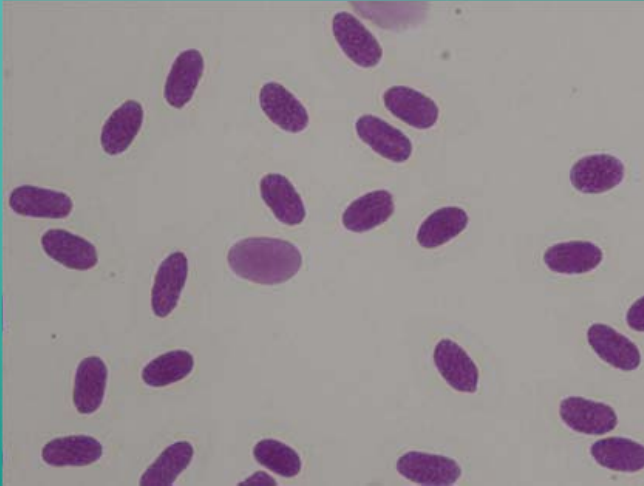
Class	Order	Family	Species	Common Name	C value	Ch. Num	Method	Cell Type	Std Sp.	Refs
Phylum Chordata: Subphylum Vertebrata										
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser baerii baerii</i>	Siberian sturgeon	4.15	248	FCM	RBC	AR	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser brevirostrum</i>	Shortnose sturgeon	6.54		FCM	RBC	HS	56
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser brevirostrum</i>	Shortnose sturgeon	6.89		FIA	RBC	BS, GD, OM, RP	203, 204
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser brevirostrum (3x)</i>	Shortnose sturgeon	9.32		FIA	RBC	BS, GD, OM, RP	203, 204
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser fulvescens</i>	Lake sturgeon	4.45		FCM	RBC	HS	56
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser gueldenstaedtii</i>	Russian sturgeon	3.94	250	FCM	RBC	AR	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser medirostris</i>	Green sturgeon	4.41		FCM	RBC	HS	56
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser medirostris</i>	Green sturgeon	7.17		FCM	RBC	AR	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser naccarii</i>	Adriatic sturgeon	2.85	239	FD	RBC	TT	132
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser naccarii</i>	Adriatic sturgeon	4.24		NS	NS	GD	534
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser nudiventris</i>	Fringebarbel sturgeon	1.97	118	FCM	RBC	AR	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser oxyrhynchus</i>	Atlantic sturgeon	2.19		FIA	RBC	BS, GD, OM, RP	203, 204
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser oxyrhynchus (3x)</i>	Atlantic sturgeon	3.36		FIA	RBC	BS, GD, OM, RP	203, 204
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser oxyrhynchus desotoi</i>	Gulf sturgeon	2.28		FCM	RBC	HS	56
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser ruthenus</i>	Sterlet	1.87	118	FCM	RBC	XL	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser stellatus</i>	Starry sturgeon	2.35	118	FCM	RBC	AR	54
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser stellatus</i>	Starry sturgeon	2.35		FCM	S	NS	242
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser sturio</i>	Sturgeon	1.60	116	FD	RBC	GD	324
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser sturio</i>	Sturgeon	1.80		FD	RBC	TT	132
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser sturio</i>	Sturgeon	3.95		NS	NS	GD	534
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser transmontanus</i>	White sturgeon	4.73		FCM	RBC	HS	56
Osteichthyes	Acipenseriformes	Acipenseridae	<i>Acipenser transmontanus</i>	White sturgeon	5.10		BFA	RBC	SP	219
Osteichthyes	Scorpaeniformes	Agonidae	<i>Podothecus acipenserinus</i>	Sturgeon poacher	0.75		FIA	RBC	BS, GD, OM, RP	203

Pages: 1

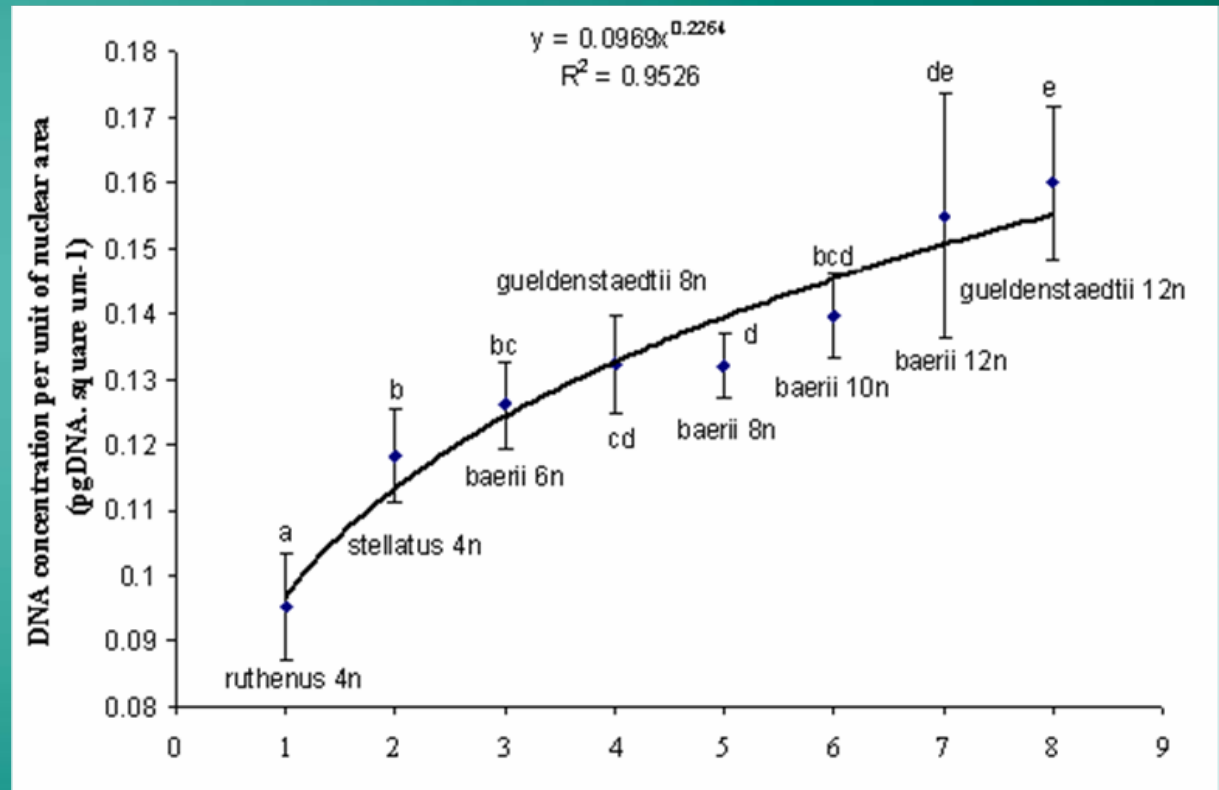
obsah DNA



stanovení absolutního obsahu DNA denzitometricky (FIA = Feulgen Image Analysis densitometry; metoda obrazové cytometrie)



jádra erytrocytů *Tinca tinca* (3n) v krevním nátěru obarveném Feulgenovou reakcí

