

Lajikeaitouden määrittäminen DNA-tekniikalla

Kristiina Antonius¹⁾, Ruslan Kalendar²⁾, Alan Schulman³⁾

¹⁾ *MTT Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskus, H-talo, 31600 Jokioinen, kristiina.antonius@mtt.fi*

²⁾ *Institute of Biotechnology MTT/BI Plant Genomics Lab, Biocentre 3, P.O. Box 65 00014 Helsinki, ruslan.kalendar@helsinki.fi*

³⁾ *Institute of Biotechnology MTT/BI Plant Genomics Lab, Biocentre 3, P.O. Box 65 00014 Helsinki, alan.schulman@helsinki.fi*

Tiivistelmä

Kasvullisesti lisättävien geenivarakokoelmien organisoinnissa on olennaista tuntea säilytettävien yksilöiden perinnöllinen muuntelu. Tarkimpia ja luotettavimpia apuvälineitä muuntelun tarkasteluun ovat DNA-markkerit. Tässä tarkoitusta varten on MTT:llä, osana Suomen maa- ja metsätalouden kansallisen kasvigeenivaraohjelman toteutusta luotu pohja s hedelmä- ja marjakasvien kokoelmien geneettisen monimuotoisuuden DNA-tunnistukselle käyttäen mallikasvina omenaa.

DNA-tunnisteita on tuotettu pääasiassa jo useissa tutkimuksissa hyvin toimiviksi havaittujen PCR-pohjaisten mikrosatelliittimarkkerien avulla. Omenan tutkimukseen valitut markkerit kuuluvat ECPGR:n (European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks) kansanväliseen standardiin. Myös päärynälle, luumulle ja kirsikalle on kehitteillä yhteinen Eurooppalainen markkerijärjestelmä. Analyysimenetelmät on ajettu sisään kirjallisuudessa raportoitujen esimerkinäytteiden avulla, jotta tuloksia voidaan jo nyt vertailla suoraan myös muissa maissa tehtyjen tutkimusten kanssa. Täsmälleen samaa menetelmään on käytetty myös esimerkiksi Ruotsissa alkaneessa vastaavassa omena tutkimuksessa, joten suomalaisten omenien perimää päästään lähiaikoina vertailemaan ruotsalaisiin kokoelmiin. Lisäksi omenoille on MTT:llä kehitetty mikrosatelliittianalyysiä täydentämään täysin uudet, retrotransposonialueiden PCR - monistukseen pohjautuvat geenimarkkerit, jotka on optimoitu käytettäväksi kolmessa erilaisessa DNA-analyysimenetelmässä. Näistä kaikkein tarkimman, S-SAP -analyysin, avulla on löydetty markkereita, joiden avulla pystytään erottamaan jopa saman kloonin sisäisen muuntelun tuloksena syntyneitä mutaationkantoja.

Mikrosatelliittianalyysi toimii nyt MTT:llä luotettavasti ja tulokset ovat vertailukelpoisia muiden laboratorioden kanssa. 305 suomalaisen omenalajikenäytteen tulokset on analysoitu, ja niistä on löytynyt jonkin verran päällekkäisyyksiä. Useita vanhoja lajikkeita on ilmeisesti vuosikymmenien kuluessa nimetty uudelleen paikalliskannoiksi. Muutamista lajikkeista tarvittiin useampia näytteitä eri lähteistä lajikeaitouden tarkistamiseksi. Tulosten perusteella piirrettyjen sukupuiden perusteella tutkitut lajikkeet voidaan nyt myös ryhmitellä niiden geneettisen samankaltaisuuden perusteella. Omenan lisäksi mikrosatelliittianalyysiä on sovellettu vadelmien, luumun ja kirsikan geenivarakokoelmien perinnöllisen muuntelun tarkastelussa. Myös näissä kokoelmissa on tullut esiin päällekkäisyyksiä, eli sama kanta tai lajike on löydetty ja nimetty uudelleen jollain toisella kasvupaikalla. Erityisesti hapankirsikalla vaikuttaa siltä, että muutamaa maassamme hyvin menestynyttä kantaa on lisätty ja levitetty ympäri maata.

Noin 219 Suomessa kasvatettavalle omenalajikkeelle, 59 vadelmalle, 28 kirsikalle, 42 luumulle ja 17 kriikunalle on nyt olemassa mikrosatelliitteihin perustuvat DNA -tunnisteet. Näiden avulla voidaan luotettavasti selvittää lajikesekaannuksia sekä lajikekokoelmissa että myynnissä olevassa taimistomateriaalissa.