

Data: Evolution av koppartolerans i den marina kiselalgsarten *Skeletonema marinoi*

SND-ID: 2023-47-1. **Version:** 1. **DOI:** <https://doi.org/10.5878/7eww-g857>

Ladda ner data

All_strains.txt (375.17 KB)

CuMetabolism_SM_short.txt (19.21 KB)

DRCpredictions.txt (30.98 KB)

Fitness.txt (12.1 KB)

GP_lowCu_norm.csv (97.74 KB)

PAM_short.txt (5.76 KB)

PIPT_1value.txt (2.78 KB)

PIPT_EC50.txt (4.22 KB)

PIPT_wholeExp.txt (83.99 KB)

VG_lowCu_norm.csv (81.34 KB)

Tillhörande dokumentation

Cu_evolution.zip (48.73 MB)

Datafile_descriptions.md (9.39 KB)

README.md (4.86 KB)

Ladda ner alla filer

2023-47-1-1.zip (~49.45 MB)

Citering

Andersson, B. (2023) Data: Evolution av koppartolerans i den marina kiselalgsarten *Skeletonema marinoi* (Version 1) [Dataset]. Göteborgs universitet. Tillgänglig via: <https://doi.org/10.5878/7eww-g857>

Alternativ titel

Live2tell

Skapare/primärforskare

[Björn Andersson](#) - Göteborgs universitet, Institutionen för marina vetenskaper

Forskningshuvudman

[Göteborgs universitet](#) - Institutionen för marina vetenskaper

Beskrivning

Detta projekt undersöker om, och hur, samtida populationer av kiselalgsarten *Skeletonema marinoi* har utvecklats som svar på gruvföroreningar. Provtagningslokalerna är två fjärdar i Östersjön, där en, Gåsfjärden (VG: 57°34.35'N, 16°34.98'E), har påverkats av gruvföroreningar i ca. 400 år medan den andra, Gropviken (GP: 58°19.92'N 16°42.35'E), inte har gjort det. Olika strains isolerades och genomet

sekvenserades för 55 individuella strains, och de var fenotypiskt karaktäriserade i termer av specifik tillväxthastighet och toxisk dos-respons till koppar (6-12 μM Cu). Ett artificiellt evolutionsexperiment genomfördes genom att sätta ihop 28 och 30 strains från de två populationerna separat och låta dem evolvera med och utan toxisk Cu-stress om 8,65 μM koppar, motsvarande den koncentration som hämmar referens-strainen RO5AC:s specifika tillväxthastighet med 50 % i akuta toxiska tester (Andersson et al. 2020: DOI: 10.1016/j.aquatox.2020.105551). En nyligen utvecklad 523 bp lång strain-specifik metabarcoding-locus (*Sm_C12W1*: <https://github.com/topel-research-group/Live2Tell>) användes för att spåra urvalsprocessen. Detta locus är beläget på contig 12 av S. marinoi, inuti en pentatricopeptid (PPR)-repetiterande region av genen Sm_t00009768-RA, som kodar för ett RNA-bindande protein. Lokuset har 38 SNP-positioner bland de 58 strainarna som används i denna studie och 110 unika alleler med 100 % heterozygositet, inklusive två triploida/aneuploida strainar. Utfallet av experimentet kontrasteras mot en selektionsmodell beräknad enligt Andersson et al. 2022 (DOI: 10.1038/s41396-021-01092-9). Data och analyser här inkluderar rådata och R-skript. Sekvenseringsdata bearbetas eller ingår inte, men finns tillgänglig på NCBI hemisida under BioProject: PRJNA939970. Amplikonsekvenseringsdata har analyseras enligt beskrivningen/koden i <https://github.com/topel-research-group/Bamboozle/wiki/Bamboozle-Part-2:-Barcode-Quantification>. Kod finns medpaketerad i arkivet Cu_evolution.zip. För mer detaljerad information om data och koder, se README.md-filer som är associerade med varje steg i analysen. De fyra analysstegen anholder relevant input data och kan köras separat.

Se den engelska versionen av databeskrivningen för detaljer och resurser för reproduktion av analysen.

Data innefattar personuppgifter

Nej

Språk

[Engelska](#)

Tidsperiod(er) som undersökts

2018-09-28 – 2023-02-20

Dataformat / datastruktur

[Numeriska](#)

Arter och taxon

[Skeletonema marinoi](#)

Geografisk utbredning

Geografisk plats: [Östersjön](#)

Geografisk beskrivning: Studien omfattar två fjärdar belägna på den svenska östkusten av Östersjön. Mellan den 27-28 juni 2017 provades sediment från två fjärdar, Gropviken (GP17; 58°19.92N 16°42.35'E) och Gåsfjärden (VG17; 57°34.35'N 16°34.9'E). Gåsfjärden har påverkats av gruvdrift från Solstads gruva från ca. 1600-talet till 1920-talet.