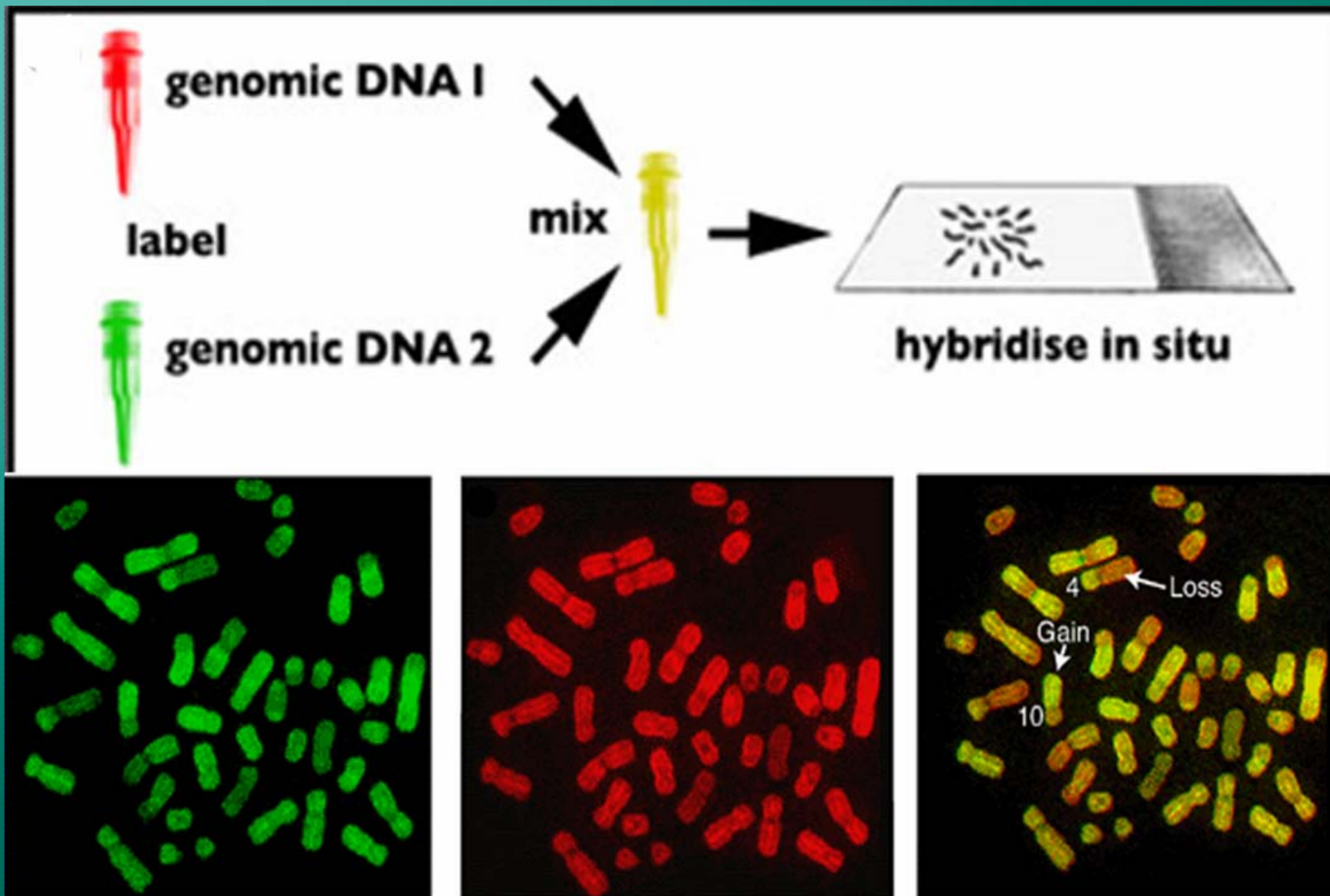


Bytyutskyy a kol. (2012) J. Appl. Ichthyol. 1-5: se zvyšující se úrovní ploidie a obsahem DNA v jádrech erytrocytů u jeseterů je DNA v jádrech více kondenzována. Plocha jader tedy neroste s ploidí lineárně.

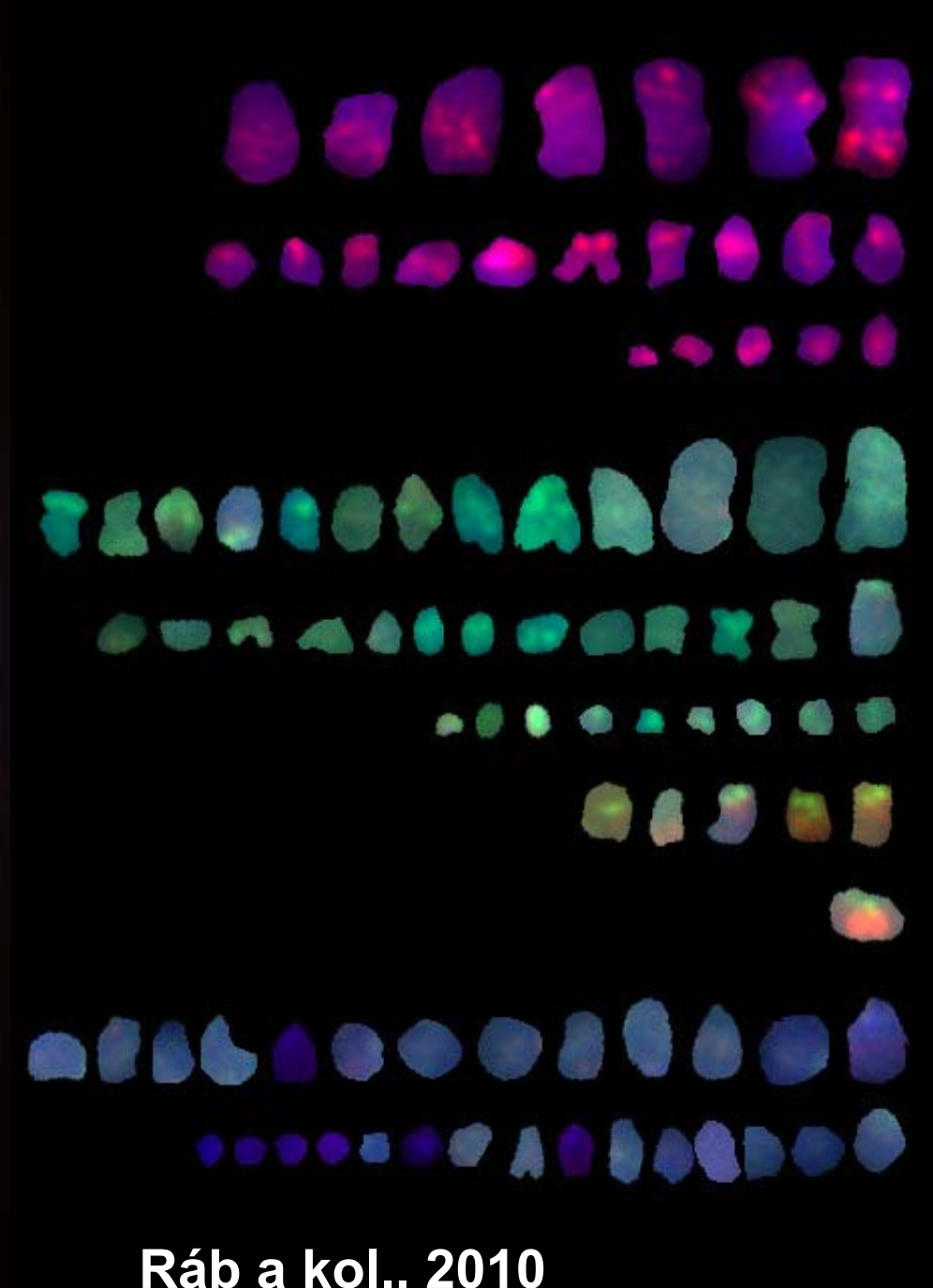
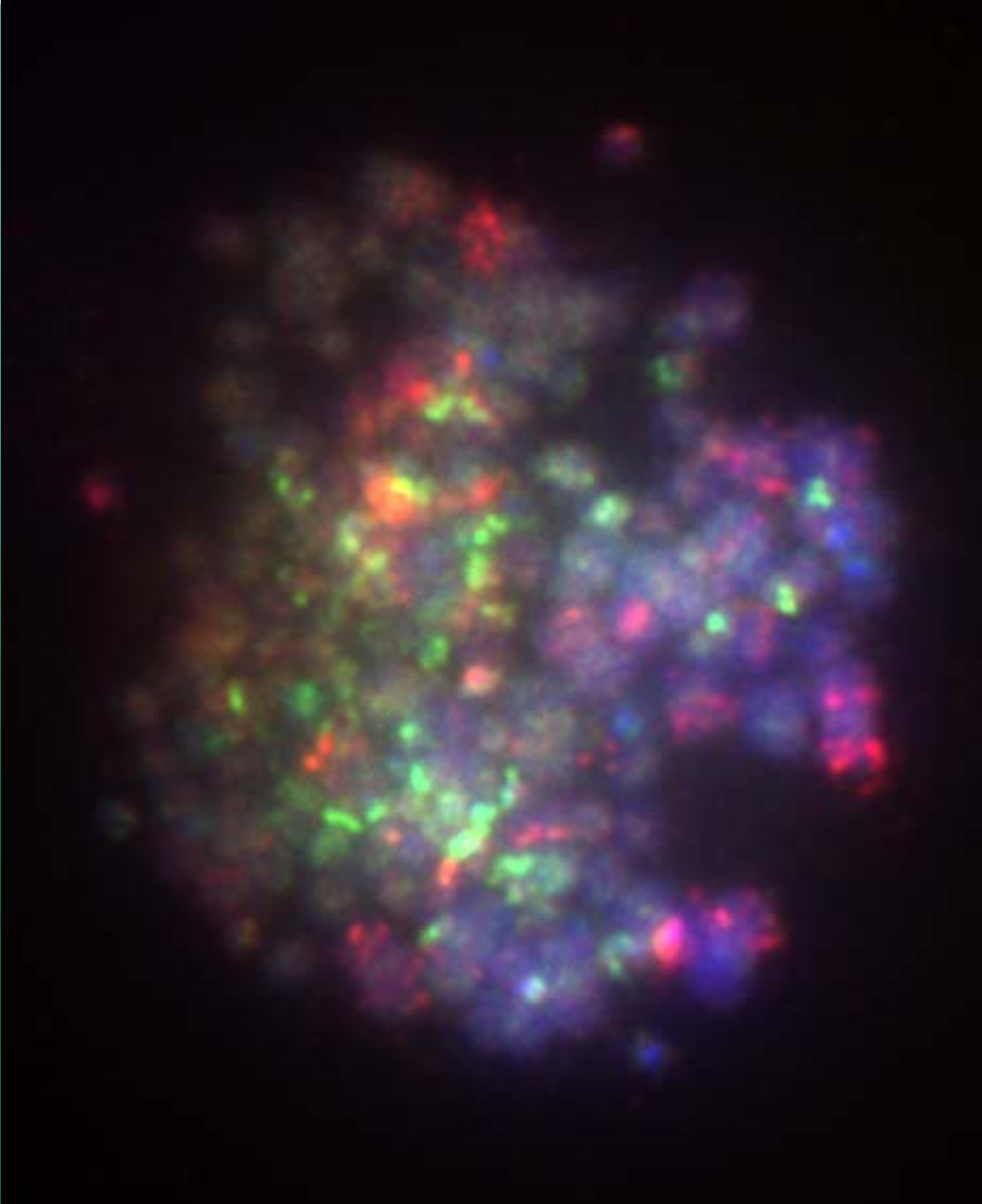


- **komparativní genomová hybridizace (CGH),**
- **genomová in situ hybridizace (GISH)**
- používá se např. pro porovnání obsahu transpozónů mezi dvěma genomy (Symonová et al. 2011)
- pro identifikaci chromozómů od jednotlivých parentálních forem v hybridních genomech (Majtanová et al. 2012).
- Obě metody jsou po technické stránce shodné a liší se pouze v tom, že při CGH se značí fluorochromy obě celkové DNA porovnávaných druhů, zatímco u GISH pouze jedna z nich.

