

Ocena zróżnicowania genetycznego odmian winorośli zgromadzonych w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach przy użyciu technik analizy DNA

Anna Lisek i Jerzy Lisek

Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice
e-mail: anna.lisek@inhort.pl

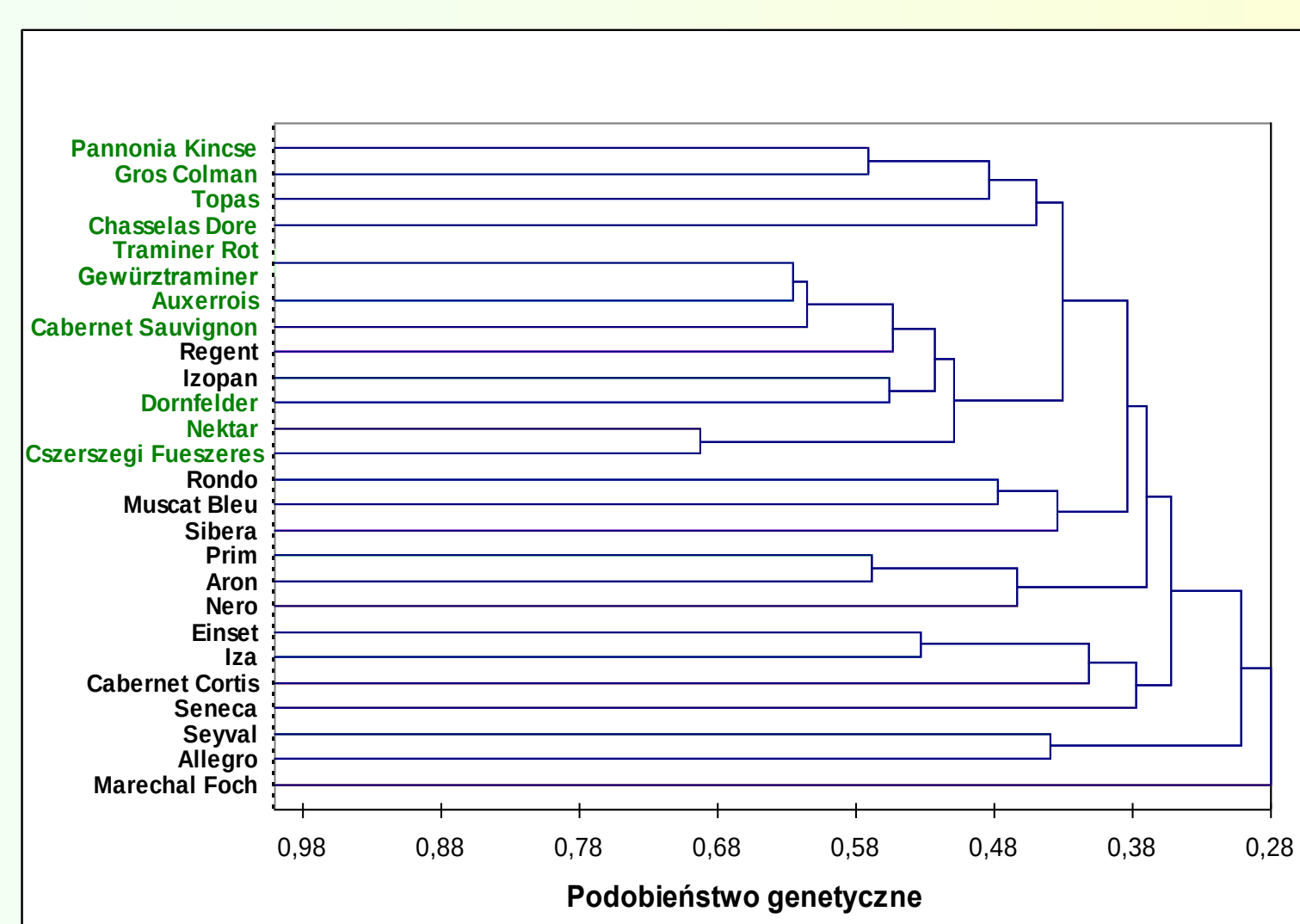


CEL BADAŃ

Kolekcja odmian winorośli prowadzona w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach liczy aktualnie 315 taksonów i jest stale uzupełniana o nowe genotypy. Prawidłowa identyfikacja zgromadzonych odmian, klonów i form na podstawie cech fenotypowych jest utrudniona, gdy identyczne taksony występują pod różnymi nazwami (synonimy) lub różne taksony określane są tą samą nazwą (homonimy). Zastosowanie markerów DNA umożliwia szybkie i precyzyjne określenie odrębności zgromadzonych taksonów niezależnie od warunków środowiska oraz określenie ich zróżnicowania genetycznego. Techniki ISSR i REMAP są przydatne