

Nowoczesne technologie genotypowania wykorzystywane w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB

Urszula Piechota, Aleksandra Pietrusińska, Jerzy H. Czembor
*Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli
i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie
j.h.czembor@ihar.edu.pl*

Zadaniem Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB jest zbadanie bioróżnorodności obiektów z bogatej (ponad 83 000 numerów akcesyjnych) kolekcji Banku Genów IHAR PIB. Poznanie i opisanie zmienności genetycznej zgromadzonych materiałów jest ważne z punktu widzenia konserwatorskiego oraz hodowlanego. W KCRZG prace molekularne koncentrują się na określeniu przynależności gatunkowej, zróżnicowania i powiązania filogenetycznego zgromadzonych kolekcji 2 500 obiektów z rodzaju *Avena* oraz na identyfikacji uwarunkowań genetycznych i opracowania markerów użytkowych dla cech gospodarczych w zgromadzonych 4 000 prymitywnych odmianach miejscowych jęczmienia z całego świata.

W KCRZG wykorzystuje się szeroki zakres metod analizy genotypów. Używane są markery klasyczne oparte na zróżnicowaniu długości fragmentów DNA otrzymanych po reakcji PCR. Analizy są wykonywane z użyciem własnego zaplecza sprzętowego. KCRZG posiada sekwenatory płytowe oraz sekwenator kapilarny. Od 2016 laboratorium jest zaopatrzone również w sekwenator następnej generacji Illumina Miseq. Posiadanie wysokiej klasy sprzętu NGS (ang. *Next Generation Sequencing*, sekwencjonowanie następnej generacji) otwiera nowe możliwości i minimalizuje ograniczenia badawcze.

Na prezentowanym posterze przedstawione zostanie spektrum technik genotypowania wykorzystywanych w laboratorium Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR PIB. Autorzy przedstawią również zastosowania prezentowanych metod oraz przykładowe uzyskiwane wyniki. Zostaną też nakreślone możliwości badawcze i przyszły zakres analiz wynikający z posiadania sekwenatora NGS.