Cytogenetika jeseterovitých



Cytogenetika jeseterovitých



Ráb a kol., 2010

Cytogenetika jeseterovitých



Chromozómy se zřetelně převažujícím genomem *Acipenser ruthenus* (značené biotinem, detekované Streptavidin-Cy3)

Chromozómy se zřetelně převažujícím genomem *Acipenser baerii* (značené digoxigeninem, detekované anti-Dig-FITC)

Chromozómy se zastoupením obou genomů

Domnělé NOR chromozómy (genom *baeri* genome se zdá nést vyšší počet kopií sekvencí NOR)

Chromozómy, které nenesou signál (většinou zřetelně DAPI pozitivní) – podbarvené DAPI



Ráb a kol., 2010

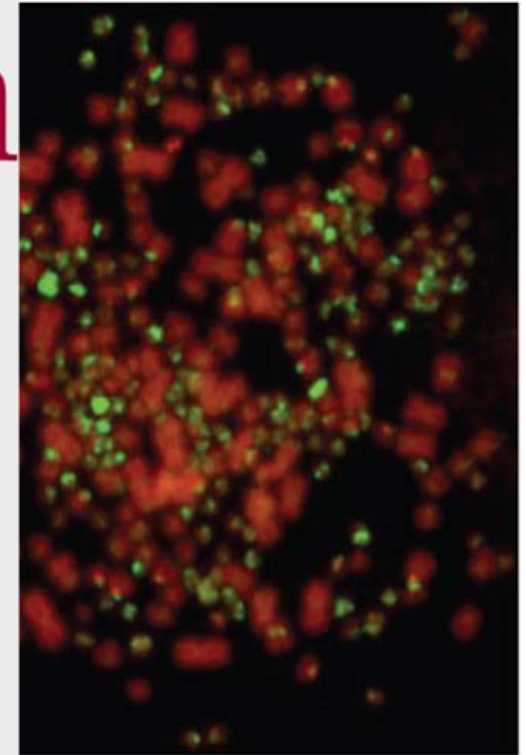
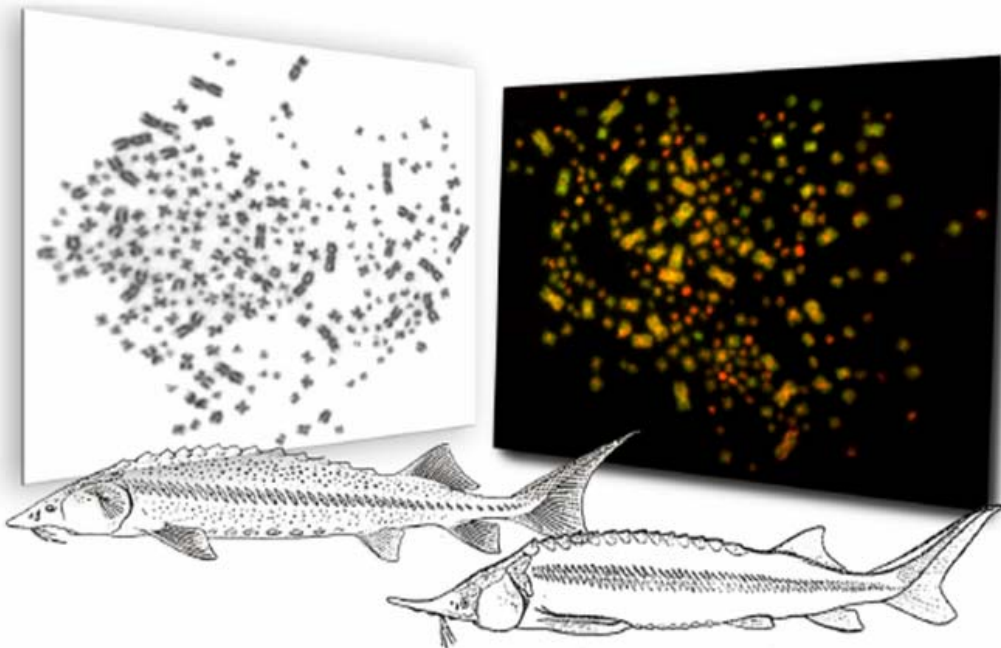
Cytogenetic and Genome Research

ekulární cytogenetika

Molecular Cytogenetics of Fishes

Editor

M.B. Cioffi, São Carlos



CGH experiment s
metafázními
chromozómy hybrida 4n
♀ *A. ruthenus* × 12n ♂
A. baerii

gDNA *A. ruthenus*
naznačena zeleně a
gDNA *A. baerii* červeně

Symonová a kol. (2013)

Mikrosatelity



- krátké tandemové opakované motivy nukleotidů
- přítomny ve všech eukaryotických genomech
- vysoce polymorfní
- jejich in vitro amplifikace umožňuje přímý pohled do genomu.
- sledování maximálního počtu alel u jedince v daném lokusu podává důkaz o ploidii v daném lokusu.
- diploidní lokus – očekávány max. 2 alely lišící se velikostí (poč. párů bazí).
- disomický alelický vzor u druhů se ~ 120 chromozómy
- tetrasomický alelický vzor u druhů se ~ 250 chromozómy.

Mikrosatelity



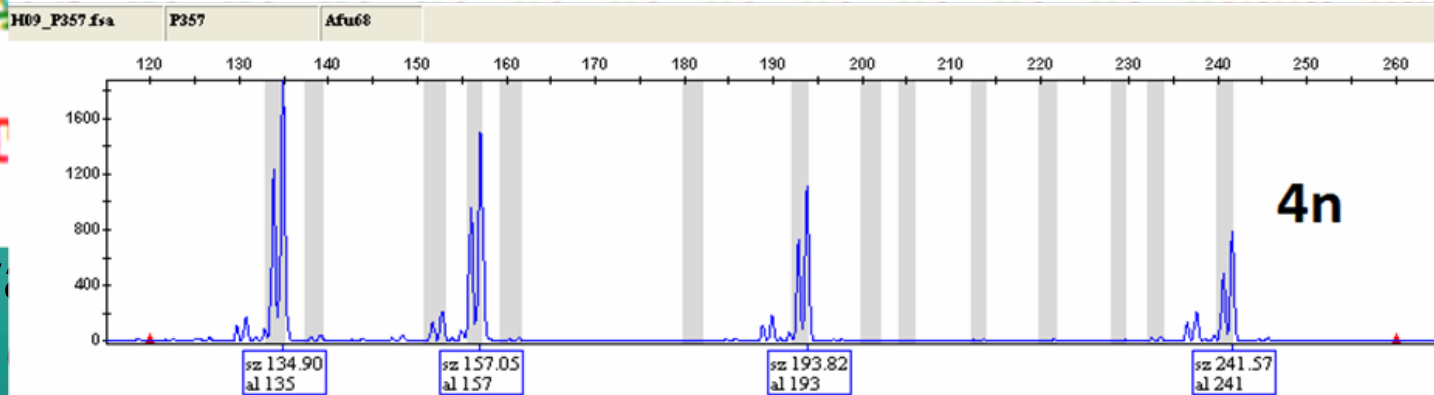
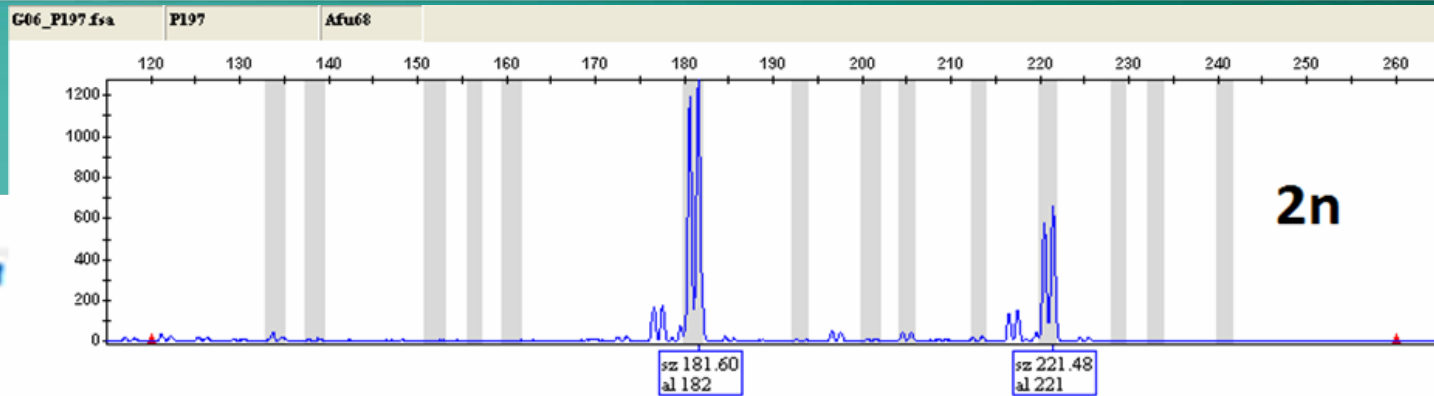
- krátké