do tego celu, ponieważ są proste, szybkie, powtarzalne, ekonomiczne i były stosowane do oceny zróżnicowania genetycznego gatunków należących do *Vitis* spp. (D'Onofrio i in. 2010; Jing and Wang 2013). Przedmiotem pracy było odróżnienie 26 odmian winorośli należących do *Vitis vinifera* L. lub do mieszańców międzygatunkowych i między-wewnątrzgatunkowych *Vitis* spp. przy użyciu technik ISSR i REMAP.

MATERIAŁ I METODY

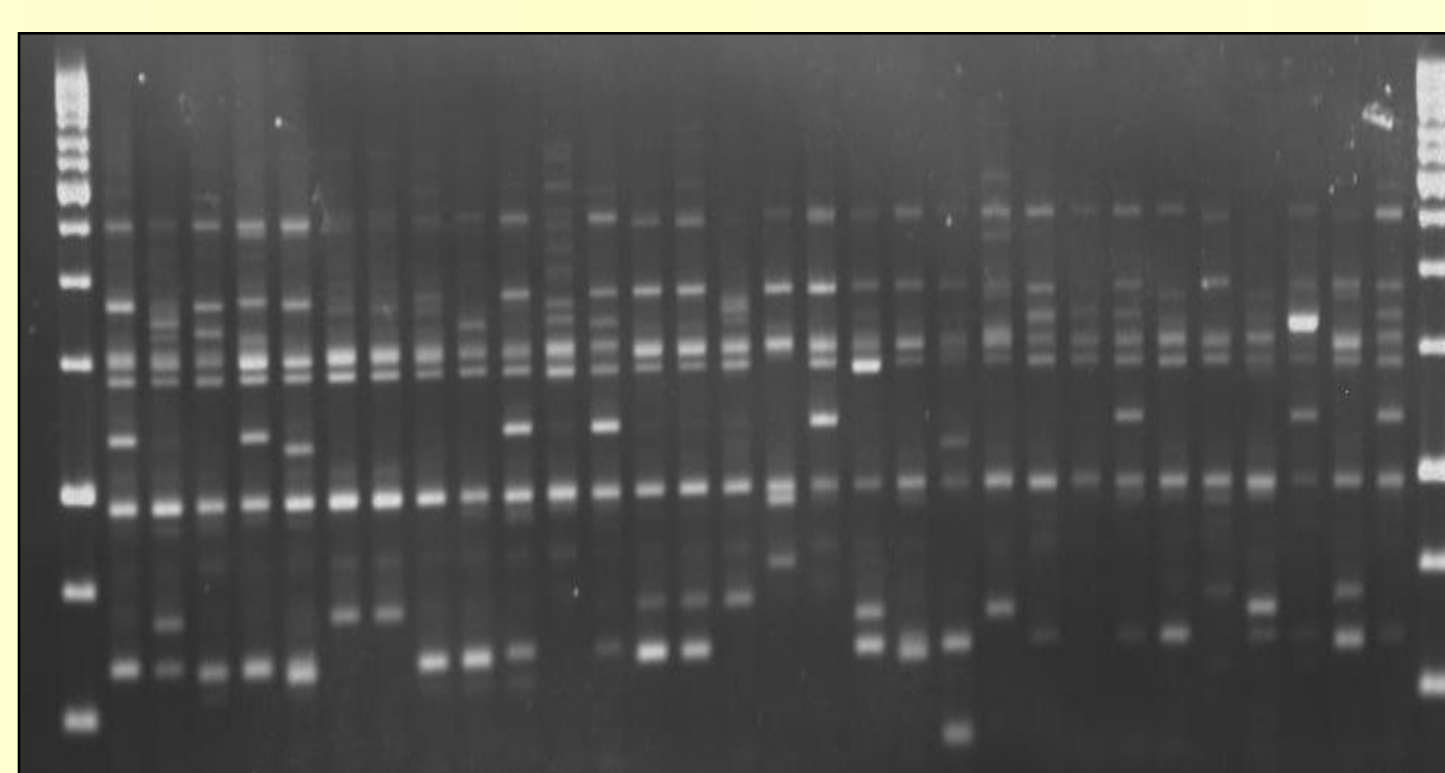
Analizy przeprowadzono z użyciem 14 starterów ISSR (The University of British Columbia, Canada) oraz z użyciem 8 par starterów REMAP. Reakcje przeprowadzono w 42 cyklach (95°C/30s, 55°C/30s, 72°C/90s) (ISSR) oraz 30 cyklach (94°C/30s, 55°C/30s, 72°C/120s) (REMAP). Produkty reakcji rozdzielano w 2% żelu agarozowym, wybarwiano w bromku etydy i wizualizowano w świetle UV. Analizę podobieństwa genetycznego odmian przeprowadzono z użyciem programu XLSTAT (Addinsoft 2006).



