Metodyka:

- **Klasyczne markery molekularne DNA**
  analiza długości fragmentów:
  ISSR, SSR, SRAP
- **Analiza zmienności typu SNP i InDel**
  sekwencjonowanie metodą sanger'a
  Sekwencjonowanie NGS Illumina
- **Określanie poziomu ploidalności**
  cytometria przepływowa

Publikacje:

- ***Boczkowska M., Łapiński B., Kordulasińska I., Dostatny D. F., Czembor J. H. 2016.*** *Promoting the Use of Common Oat Genetic Resources through Diversity Analysis and Core Collection Construction. PLoS ONE 11(12): e0167855.*
- ***Boczkowska M., Wolko B., Dostatny D. F., 2016.*** *Morphological, isoenzymatic and ISSRs-based description of diversity of eight sand oat (Avena strigosa Schreb.) landraces. Genet. Resour. Crop Evol.; pp. 1-14.*
- ***Boczkowska, M., & Onyśk, A. 2016.*** *Unused genetic resources: a case study of Polish common oat germplasm. Annals of Applied Biology DOI: 10.1111/aab.12289*

Badania molekularne prowadzone są w ramach Programu Wieloletniego pt. „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju" koordynowanego przez IHAR-PIB, finansowanego przez MRiRW

Kontakty:

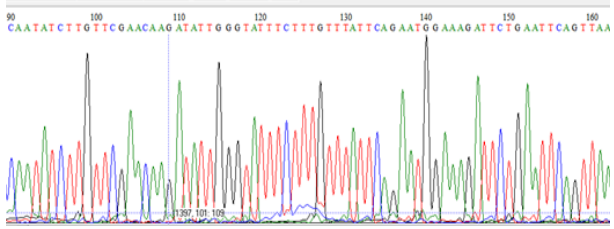
prof. dr hab. Jerzy H. Czembor:
j.h.czembor@ihar.edu.pl

mgr Joanna Noceń
j.nocen@ihar.edu.pl
dr inż. Aleksandra Pietrusińska
a.pietrusinska@ihar.edu.pl
mgr Urszula Piechota
u.piechota@ihar.edu.pl

http://bankgenow.edu.pl/

BADANIA MOLEKULARNE NA RZECZ BANKU GENÓW

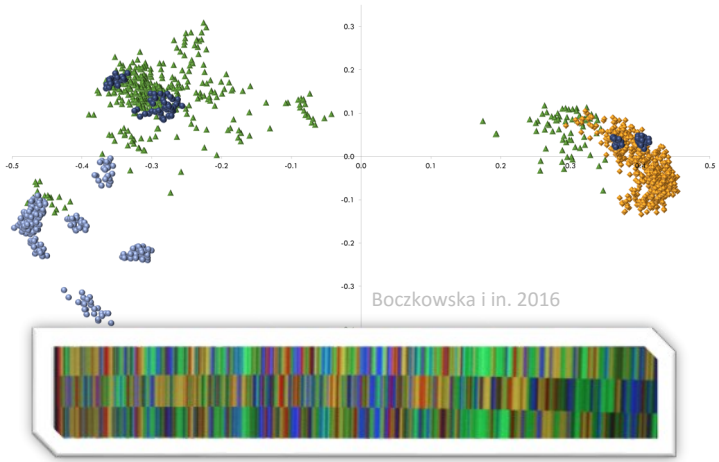
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
IHAR-PIB RADZIKÓW
KRAJOWE CENTRUM ROŚLINNYCH ZASOBÓW GENOWYCH - KCRZG



Laboratorium molekularne w KCRZG zapewnia badawcze zaplecze Banku Genów. Analizy molekularne wspierają kuratorów kolekcji, są pomocne przy monitoringu przechowywania i regeneracji obiektów oraz wspomagają wykorzystanie zasobów genowych do badań naukowych i hodowli.

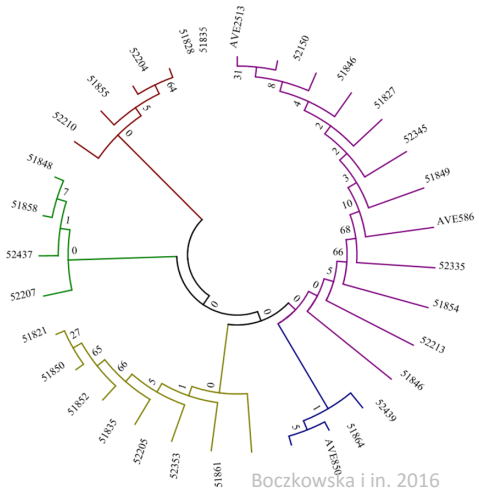
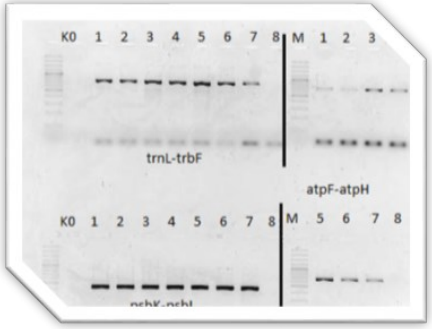
➢ zróżnicowanie genetyczne

Zmienność genetyczna stanowi podstawę bioróżnorodności. Wiedza na temat zmienności genetycznej przekłada się na tworzenie skutecznych programów ochrony zasobów genowych i opracowanie optymalnych strategii programów hodowlanych.



➢ sekwencjonowanie NGS

Od 2017 roku laboratorium KCRZG posiada **sekwenator następnej generacji Illumina MiSeq.** Narzędzie otwiera nowe szerokie możliwości analizy akcesji zgromadzonych w Banku Genów, tj.: wysokoprzepustowe genotypowanie przez sekwencjonowanie, opisanie nowych polimorfizmów SNP, InDel, SSR, zwielokrotnienie ilości weryfikowanych obiektów, wysoce wiarygodną klasyfikację. Upełnienie danych paszportowych o wyniki otrzymane na platformie Illumina umożliwi ich przyrównanie do światowych kolekcji.

➢ taksonomia i identyfikacja gatunków

Kiedy oznaczanie fenotypowe jest niejednoznaczne, klasyfikacja taksonomiczna obiektów oraz określenie przynależności gatunkowej odbywa się na podstawie analiz DNA.
Właściwa klasyfikacja obiektów z Banku Genów ułatwia współpracę z hodowcami i naukowcami.
DNA-barcoding - metoda taksonomii molekularnej bazująca na sekwencjonowaniu krótkich fragmentów DNA gatunkowo-specyficznych.