80
AATTAA

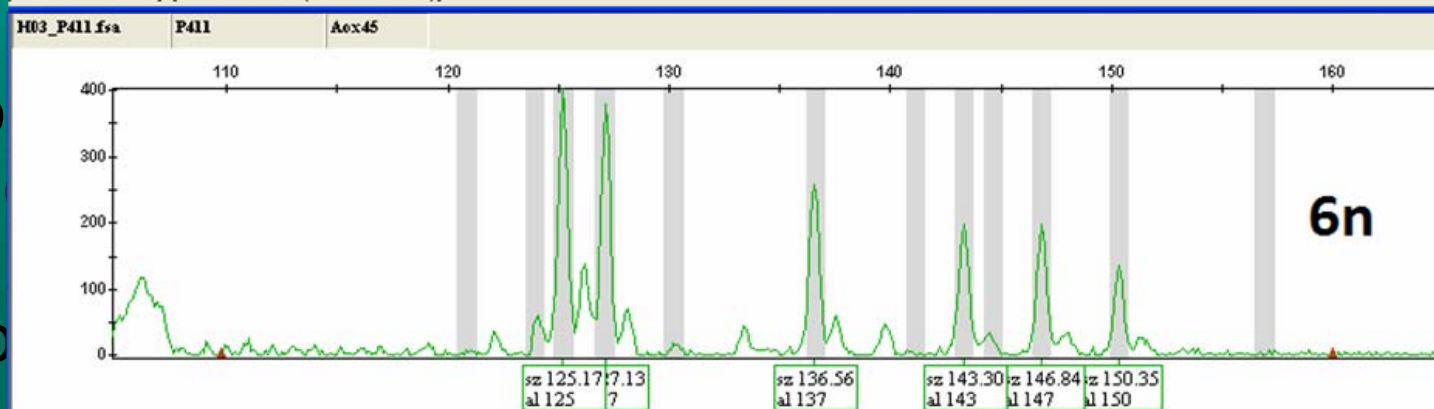
TTAATT

- sledová
- podává

- diploid
- (po
- disomi
- tetraso



[X 224.54 Y 2055] [Marker: Afu68 (120.00-260.00)]



12
TCAT
SAGTA

usu

tí

y.



Species	Chrom. n.	Examined loci											ex. ploidy
		LS34	LS54	Spl 101	Spl 105	Spl 163	Spl173	Aox45	LS68	AfuG54	AfuG135	Atr114	
<i>A. nudiventris</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	4	-	2n
<i>A. stellatus</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	4	3	2	-	
<i>A. ruthenus</i>	121 ± 3	2	2	2	2	2	2	2	3	4	4	4	
<i>A. oxyrinchus</i>	118 ± 2	2	2	2	-	-	-	2	3	3	2	3	
<i>H. huso</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	4	-	
<i>A. baerii</i>	246 ± 8	4	4	4	3	4	4	4	4	7	7	6	4n
<i>A. gueldenstaedtii</i>	258 ± 4	4	4	4	3	4	4	4	6	8	7	6	
<i>A. persicus</i>	258 ± 4	2	4	4	2	4	4	4	4	7	7	7	
<i>A. mikadoi</i> x	262 ± 4	2	2	4	4	4	2	4	5	7	4	3	
<i>A. naccari</i> x	248 ± 4	2	4	4	4	3	4	4	4	6	6	6	
<i>A. brevirostrum</i>	372 ± 6	3	3	5	5	5	6	6	9	8	8	-	6n



Species	Chrom. n.	Examined loci												ex. ploidy
		LS34	LS54	Spl 101	Spl 105	Spl 163	Spl173	Aox45	LS68	AfuG54	AfuG135	Atr114		
<i>A. nudiventris</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	4	-	2n	
<i>A. stellatus</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	4	3	2	-		
<i>A. ruthenus</i>	121 ± 3	2	2	2	2	2	2	2	3	4	4	4		
<i>A. oxyrinchus</i>	118 ± 2	2	2	2	-	-	-	2	3	3	2	3		
<i>H. huso</i>	118 ± 2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	4	-		
<i>A. baerii</i>	246 ± 8	4	4	4	3	4	4	4	4	7	7	6	4n	
<i>A. gueldenstaedtii</i>	258 ± 4	4	4	4	3	4	4	4	6	8	7	6		
<i>A. persicus</i>	258 ± 4	2	4	4	2	4	4	4	4	7	7	7		
<i>A. mikadoi</i> x	262 ± 4	2	2	4	4	4	2	4	5	7	4	3		
<i>A. naccari</i> x	248 ± 4	2	4	4	4	3	4	4	4	6	6	6		
<i>A. brevirostrum</i>	372 ± 6	3	3	5	5	5	6	6	9	8	8	-	6n	

2n lokusy

residuální
tetrasomie



Int. J. Mol. Sci. **2011**, *12*, 6796–6809; doi:10.3390/ijms12106796

OPEN ACCESS

International Journal of
Molecular Sciences

ISSN 1422-0067
www.mdpi.com/journal/ijms

Article

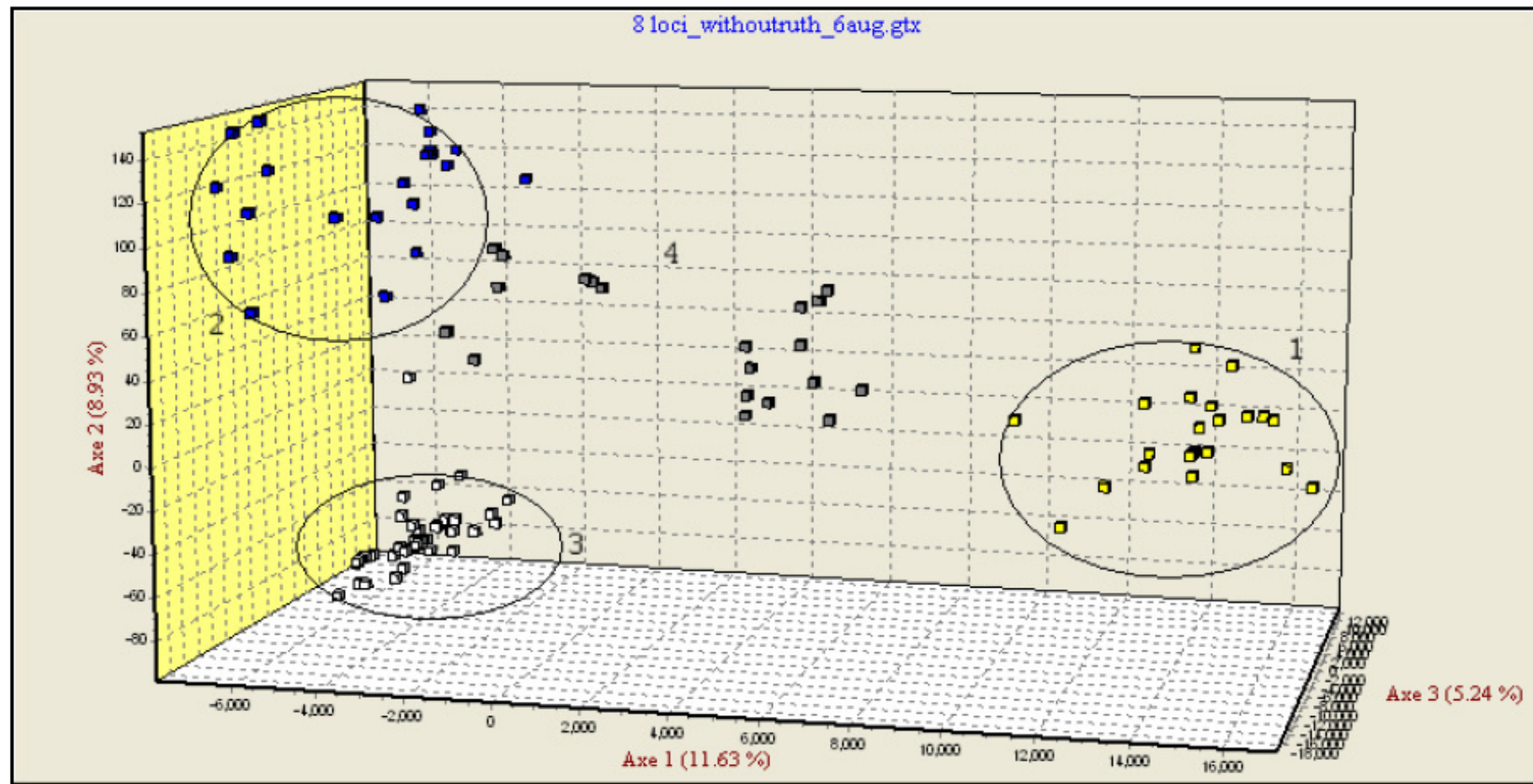
Nuclear Markers of Danube Sturgeons Hybridization

Andreea Dudu ¹, Radu Suciuc ², Marian Paraschiv ², Sergiu Emil Georgescu ¹,
Marieta Costache ^{1,*} and Patrick Berrebi ³

... This survey demonstrated that morphological determination of this status is not reliable and a molecular tool, based on eight microsatellites genotypes is proposed. This method, based on three successive statistical analyses including Factorial Correspondence Analysis (FCA), STRUCTURE assignment and NEWHYBRIDS status determination, showed a high efficiency in discriminating pure species specimens from F1, F2 and two kinds of backcross individuals involving three of the four reproducing Lower Danube sturgeon species.



