

Wstęp

Identyfikacja odmian ziemniaka jest stosunkowo trudna z powodu dużego podobieństwa fenotypowego, zwłaszcza na poziomie bulw. Tożsamość odmiany może być określona za pomocą zespołu cech morfologicznych (np. pokrój rośliny, kolor i kształt bulw, liści, kielków, kwiatów, głębokość i kształt oczek, faktura skórki) czy fizjologicznych (np. długość okresu spoczynku). Takie podejście wymaga jednak analizy całych roślin na różnych etapach ich rozwoju fizjologicznego. Niestety, na fenotyp duży wpływ mogą mieć także biotyczne i abiotyczne czynniki środowiska np. typ gleby, sposób uprawy i nawożenia czy infekcje patogenami. Identyfikację można również prowadzić na podstawie analiz białek. Niestety, możliwa jest ona wyłącznie w okresie sierpień-marzec, kiedy w bulwach występuje odpowiednio wysoki poziom ekspresji tych cząsteczek.

Celem niniejszych badań było opracowanie technologii analiz DNA umożliwiającej szybką, tanią i jednoznaczną identyfikację odmian na podstawie badań dowolnej części rośliny, na każdym etapie jej rozwoju, dostępnej przez cały rok kalendarzowy.



Rys. 1. Wysokie podobieństwo fenotypowe odmian ziemniaka utrudnia identyfikację roślin (na zdjęciu osobniki reprezentujące 50 odmian).

Materiały i metody

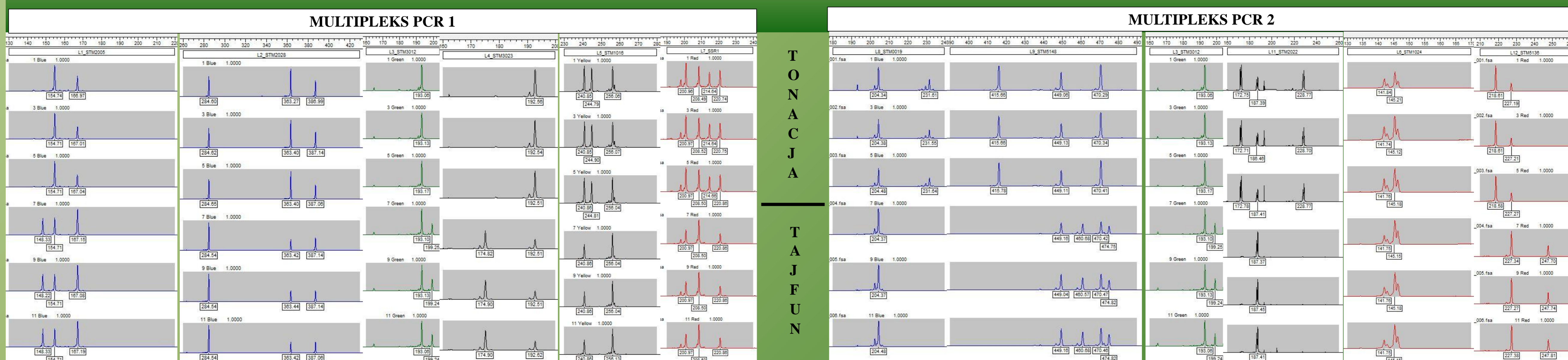
Materiałem do badań były liście 80 odmian ziemniaka z katalogu Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) zdeponowane w Banku Genów Ziemniaka w IHAR Bonin. Izolację DNA przeprowadzono za pomocą zestawu GeneMATRIX PLANT & FUNGI (EURx). Amplifikację sekwencji mikrosatelitarnych przeprowadzono metodą PCR, wykorzystując startery znakowane fluorescencyjnie. Produkty amplifikacji były rozdzielane na automatycznym analizatorze DNA - ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems).

Wyniki

Opracowano dwie reakcje typu multipleks PCR, umożliwiające jednoczesną analizę 12 loci mikrosatelitarnych.

Ustalono unikalne i jednoznaczne profile genetyczne 80 odmian ziemniaka (tzw. genetyczne odciski palców).

Stworzono bazę danych zawierającą genotypy odmian ziemniaka uprawianych w Polsce, z aktualnego katalogu Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU).



Rys. 2. Profile genetyczne odmian TONACJA (3 osobniki) i TAJFUN (3 osobniki) w 12 loci mikrosatelitarnych amplifikowanych w dwóch reakcjach multipleks PCR.

Wnioski

1. Opracowano technologię molekularnej identyfikacji odmian ziemniaka w oparciu o analizy DNA.
2. Pozwala ona na identyfikację dowolnej części ziemniaka, zarówno podziemnej (bulwa, korzeń) jak i naziemnej (łodyga, liść).
3. Ustalono unikalne profile genetyczne podstawowych odmian uprawianych w Polsce.
4. Profile genetyczne zebrano w bazie danych, która wykorzystywana jest w procedurze identyfikacyjnej.
5. Istnieje możliwość zastosowania tych samych procedur laboratoryjnych dla innych odmian, poszerzając tym samym możliwości praktycznego wykorzystania opracowanej technologii.