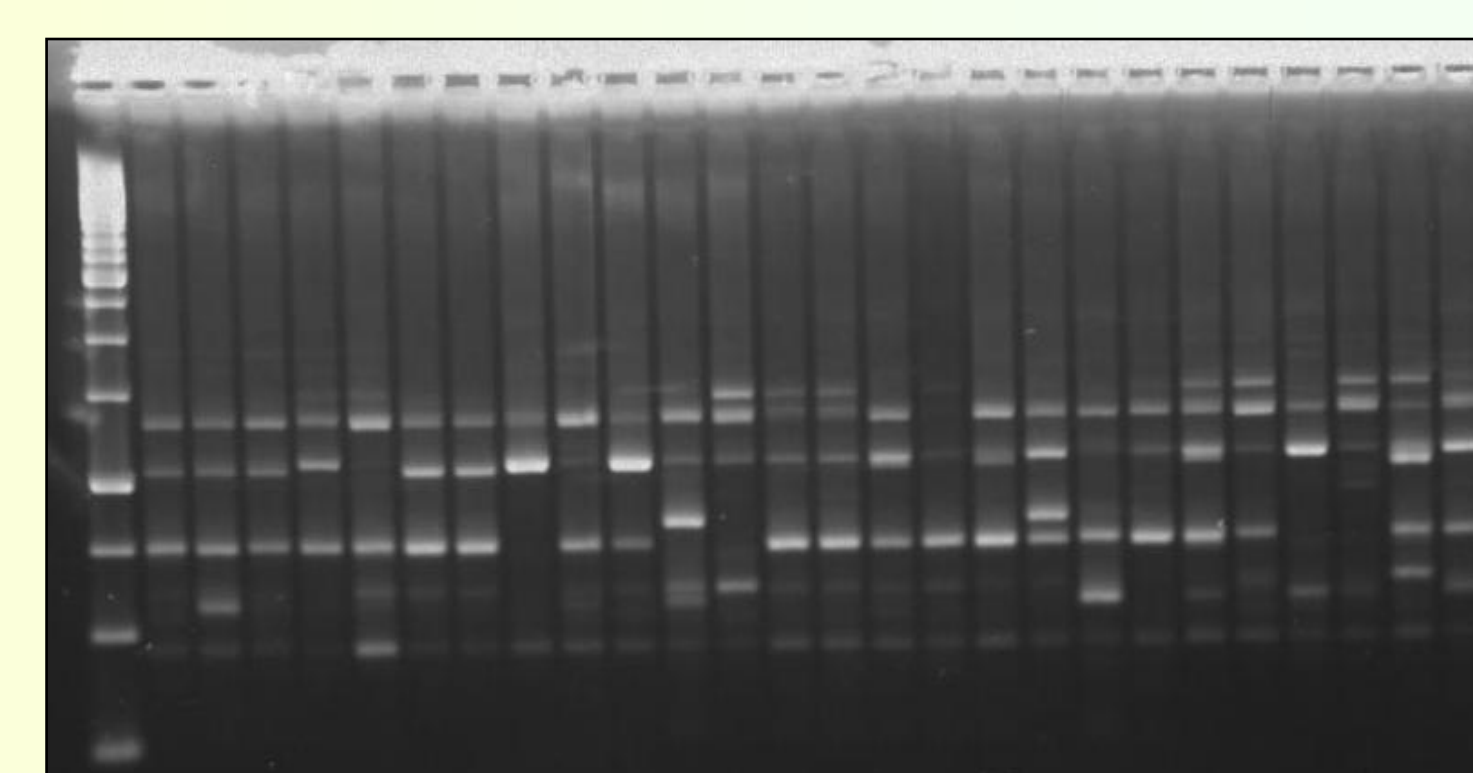
Rys. 1. Dendrogram uzyskany dla odmian winorośli techniką ISSR w oparciu o analizę UPGMA i współczynnik Jaccarda. Kolorem zielonym oznaczono odmiany należące do *Vitis vinifera* L., kolorem czarnym odmiany należące do mieszańców międzygatunkowych i między-wewnątrzgatunkowych