Figure 1. Factorial Correspondence Analysis (FCA) based on eight microsatellite loci in three pure species and hybrids of Danube sturgeons: (1) *A. stellatus*; (2) *H. huso*; (3) *A. gueldenstaedtii*; (4) Hybrids and some pure individuals.

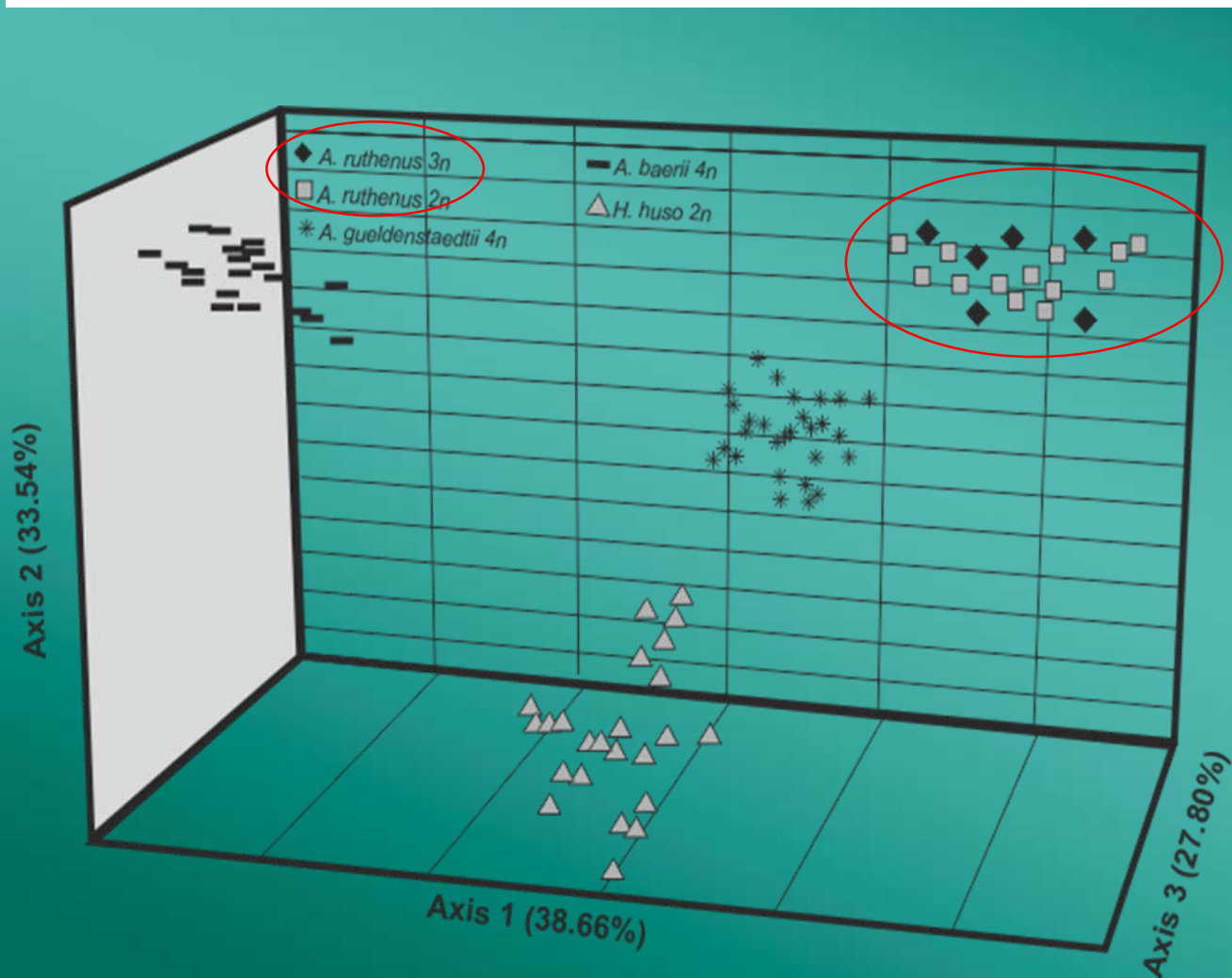


Hybrid nebo triploid?

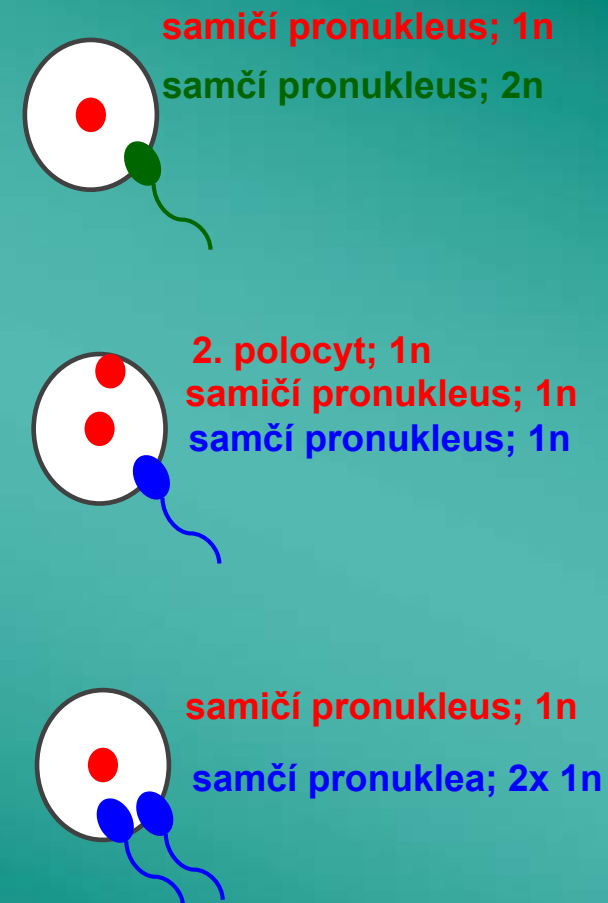
www.frov.jcu.cz



Kromě interspecifické / intergenerické hybridizace, vysoce polyploidní jeseteři mohou vznikat spontánní polyploidizací *de novo* v každé generaci



(paleo 6n) funkční 3n

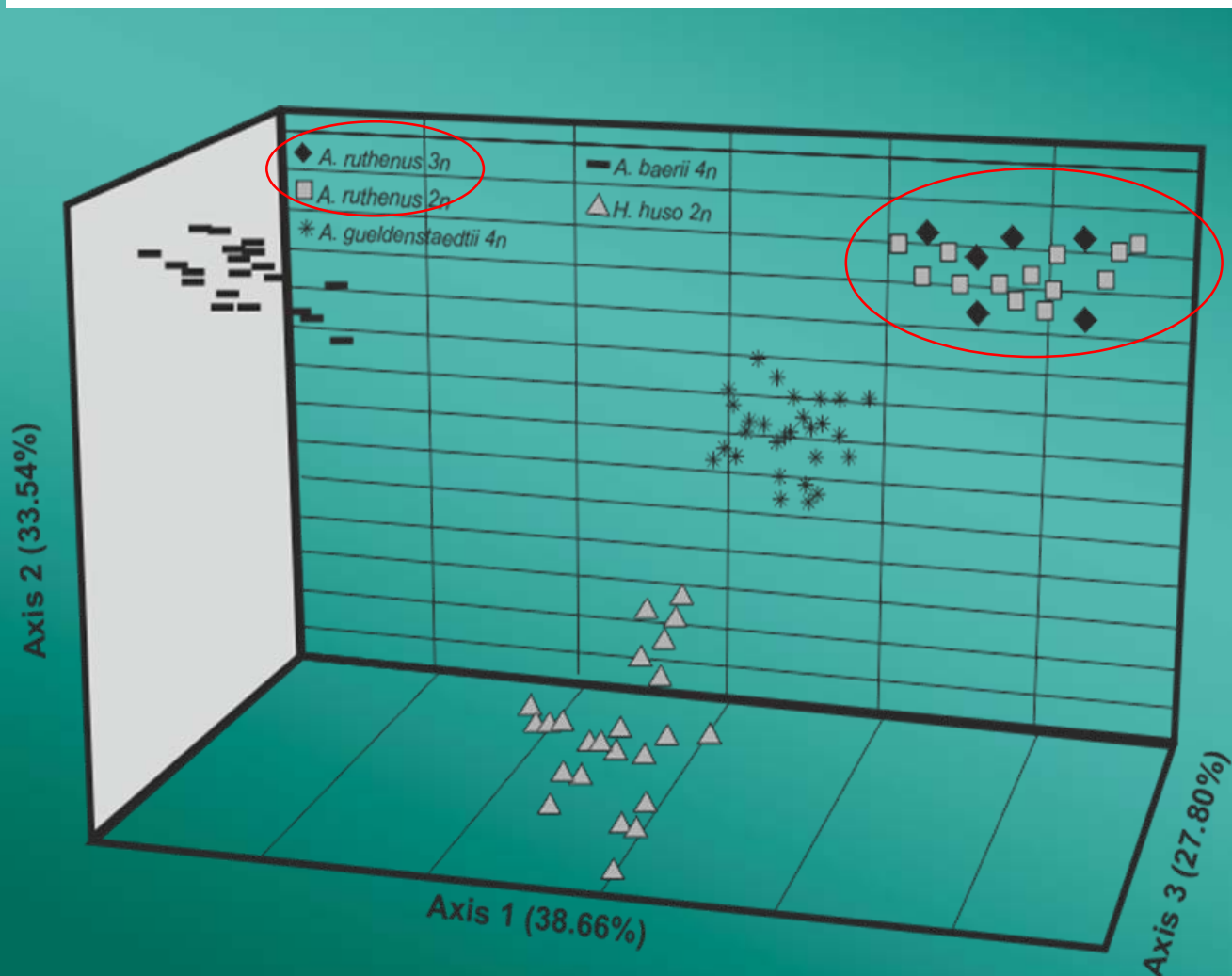


Hybrid nebo triploid?

www.frov.jcu.cz



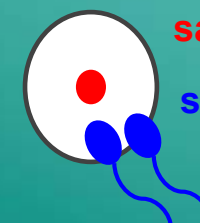
Kromě interspecifické / intergenerické hybridizace, vysoce polyploidní jeseteři mohou vznikat spontánní polyploidizací *de novo* v každé generaci



(paleo 6n) funkční 3n



2. polocyt; 1n
samičí pronukleus; 1n
samčí pronukleus; 1n



samičí pronukleus; 1n
samčí pronuklea; 2x 1n

?



