NATURHISTORISKA RIKSMUSEET

NATURHISTORISKA RIKSMUSEET • FORSKAR, BEVARAR OCH FÖRKLARAR • NRM.SE

Centrum för genetisk identifiering

DNA analys av *Drakblomma (Dracocephalum ruyschiana)*

2026-06-16
683-2025

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

Att studera populationsstrukturen och den genetiska diversiteten hos populationer av drakblomma (*Dracodephalum ryschiana*) i Östergötland och Västra Götaland.

Redovisning av arbetsmetod

Vi vi analyserade 13 helgenom med ANGSD (Korneliussen et al. 2014) och undersökte populationsstrukturen med en Principal Component Analysis (PCA) med PCAngsd (Meisner et al. 2018) och Admixture (Alexander et al. 200). Vi uppskattade också heterozygositet med mlRho (Haubold et al. 2010). Lokaler för de analyserade proverna finns i tabell 1.

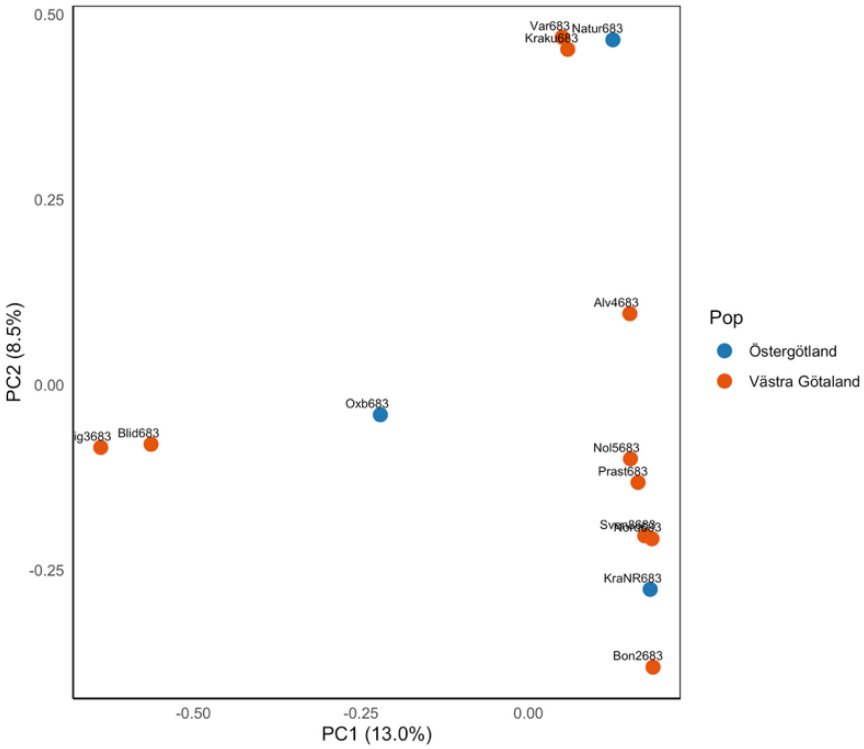
Resultatredovisning

Vi helgenomsekvenserade 13 *Dracodephalum ryschiana* prover och efter kvalitetsfiltrering och biallellokus med ANGSD erhöll vi totalt 2,813,715 SNP. PCA-analysen hittade stöd för två huvudkluster (Fig. 1), med en större grupp på höger sida av figuren och en annan på vänster sida (Blid683 och Hsig683). Dessutom fanns det ett exemplar (Oxb683) som var mellanliggande till dessa två grupper, vilket potentiellt indikerar att det är en hybrid mellan de två genetiska klustren. Värt att notera är att längs PC2-axeln så grupperar proverna från Naturcentrum, Östergötland med Varholmen och Knätte kullar från Västergötland.
För övrigt är Varholmen och Knätte kullar genetiskt lika och har även en liknande genetisk diversitet. Även Svennagården och Nordtorpet är genetiskt lika (Fig.1).
Blandningsanalys (Fig. 2) gav samma bild som PCA-resultaten med två huvudkluster och en möjlig hybrid (Oxb683).

