

Streszczenie

Składanie, adnotacja i porównanie genomów mutantów chemicznych ogórka (*Cucumis sativus* L.)

Mutagenеза chemiczna od kilku dekad stanowi źródło generowania zmienności będącej podstawą hodowli i otrzymywania nowych cech. Ze względu jednak na metodykę działania stanowi losową i słabo kontrolowaną technikę o mało znanym wpływie na strukturę DNA.

Celem niniejszej pracy było przyrównanie genomów 3 linii mutantów chemicznych: Sh, W19 i WSK do genomu linii wyjściowej B10 w celu wykrycia różnic na poziomie nukleotydowym powstałych w wyniku działania mutagenu. Uzyskano bazy danych 29 763 polimorfizmów dla Sh, 62 430 dla W19 i 20 326 dla linii WSK. Weryfikacja metodą Sanger'a potwierdziła poprawność predykcji na poziomie 0,91 PPV. Adnotacja strukturalna pozwoliła na identyfikację genów zawierających wykryte polimorfizmy w tym charakteryzujące się wysokim wpływem na sekwencje lub ekspresję genów, w których się znalazły. Adnotacja funkcjonalna z wykorzystaniem danych linii B10 oraz GO i COG, pozwoliły przypisać funkcje do genów oraz pogrupować wg terminów.

Otrzymane wyniki wskazują na generowanie znacznych zmian SNV na poziomie genomu w porównaniu do innych metod wprowadzania zmienności. Wykrycie wspólnych polimorfizmów pomiędzy dwoma i trzema liniami przemawia za obecnością miejsc w genomie, które są bardziej podatne na działanie czynnika mutagennego lub błędy systemu naprawczego DNA.

Słowa kluczowe: genomika porównawcza, polimorfizmy, mutagenеза, hodowla, ogórek, *Cucumis sativus*

Summary

Assembly, annotation and comparison of chemically induced cucumber (*Cucumis sativus* L.) mutants

For several decades, chemical mutagenesis has been a source of generating variability that is the basis for breeding and obtaining new traits. However, due to the methodology of operation, it is a random and poorly controlled technique with little-known impact on the DNA structure.

The aim of this study was to compare the genomes of 3 chemical mutant lines: Sh, W19 and WSK to the genome of the B10 line in order to detect differences at the nucleotide level resulting from the action of the mutagen. Databases of 29 763 polymorphisms for Sh, 62 430 for W19 and 20 326 for WSK line were obtained. Verification by the Sanger method confirmed the correctness of the prediction at the level of 0.91 PPV. The structural annotation allowed for the identification of genes containing the detected polymorphisms, including those characterized by a high impact on the sequences or expression of genes in which they were found. Functional annotation using B10, GO and COG line data allowed to assign functions to genes and group them according to terms. The obtained results indicate the generation of significant SNV changes at the genome level compared to other methods of introducing variation. The detection of common polymorphisms between two and three lines suggests the presence of sites in the genome that are more susceptible to the action of a mutagenic agent or errors in the DNA repair system.

Keywords: comparative genomics, polymorphisms, mutagenesis, breeding, cucumber, *Cucumis sativus*