RESEARCH ARTICLE

Open Access

Fertility of a spontaneous hexaploid male Siberian sturgeon, *Acipenser baerii*

Š Havelka^{1*}, Martin Hulák¹, Petr Ráb², Marie Rábová², Dietmar Lieckfeldt³, Arne Ludwig³, Marek Rodina¹,
d Gela¹, Martin Pšenička¹, Dmytro Bytyutskyi¹ and Martin Flajšhans¹

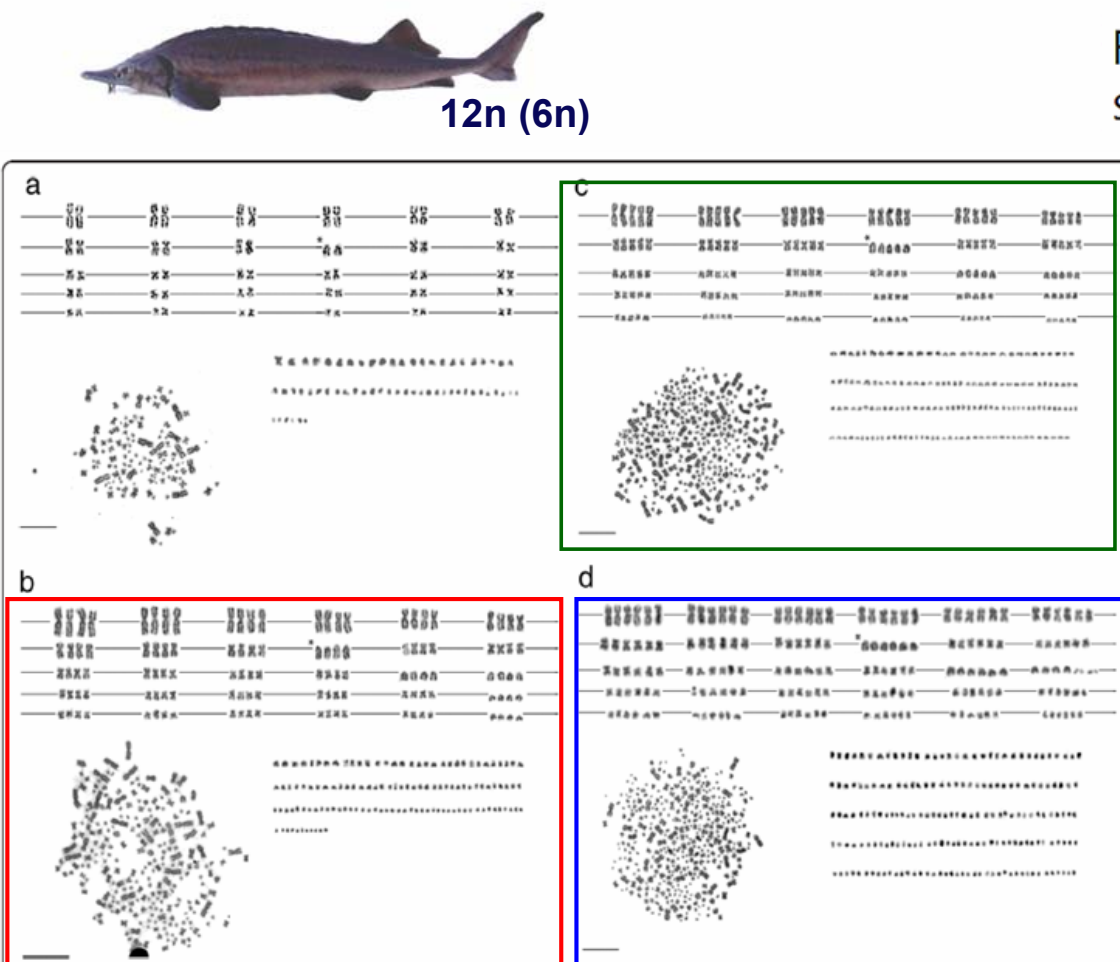


Figure 4 Metaphase cell and corresponding karyotype arranged from Giemsa-stained chromosomes of (a) sterlet *Acipenser ruthenus* (2n=120), (b) Siberian sturgeon *A. baerii* (2n~245), (c) hybrid of *A. baerii* (2n~245), x spontaneous hexaploid *A. baerii* (2n~368) resulting in (2n~300) and (d) spontaneous hexaploid *A. baerii* (2n~368); asterisks denotes „acipenserine” cytotoxic marker, i. e. the group of the largest acrocentric chromosomes. Bars equal 10 μm.