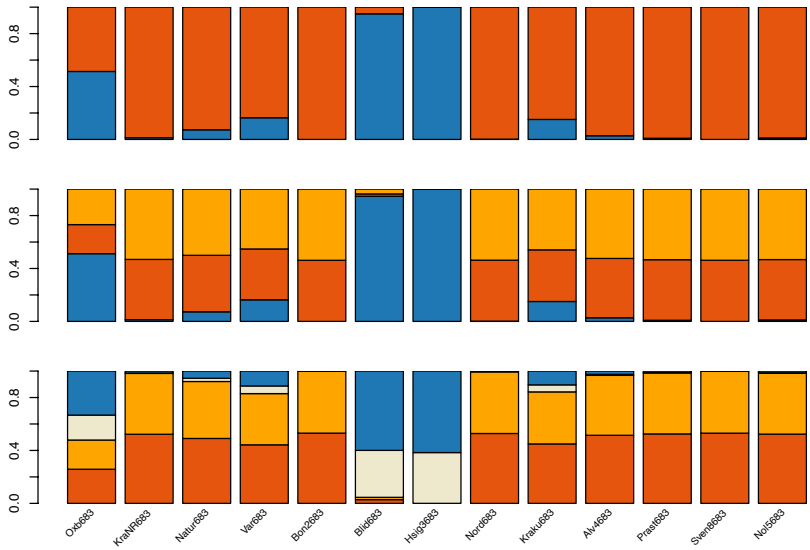
Vi beräknade genetisk diversitet som heterozygositet (tabell 2) och fann liten skillnad mellan prover med ett genomsnitt på 11,5 heterozygota positioner per 1 000 baspar (bp). Hsig3683 (Västra Götaland) hade den lägsta heterozygositeten med 9,9 heterozygota positioner per 1 000 bp och Kråkeryds NR hade det högsta värdet, 12,6 heterozygota positioner per 1 000 bp.

Tabell 1. Information om provID och lokaler av drakblomma.

ProvID	Lokal	Län
KraNR683	Kråkeryds NR	Östergötland
Natur683	Naturcentrum	Östergötland
Oxb683	Oxbåset	Östergötland
Bon2683	Bondegården 2	Västra Götaland
Hsig3683	Humla Siggagården 3	Västra Götaland
Kraku683	Knätte kullar 1	Västra Götaland
Nol5683	Nolgården Näs 5	Västra Götaland
Var683	Varholmen	Västra Götaland
Blid683	Blidsberg	Västra Götaland
Nord683	Nordtorpet	Västra Götaland
Alv4683	Alvared 4	Västra Götaland
Prast683	Prästbolet, Vartofta-Åsaka	Västra Götaland
Sven8683	Svennagården 8	Västra Götaland



Figur 1. Principal Component Analysis (PCA) för *Dracodephalum ryschiana*.



Figur 2. Blandningsanalys (admixture plot) som visar inblandningsandel av varje *Dracodephalum ryschiana* individ. Varje stapel representerar en individ och färgerna visar proportionen tillhörighet till de olika genetiska klustren (K). Den övre panelen visar resultat för K=2, panel i mitten visar resultat för K=3 och den undre panelen visar resultat för K=4. K=2 har störst statistiskt stöd.

Tabell 2. Individuell heterozygositet (het. sites / 1000bp) för *Dracodephalum ryschiana*.

Population	prov_ID	Enskildhet. (het sites/1000bp)
Östergötland	Oxb683	11.3
Östergötland	KraNR683	12.6
Östergötland	Natur683	12
Västra Götaland	Var683	11.6
Västra Götaland	Bon2683	12.2
Västra Götaland	Blid683	11.3
Västra Götaland	Hsig3683	9.9
Västra Götaland	Nord683	11.2
Västra Götaland	Kraku683	11.7
Västra Götaland	Alv4683	11.7
Västra Götaland	Prast683	11.8
Västra Götaland	Sven8683	11.5
Västra Götaland	Nol5683	11.4

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

Niclas Gyllenstrand
Intendent

Nicolas Dussex
Analytiker

Referenser

Korneliussen, T.S., Albrechtsen, A. and Nielsen, R. (2014). ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data. *BMC Bioinformatics*, 15, 356.

Alexander, D. H., Novembre, J. & Lange, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. Genome Res. 19, 1655–1664 (2009).

Meisner, J. and Albrechtsen, A. (2018). Inferring Population Structure and Admixture Proportions in Low-Depth NGS Data. *Genetics*, 210(2), 719–731.

Haubold, B., Pfaffelhuber, P. & Lynch, M. mlRho - a program for estimating the population mutation and recombination rates from shotgun-sequenced diploid genomes. Mol. Ecol. 19, 277–284 (2010).