

Projektbeskrivning

Motivering och mål

Forskare och genbankskuratorer, som är involverade i utvärdering och bevarande av genetiska resurser, har ofta påpekat vikten av noggrann och stabil identifiering av genotyper i en genbankskollektion, särskilt för sådana växtslag som äpple (Guilford, 1997; Hokansson et al., 1998; Goulao & Oliviera, 2001; Guarino & al., 2006). Eftersom äpple är ett vegetativt förökat växtslag, förväntar vi oss att alla individer av en och samma sort är genetiskt identiska, så när som på smärre mutationer vilka kan ge upphov till exempelvis olika fruktskalsfärger. Felbestämningar kan orsaka stora problem inom forskning och växtförädling. Felbestämda sorter och ej upptäckta dubletter belastar dessutom genbankerna med onödiga kostnader; äppleträd är stora, tar mycket plats och kostnaderna för underhåll är höga. Tyvärr råder det fortfarande oklarhet om många sorters ursprung, och dessutom innehåller många genbanker gamla träd, som förökats från okänt utgångsmaterial. Följaktligen finns det en hel del tveksamma bestämningar av sortmaterialet i de olika äpplesamlingarna i Sverige.

I Sverige finns det ca 200 gamla, unika äpplesorter av vilka många har en mycket god klimatanpassning. Dessa sorter har inte använts särskilt mycket inom modern växtförädling. Med medel från FORMAS utfördes nyligen en DNA-kartläggning av ca 150 äpplesorter på Balsgård. DNA-markörer (RAPD och SSR) användes i syfte dels att beräkna genetiskt släktskap mellan dessa sorter och dels att erhålla en säker identifiering av sortmaterialet. Ca 100 av de DNA-passportiserade sorterna är svenska mandatsorter, och resterande är utländska sorter med intressanta egenskaper och stor genetisk bredd. Arbetet visade sig vara mycket framgångsrikt. Vi har med hjälp av DNA-markörerna hittat flera felbestämningar i vår egen samling samt onödiga dubletter, och vi har även börjat hjälpa till med att analysera problematiska bestämningar i klonarkivet på Julita (Garkava-Gustavsson & Nybom 2004, Garkava-Gustavsson 2006, Nybom et al. under tryckning, Garkava-Gustavsson manuscript in preparation). Dessutom har vi i flera fall fått indikation på polyploidi, vilket sedan bekräftats med flödescytometriska analyser. Tillgång till DNA-profiler för dessa sorter gör det dessutom möjligt för forskare och växtförädlare att även i framtiden referera diverse analyserade egenskaper till säkert identifierade genotyper. Detta är särskilt viktigt, när screening av sådana egenskaper är dyr och tidskrävande.

Under projektets lopp har ett brett internationellt samarbete etablerats med målsättningen att sammanställa en gemensam europeisk databas för SSR-baserade DNA-profiler av olika äpplesorter. Vi använder oss av ett 'Standard set of SSR primers adopted by the European working group of apple genetic resources' (Guarino & al. 2006). En uppsättning av referenssorter har valts ut, så att vi kan jämföra med dessa, när vi ställer samman våra resultat.

Vi söker nu medel för att fortsätta arbetet med DNA-analyser av ytterligare ett 100-tal svenska mandatsorter för att fastställa även deras identitet och sortäkthet, hitta synonymer och sälla ut dubletter och mutanter, samt beräkna grad av genetisk diversitet och genetiskt släktskap. Vi ska även fortsätta det redan påbörjade samarbetet med NGBs klonarkivsvårdare och hjälpa dem att belysa problem med identifieringar som man inte kan klara av med enbart morfologiska egenskaper. För de sorter, där det finns mycket oklarhet kommer vi att samla in och analysera material från flera olika källor (i första hand Balsgårds egna samlingar och NGBs olika klonarkiv). Även samlingar utomlands kan vara av intresse, speciellt när vi misstänker att en 'svensk' sort kanske är identisk med en gammal utländsk sort. Eftersom den

laborativa metodiken redan är utprovad och de internationella kontakterna upparbetade, kommer den planerade nya delen av undersökningarna att bli mycket kostnadseffektiv. Den metodik som ska användas i det föreslagna projektet är aktuell inte bara för apple, utan även för alla andra frukt- och bärväxtslag där man eftersträvar ett långsiktigt och kostnadseffektivt bevarande av korrekt identifierade sorter. Projektet kommer därmed att kunna utgöra en modell för andra liknande projekt, som kan genomföras även på växtslag som t.ex., päron och plommon, med redan framtagna DNA primers (Yamamoto et al., 2001).

Litteratur

- Garkava-Gustavsson L, Nybom H (2004) DNA-analyser avslöjar våra äpplesorter. *Frukt & bär* 46 (1): 12-14.
- Garkava-Gustavsson L (2006) Forskning på Balsgård - sortbestämning med hjälp av DNA-teknik. *Pomologen* 6 (1): 8-11.
- Goulao L.& Oliviera C.M. (2001) Molecular characterisation of cultivars of apple (*Malus X domestica* Borkh) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. *Euphytica* 122: 81-89.
- Guarino C., Santoro S., De Simone L., Lain O., Cipriani G., Testolin R. (2006) Genetic diversity in a collection of ancient cultivars of apple (*Malus x domestica* Borkh.) as revealed by SSR-based fingerprinting. *J Hort Sci Biotech* 8:39-44.
- Guilford P., Prakash S., Zhu J.M., Rikkerink E., Gardiner S., Bassett H., Forster R. (1997) Microsatellites in *Malus X domestica* (apple): abundance, polymorphism and cultivar identification. *Theor Appl Genet* 94: 249-254.
- Hokansson S.C., Szewz-McFadden A.K., Lamboy W.F. McFerson J.R. (1998) Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus X domestica* Borkh. core subset collection. *Theor Appl Genet* 97: 671-683.
- Nybom H., Rumpunen K., Persson-Hovmalm H., Garkava-Gustavsson L., Olsson M.E. Towards a healthier apple – chemical characterisation of an apple gene bank. ISHS XXVIIth International Horticultural Congress & Exhibition, Seoul, Korea, 13-19 August, 2006. *Acta Horticult*(in press).
- Yamamoto T., Kimura T., Sawamura Y, Kotobuki K., Ban Y, Hayashi T., Matsuta N. (2001) SSRs isolated from apple can identify polymorphism and genetic diversity in pear. *Theor Appl Genet* 102: 865-870.