4n = 245 chromozómů

8.29 ± 0.05 pgDNA.jádro⁻¹

6n = 368 chromozómů

12.69 ± 0.43 pgDNA.jádro⁻¹



♀ 4n



♂ 6n

64.16 ± 2.60% líhnivost

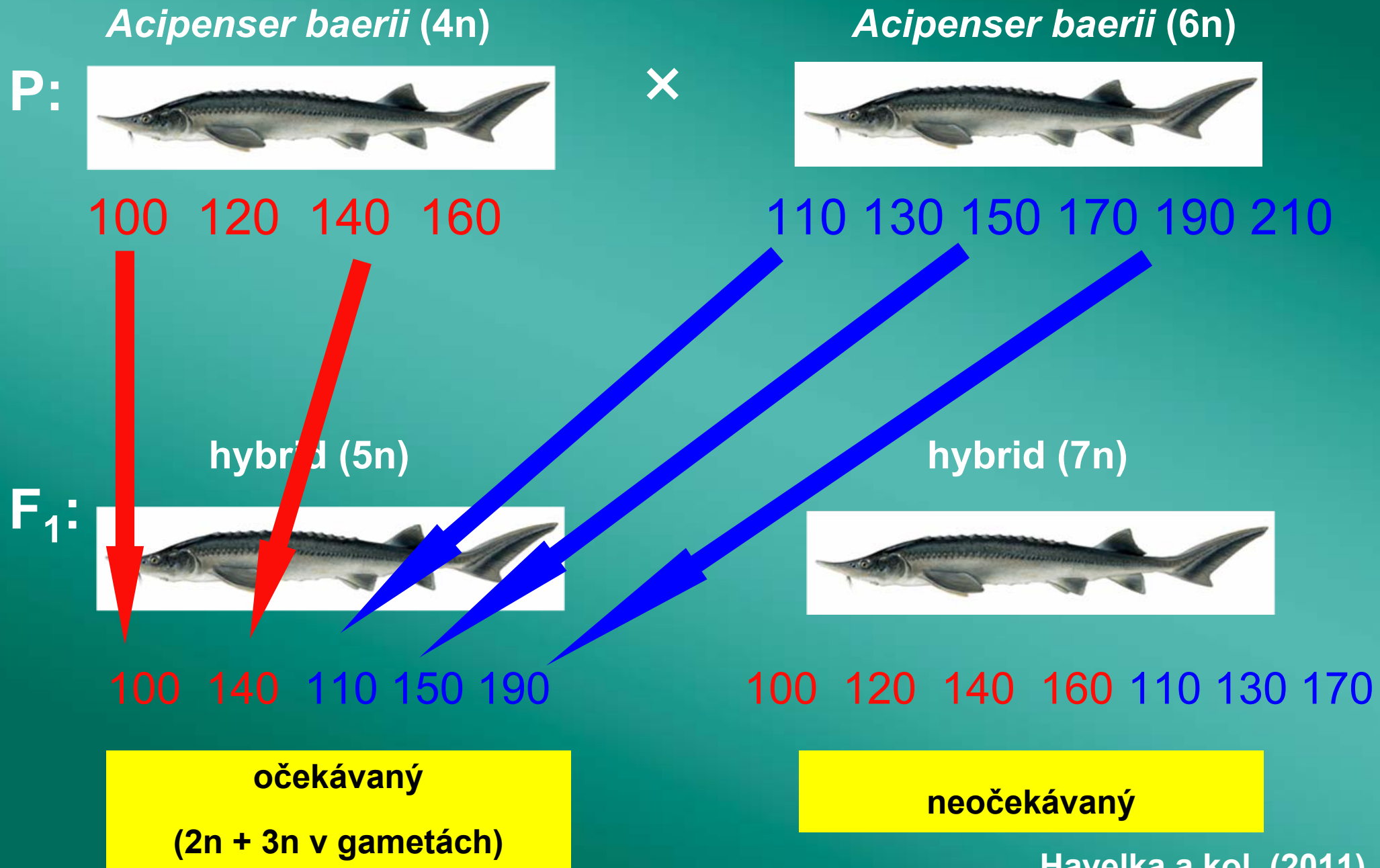


5n

5n = 300 chromozómů

8.99 ± 0.10 pgDNA.jádro⁻¹

Neočekávané úrovně ploidie



Neočekávané úrovně ploidie



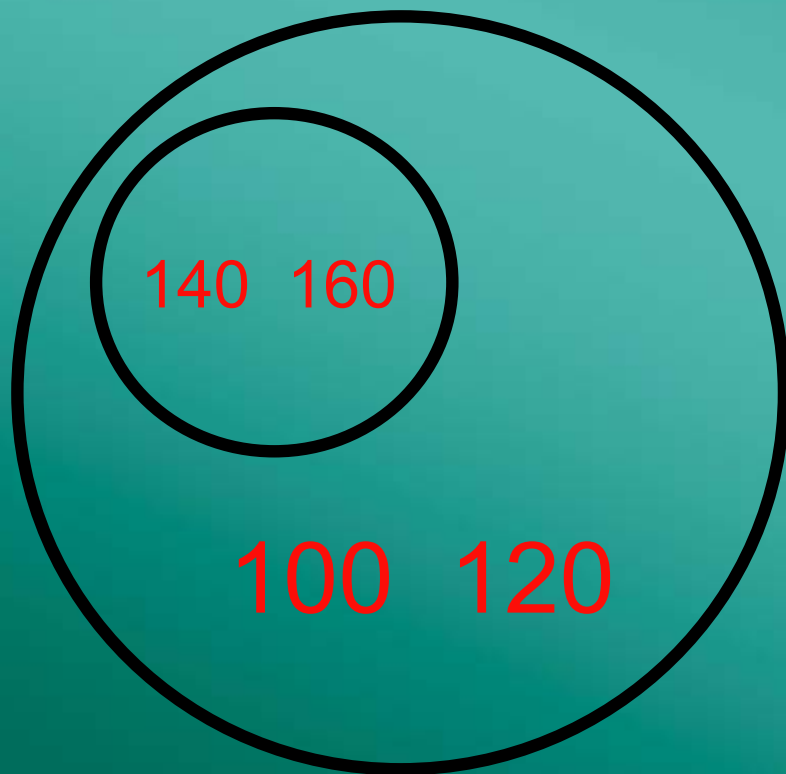
Acipenser baerii (4n)

x

Acipenser baerii (6n)

100 120 140 160

110 130 150 170 190 210



Neočekávané úrovně ploidie



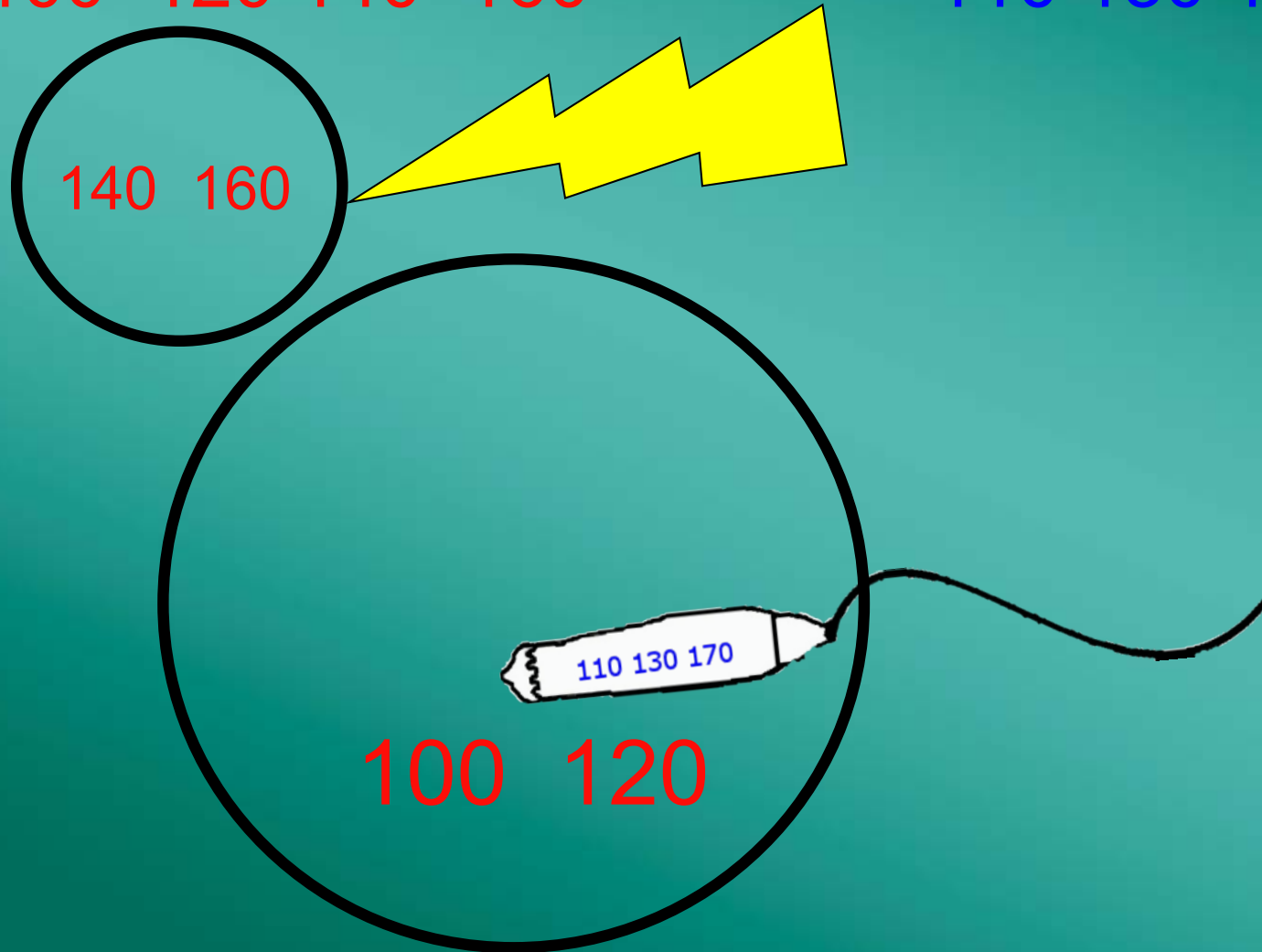
Acipenser baerii (4n)

x

Acipenser baerii (6n)

100 120 140 160

110 130 150 170 190 210



Neočekávané úrovně ploidie



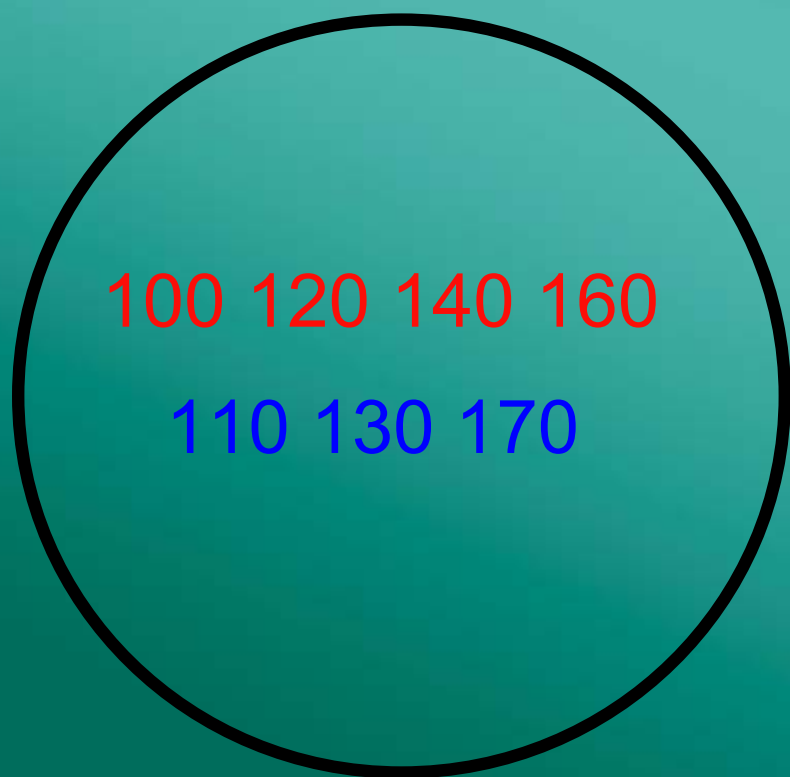
Acipenser baerii (4n)

100 120 140 160

x

Acipenser baerii (6n)