Ansvarig institution/enhet

Institutionen för marina vetenskaper

Övriga forskningshuvudmän

[Lunds universitet](#)

Medverkande

Helena L. Filipsson - Lunds universitet, Geologiska institutionen

Olga Kourtchenko - Göteborgs universitet, Institutionen för marina vetenskaper

Anna Godhe - Göteborgs universitet, Institutionen för marina vetenskaper

Lara Hoepfner - Münsters universitet, Institut für Biologie und Biotechnologie der Pflanzen

Matthew I M Pinder - Göteborgs universitet, Institutionen för marina vetenskaper

Mats Töpel - IVL Svenska Miljöinstitutet

Kerstin Johannesson - Göteborgs universitet, Institutionen för marina vetenskaper

Olof Berglund - Lunds universitet, Biologiska institutionen

Finansiering 1

- Finansiär: Stiftelsen Oscar och Lili Lamms Minne
- Diarienummer hos finansiär: FO2018-0042
- Projektnamn på ansökan: Framtidens landskap är beroende av sina samhällen – hur anpassas ett växtplanktonsamhälle till metall

Finansiering 2

- Finansiär: Forskningsrådet för miljö, areella näringar och samhällsbyggande (FORMAS)
- Diarienummer hos finansiär: 2016-00594
- Projektnamn på ansökan: Sedimentet berättar: Hur har växtplankton anpassats till miljögifter under de senaste 150 åren

Forskningsområde

[Miljövetenskap](#) (Standard för svensk indelning av forskningsämnen 2011)

[Mikrobiologi](#) (Standard för svensk indelning av forskningsämnen 2011)

[Genetik](#) (Standard för svensk indelning av forskningsämnen 2011)

Nyckelord

[Koppar](#), [Kiselalger](#), [Gruvavfall](#), [Fytoplankton](#), [Ackumulering av miljöföroreningar](#), [Evolution \(development\)](#), [Metabarcoding](#)

Publikationer

Andersson, B., Berglund, O., Filipsson, H. L., Kourtchenko, O., Godhe, A., Johannesson, K., Töpel, M., Pinder, M. I. M., Hoepfner, L., & Rengefors, K. (2023). Strain-specific metabarcoding reveals rapid evolution of copper tolerance in populations of the coastal diatom *Skeletonema marinoi*. *Molecular Ecology*, online ahead of print 2023-09-11.

DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.17116>

Pinder, M. I. M., Andersson, B., Rengefors, K., Blossom, H., Svensson, M. & Töpel, M. (2023). Bamboozle: A bioinformatic tool for identification and quantification of intraspecific barcodes. *bioRxiv*. Version 2, 2023-04-13.

DOI: <https://doi.org/10.1101/2023.03.16.532925>

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Point (Lon/Lat)

16.705394, 58.333108

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Point (Lon/Lat)

16.583831, 57.577724

Tillgänglighetsnivå

Åtkomst till data via SND

Data är fritt tillgängliga

Användning av data

[Att tänka på vid användning av data som delas via SND](#)

Licens

[CC BY 4.0](#)

Versioner

Version 1. 2023-07-04

Hemsida

[Git-repositorium som innehåller analyskoden](#)

Kontakter för frågor om data

Björn Andersson

anderssonbjorn1985@gmail.com

Karin Rengefors

karin.rengefors@biol.lu.se

Denna resurs har följande relationer

Är härledd från [Amplicon-sekvenseringsdata av Sm_C12W1-locuset och helgenomsekvenseringsdata](#)

[for stammarna](#)

Kräver [Git-repositorium med kod som analyserar Amplicon-sekvenseringsdatan](#)

Relaterade forskningsdata i SND:s katalog

[Dataset: Kontamineringsrisker vid sediment-baserat återupplivande av växtplankton](#)

Ladda ner metadata

[DataCite](#)

[DDI 2.5](#)

[DDI 3.3](#)

[DCAT-AP-SE 2.0](#)

[JSON-LD](#)

[PDF](#)

[Citation \(CSL\)](#)

[Filöversikt \(CSV\)](#)

Publicerad: 2023-07-04

Senast uppdaterad: 2023-09-26