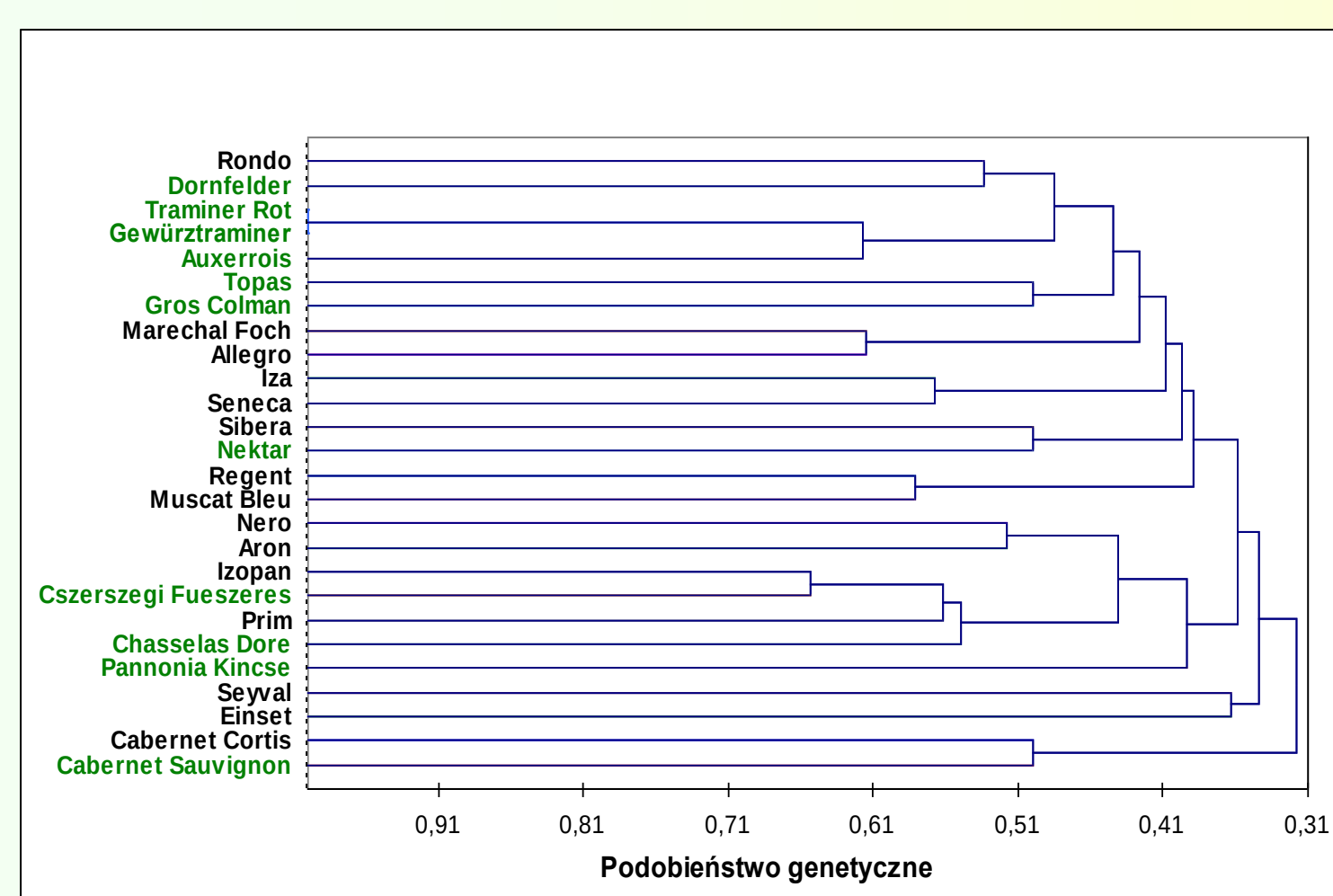
Fot. 1. Kolekcja odmian *Vitis* spp. prowadzona w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach



Fot. 2. Profile DNA odmian winorośli uzyskane techniką REMAP



Fot. 3. Profile DNA odmian winorośli uzyskane techniką ISSR



Rys. 2. Dendrogram uzyskany dla odmian winorośli techniką REMAP w oparciu o analizę UPGMA i współczynnik Jaccarda. Kolorem zielonym oznaczono odmiany należące do *Vitis vinifera* L., kolorem czarnym odmiany należące do mieszańców międzygatunkowych i między-wewnątrzgatunkowych

PODSUMOWANIE

1. W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano 107 (ISSR) oraz 69 (REMAP) polimorficznych fragmentów DNA wielkości od 300 do 2200 pz.
2. U dwóch odmian: 'Gewürztraminer' i 'Traminer Rot' obserwowano takie same profile DNA, co wskazuje, że ta sama odmiana występuje pod różnymi nazwami. Pozostałe odmiany rozróżniono na podstawie odmiennych wzorów DNA.
3. Dendrogram uzyskany techniką ISSR pozwolił wyróżnić dwie grupy, jedną zawierającą głównie odmiany należące do *Vitis vinifera* L., i drugą zawierającą mieszańce międzygatunkowe i między-wewnątrzgatunkowe *Vitis* spp. W dendrogramie uzyskanym techniką REMAP odmiany należące do *V. vinifera* L. zostały umieszczone w dwóch grupach, natomiast odmiany należące do mieszańców międzygatunkowych i między-wewnątrzgatunkowych utworzyły trzecią grupę.
4. Uzyskane wyniki będą wykorzystane do weryfikowania tożsamości genetycznej genotypów sprowadzanych do kolekcji *Vitis* spp.

Literatura

D'Onofrio C., De Lorenzis G., Giordani T., Natali L., Cavallini A., Scalabrelli G. 2010. Tree Genetics & Genomes: 6: 451-466.
Jing Z., Wang X. 2013. Biochem. Sys. Ecol. 46: 120-126.