



Ihr Auftrag (Probenbezeichnung): **BPL16_xxx**

Art: **PAPRH (*Papaver rhoeas*)**

Anzahl Proben: **3**

Fragment: **Ala122, Pro197, Ala205**

Zeitlicher Verlauf: Eingang/Auslieferung Analyse

Zusammenfassung:

Es wurden 3 Blätter mit dem Auftrag einer Analyse des Fragments **Ala122, Pro197, Ala205** (inkludiert die Positionen **Ala122, Pro197 und Ala205** auf dem ALS-Gens) eingeschickt. Die Proben wurden jeweils in zwei Teile geteilt und in zwei getrennten Prozeduren aufgearbeitet (DNA-Extraktion). Es wurden pro Probe zwei PCR-Fragmente hergestellt. Je ein PCR-Fragment wurde in einer Leserichtung sequenziert. Die erhaltenen Sequenzen wurden abgeglichen und nur Bereiche mit 100% Übereinstimmung weiter analysiert. Die Analyse teilt sich in zwei Prozessen auf, nämlich eine SNP-Analyse, bei der die bekannten SNPs **Ala122, Pro197 und Ala205** auf vorhandene Variationen analysiert werden und eine Sequenzanalyse, bei der alle kodierenden und nicht kodierenden Variationen (ausgeschlossen die SNPs **Ala122, Pro197, Ala205**) identifiziert werden.

Befund: Alle drei Proben zeigen Thr an der Position 197.

Im Folgenden sind beide Analysen (SNP-Analysen und der Sequenzvergleich mit dem Referenz-Gen) zunächst erläutert. Weiter unten finden Sie die Auswertung.

A) SNP-Analyse

Mit der SNP-Analyse werden die bekannten (in der Fachliteratur) aufgeführten SNPs einer TSR in dem jeweiligen Fragment analysiert. Folgende SNPs wurden analysiert:

Beauftragtes Fragment: Ala122, Pro197, Ala205

B) Sequenzvergleich mit dem Referenz-Gen

Mit einem Abgleich der Sequenzen mit der in der Datenbank des NCBI (National Center for Biotechnology Information) hinterlegten Referenz können alle Varianten identifiziert werden (stille Mutationen die keine Veränderung im Protein bewirken (B1) und Mutationen bzw. neue SNPs, die zu einer Veränderung der Aminosäure im Protein führen(B2)).

Bei dieser Analyse werden alle SNPs, die unter A) berücksichtigt sind, ausgeklammert



A) SNP-Analyse ALS, Positionen 122, 197 und 205

Die Analyse der Sequenzierung der Fragmente erbrachte folgende Ergebnisse:

kein Vorkommen einer Variation an der **Position 122 (Wildtyp: Alanin, Ala, Kodierung: GCA)**, die zu einer wirkortspezifischen Resistenz (TSR) führt.

LNr.	Sample name PlantaLyt	Sample name/Info Customer	Genotype triplet Pos. 122	Amino acid pos. 122 of ALS gene	Status 122
1	BLA16_XXX_1	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR
2	BLA16_XXX_2	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR
3	BLA16_XXX_3	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR

das Vorkommen einer Variation an der **Position 197 (Wildtyp: Prolin, Pro, Kodierung: CCT)**, die zu einer wirkortspezifischen Resistenz (TSR) führt.

Identifizierte Haplotypen:

1) Threonin (Thr, ACT) durch Austausch des ersten Nukleotids im Kodon, A gegen C.

Anzahl der Genotypen mit Wildtyp: **0**

Anzahl der Genotypen als Kombination aus Wildtyp und TSR (alle Haplotypen mischerbig oder heterozygot): **1**

Anzahl der Genotypen mit TSR (reinerbig oder homozygot): **2**

LNr.	Sample name PlantaLyt	Sample name/Info Customer	Genotype triplet Pos. 197	Amino acid pos. 197 of ALS gene	Status 197
1	BLA16_XXX_1	Field Trial A	ACT/ACT	Thr197	TSR
2	BLA16_XXX_2	Field Trial A	ACT/ACT	Thr197	TSR
3	BLA16_XXX_3	Field Trial A	CCT/ACT	Pro/Thr197	TSR



kein Vorkommen einer Variation an der **Position 205 (Wildtyp: Alanin, Ala, Kodierung: GCA)**, die zu einer wirkortspezifischen Resistenz (TSR) führt.

LNr.	Sample name PlantaLyt	Sample name/Info Customer	Genotype triplet Pos. 205	Amino acid pos. 205 of ALS gene	Status 205
1	BLA16_XXX_1	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR
2	BLA16_XXX_2	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR
3	BLA16_XXX_3	Field Trial A	GCA/GCA	Ala122	No TSR



B) Sequenzvergleich mit dem Referenz-Gen

Gen: **ALS von Papaver rhoeas**

Datenbankeintrag NCBI: **AJ577316.1**

Fragmentlänge des PCR-Fragments: **205 bp**

Fragmentposition (Basenbereich der Referenz): 760 - 965

Übereinstimmung: 98 %

B1) Abweichungen, die keinen Einfluss auf die Kodierung der ALS haben

Nichtkodierende Abweichungen in der Nukleinsäure-Kodierung: 0

B2) Abweichungen, die eine veränderte Kodierung der ALS bewirken

Abweichungen, die zu einer Änderung in in der Aminosäure-Kodierung führen: 0