

JOANNA NOCEN  
KINGA SMOLIŃSKA  
JERZY H. CZEMBOR

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB w Radzikowie, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych  
j.nocen@ihar.edu.pl

## Klasyfikacja taksonomiczna akcesji pochodzących z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych — porównanie metod molekularnych\*

### Taxonomic classification of accession from the National Center for Plant Genetic Resources — simile of molecular methods

Charakterystyka taksonomiczna opiera się na obserwacjach morfologicznych, anatomicznych, badaniach cytologicznych oraz molekularnych.

W laboratorium molekularnym Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie stosuje się dwie metody pozwalające na identyfikację taksonomiczną obiektów znajdujących się w przechowalni długoterminowej KCRZG. Pierwszą metodą jest DNA barcoding, czyli wybór markerów molekularnych, które pozwalają na szybką identyfikację gatunku na podstawie sekwencji DNA. Metoda ta bazuje na sekwencjonowaniu określonych fragmentów DNA o długości około 400–800 pz. Standardowo w identyfikacji gatunków roślinnych wykorzystuje się trzy plastydowe regiony (*rbcL*, *matK* oraz *trnH-psbA*) i jeden region DNA jądrowego (ITS). Druga metoda oparta jest o sekwencjonowanie nowej generacji, w wykorzystaniu sekwenatora MiSeq Illumina. Metoda bazuje na losowym wyborze fragmentów o długości od 400-600 pz z genomowego DNA, sekwencjonowaniu ich oraz porównywaniu z genomami referencyjnymi oraz między sobą.

W 2017 r do badań wykorzystano, łącznie 76 obiektów z rodzaju *Avena* z przechowalni długoterminowej KCRZG oraz 34 obiekty sprowadzone z zagranicznych banków genów

---

\* Prace zostały wykonane w ramach programu wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR — PIB a finansowanego przez MRiRW.

jako materiał referencyjny. Osiągnięte wyniki wskazują na większą dokładność metody z wykorzystaniem technik NGS. Obie metody pozwoliły na poprawne scharakteryzowanie 6 obiektów, które zostały błędnie sklasyfikowane na podstawie obserwacji fenotypowej. Dla 4 obiektów stwierdzono ich poprawną przynależność gatunkową oraz poddano wątpliwości 2 obiekty, które wymagają dokładniejszej diagnostyki molekularnej.