110 130 150 170 190 210



6-7 dní

A. baerii
(7n)

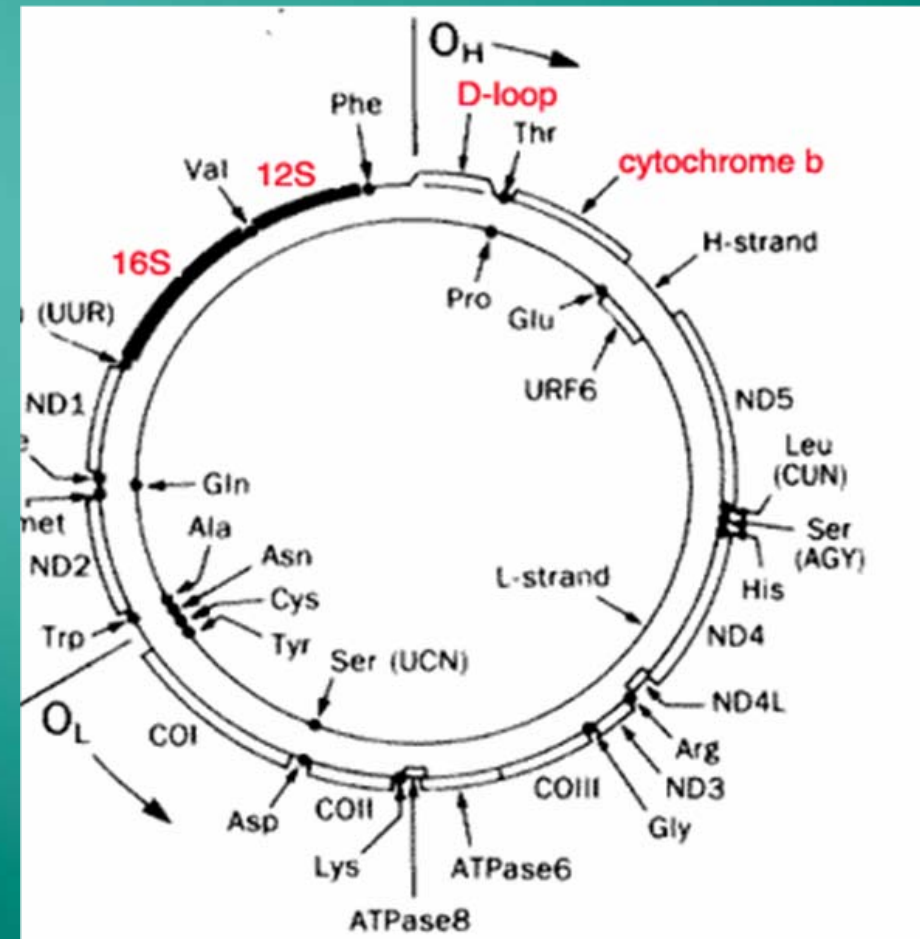


100 120 140 160 110 130 170

mitochondriální DNA



- Děděna po mateřské linii.
 - Studuje intraspecifickou (vnitrodruhovou) variabilitu.
 - Poskytuje užitečné informace pro management a řízení ochrany a vysazování (Fontana et al., 2001).
 - Nelze detekovat genové toky mezi populacemi ani intraspecifické hybridizace (Campton et al., 2000).
-
- první studie mtDNA –
 - restriction fragment length polymorphism (RFLP) na celkové mtDNA,
 - později sekvenování specifických regionů (control region, D-loop, cytochrome b, 12S a 16S rDNA geny).





Identifikace druhu:

záruka ochrany ohrožených druhů

Forenzní genetika: odhalení podvodných záměn druhů v obchodních produktech (levnější kaviár běžnějšího druhu dobarvován a vydáván za drahý kaviár vzácného druhu), falešná CITES osvědčení, identifikace zabaveného pašovaného kaviáru

značné úsilí věnováno identifikaci druhu v obchodně prodávaném kaviáru analýzou mitochondriálních markerů

DeSalle a Birstein (1996), Birstein a kol. (1998) navrhli metodu rozlišení kaviáru produkovaného hlavními třemi druhy (v. velká – beluga; j. ruský – osetra a j. hvězdnatý – sevruga) identifikací diagnostických nukleotidových pozic v genu cytochrome b z databáze sekvencí 20 z 25 žijících druhů jeseterovitých.

J. Appl. Ichthyol. 15 (1999), 12-16
© 1999 Blackwell Wissenschafts-Verlag, Berlin
ISSN 0175-8659

Molecular phylogeny of Acipenserinae and black caviar species identification.

By V. J. Birstein, P. Doukakis, and R. DeSalle

Molecular Laboratories, American Museum of Natural History, Central Park West at 79th Street, New York, NY 10024, USA



Identifikace druhu:

záruka ochrany ohrožených druhů

Forenzní genetika: odhalení podvodných záměn druhů v obchodních produktech (levnější kaviár běžnějšího druhu dobarvován a vydáván za drahý kaviár vzácného druhu), falešná CITES osvědčení, identifikace zabaveného pašovaného kaviáru

značné úsilí věnováno identifikaci druhu v obchodně prodávaném kaviáru analýzou mitochondriálních markerů

DeSalle a Birstein (1996), Birstein a kol. (1998) produkovaného hlavními třemi druhy (v. velká – *sevruga*) identifikací diagnostických nukleotidových sekvencí z databáze sekvencí 20 z 25 žijících druhů jesetů



J. Appl. Ichthyol. 15 (1999), 12-16
© 1999 Blackwell Wissenschafts-Verlag, Berlin
ISSN 0175-8659

Molecular phylogeny of Acipenserinae and black caviar species identification.

By V. J. Birstein, P. Doukakis, and R. DeSalle

Molecular Laboratories, American Museum of Natural History, Central Park West at 79th Street, New York, NY 10024, USA



Table 3. Types of species caviar misrepresentations in American shops. We could not discriminate between *Acipenser baerii*, *A. naccarii* or *A. persicus*

Supplier Designation	Name of supplier (shop)	Lot No.	Date of purchase	Assumed species	Species Identified
1. Beluga	Zabars	6	December 1995	<i>Huso huso</i>	<i>Acipenser stellatus</i>
	Citarella	12		<i>Huso huso</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
2. Sevruga	Marky's	72	December 1996	<i>Huso huso</i>	<i>A. gueldenstaedtii</i>
	Caviar Direct	54	April 1996	<i>A. stellatus</i>	<i>A. nudiventris</i>
	Caviar Aristoff	62	April 1996	<i>A. stellatus</i>	<i>Huso huso</i>
	Citarella	76	December 1996	<i>A. stellatus</i>	<i>Polyodon spathula</i>
	Balducci	95	December 1996	<i>A. stellatus</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
3. Osetra	Balducci	3	December 1995	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. nudiventris</i>
	Vinegar Factory	26	April 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. stellatus</i>
	Hansen-Sturm	41	April 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. schrenckii</i>
	Caviar Direct	53	April 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. transmontanus</i>
	Hansen-Sturm	79	December 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. transmontanus</i>
	Connoisseur Brands	66	December 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
	Marky's	72	December 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
	Hansen-Strum	78	December 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
	Grace's Marketplace	86	December 1996	<i>A. gueldenstaedtii</i>	<i>A. baerii</i> (or <i>A. naccarii</i> or <i>A. persicus</i>)
4. Eastern beluga	Balducci	4	December 1995	<i>H. dauricus</i>	<i>A. schrenckii</i>
	Marky's	71	December 1996	<i>H. dauricus</i>	<i>A. schrenckii</i>
5. American sturgeon	Balducci	1	December 1995	<i>A. transmontanus</i>	<i>A. gueldenstaedtii</i>
	Hansen-Strum	43	April 1995	<i>A. transmontanus</i>	<i>Huso huso</i>
	Hansen-Strum	81	December 1996	<i>A. transmontanus</i>	<i>Huso huso</i>
	Dean & Deluca	55	April 1995	<i>A. transmontanus</i>	<i>Polyodon spathula</i>



Identification of Acipenseriformes species in trade

Prepared by

Arne Ludwig

IUCN/ SSC Sturgeon Specialist Group

(Leibniz-Institute for Zoo and Wildlife Research Berlin,
Germany)

and

IUCN Species Programme

shrnutí
předností/nedostatků a
vhodnosti jednotlivých
metod k identifikaci
jeseterů a kaviáru

Shrnutí metod identifikace kaviáru



Table 5: Overview of the different methods and their relative suitability for species, population and source identification (+++++ = most valuable, + = less valuable), the necessity to include reference samples (yes or no) or the availability of data in public data sources (e.g. GenBank), and their estimated costs (low ≤ 10 €; medium ≤ 20 €; high > 20 € per sample).

Method	Species ID	Population ID	Source ID	Handling	Reference samples	Costs (only chemicals)	Time required
SSCP	+++	++++	+	+++	Yes	low	1 day
Nested-PCR	++++	+	+	+++++	No	low	4 hours
Sequencing	+++++	++++	+	+++++	Yes (GenBank)	high	1 day
PCR-RFLP	+++++	+	+	+++++	Yes (GenBank)	medium	5 hours
AFLP	+++	+++++	+	+++	yes	medium	1 day
RAPD	+	+	+	+	yes	low	4 hours
Microsatellites	++	+++++	+	+++++	Yes (publications)	medium	5 hours
Gas-chromatography	?	++++	++++	+	no	high	1 day

Kaviár z akvakultury díky krmení jeseterů krmnými směsmi pro lososovité obsahuje hodně omega-3 PUFA, které v přirozené potravě jeseterů chybí.



Based on this overview, sequencing, species-specific PCR and PCR-RFLP analyses based on mitochondrial DNA are found to be the most valuable for species identification. AFLP and microsatellite analyses are the most suitable techniques for population identification. Gas-chromatography has the greatest diagnostic power for source identification. However, sequencing and gas-chromatography analyses are expensive and time consuming, which make both methods unsuitable for the screening of large sample sets.