



„Międzynarodowy zespół biologów molekularnych upublicznia strukturę genomu ziemniaka.”

Konsorcjum Sekwencjonujące Genom Ziemniaka (Potato Genome Sequencing Consortium – PGSC), międzynarodowy zespół badawczy i jego członek Instytut Biochemii i Biofizyki PAN upublicznia dziś pierwszą wersję pełnej sekwencji genomu ziemniaka. Prace nad tym zagadnieniem PGSC podjęło trzy lata temu. Przedstawiona sekwencja to „plan działania” genomu, a jego znajomość może zrewolucjonizować programy hodowlane ziemniaka.

Ziemniak należy do rodziny *Solanaceae* i jest blisko spokrewniony z pomidorem, papryką i bakłażanem. Jest to trzecia co do ważności ekonomicznej uprawa, pierwsza wśród roślin warzywnych. Poznanie sekwencji genomu tej ważnej rośliny, czyli właśnie jej „planu działania” wskazującego na mechanizmy rządzące wzrostem i rozmnażaniem, pozwoli genetykom ziemniaka na uzyskanie odmian o większej wydajności, wartości odżywczej i odporności na choroby. Co ważne, znajomość tej sekwencji pozwoli znacząco przyspieszyć programy hodowli nowych odmian, dziś trwające 10-12 lat.

Inicjatywa utworzenia PGSC zrodziła się w grudniu 2006 roku na Wydziale Hodowli Roślin Uniwersytetu Badawczego w Wageningen (Holandia) i wkrótce zaowocowała powstaniem międzynarodowego konsorcjum, w skład którego wchodzi dziś czternaście krajów. Polskę reprezentuje tu Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, a badania są finansowane przez Ministerstwo nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach Narodowego Projektu Sekwencjonowania Genomu Ziemniaka (kontrakt 47 / PGS / 2006 / 01).

Na genom ziemniaka (w wersji haploidalnej) składa się 12 chromosomów, zawierających nici DNA zbudowane z 840 milionów ułożonych kolejno par zasad.

W początkowej fazie projektu przydzielono do sekwencjonowania uczestnikom konsorcjum DNA pochodzące z określonych chromosomów diploidalnej linii hodowlanej RH 89-039-16 (RH) *Solanum tuberosum* (ziemniak)

Wobec pojawienia się w ciągu ostatnich dwu lat nowych, ultraszybkich technik sekwencjonowania, PGSC zmieniło strategię i w 2008 roku, konsorcjum podjęło skwencjonowanie podwójnego monoploidu DM1-3516R44 (DM) –ziemniaka pochodzącego z wyjściowej linii diploidalnej - co uprościło skwencjonowanie genomu RH.

W czerwcu 2009 roku członkowie PGSC spotkali się w Carlow w Irlandii, gdzie zaplanowano końcowe etapy projektu.

W tej chwili, genom jest „pokryty” czyli przesekwencjonowany co najmniej 70 razy. Tak wysokie pokrycie wynika z połączenia danych uzyskanych niezależnie przez trzy platformy sekwencjonujące, z których dwie to Platformy Sekwencyjne Nowej Generacji. Połączenie tych danych i ich złożenie w ciągłe nici DNA pokrywające 95% genomu umożliwił nowy program komputerowy stworzony w Pekińskim Instytucie Genomiki – będącym przedstawicielem Chin w PGSC.

Pierwsze wstępne złożenie genomu jest obecnie publicznie dostępne na stronie internetowej www.potatogenome.net, a kolejne uaktualnienia będą dokonywane w okresie następnych 6 miesięcy w miarę napływu nowych danych w tym adnotacji genów, analizy gdzie i kiedy są one włączane bądź wyłączane, jak również analiza specyficznych genów, będących krytycznymi dla uprawy ziemniaków

Kompletną listę i dane kontaktowe do wszystkich członków PGSC można znaleźć na stronie www.potatogenome.net