

Przydatność technologii Sekwencjonowania Nowej Generacji (NGS) w kolekcjach Banków Genów

*Anna Smolarska, Joanna Noceń, Kinga Smolińska,
Jerzy H. Czembor*

*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli
i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
a.smolarska@ihar.edu.pl, j.nocen@ihar.edu.pl*

Pod koniec 2016r. Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych zostało wyposażone w urządzenie do sekwencjonowania DNA typu NGS (*ang.* Next Generation Sequencing – Sekwencjonowanie Nowej Generacji). Technologia NGS umożliwia analizę różnych fragmentów DNA reprezentowanych przez wiele kopii w trakcie trwania jednej reakcji. W efekcie zwiększona zostaje nie tylko liczba badanych prób, ale także wiarygodność otrzymanych wyników sekwencjonowania. W porównaniu z wykorzystywanym dotychczas sekwenatorem kapilarnym, koszty oraz czas przeprowadzania reakcji w przeliczeniu na jednostkę uzyskanej informacji są wielokrotnie niższe.

Ze względu na niskie zróżnicowanie cech morfologicznych gatunków w obrębie rodzaju *Avena*, prawidłowa identyfikacja obiektów na tej podstawie jest bardzo problematyczna. Sekwenator MiSeq Illumina stosowany jest w laboratorium molekularnym do weryfikacji taksonomicznej obiektów zaklasyfikowanych do tego rodzaju, wchodzących w skład kolekcji KCRZG. Umożliwia to uwiarygodnienie informacji opisujących poszczególne obiekty z rodzaju *Avena*, usunięcie z Banku duplikatów obiektów, a w przyszłości identyfikację akcesji przynależących do innych rodzajów.

Wystąpienie opisze zasadę działania systemu MiSeq Illumina oraz przedstawi korzyści płynące z pracy na takim urządzeniu i pierwsze efekty identyfikacji obiektów z Banku Genów KCRZG.