

Raport odnosi się do komór laminarnych BIOTEKTUM o szerokości roboczej 1200, 1500 oraz 1800 mm. W raporcie komory posiadają roboczą nazwę „DELTA” obecnie zastąpioną na „TecPRO”

5. Ocena przydatności komory laminarnej do badań molekularnych (w tym izolacja DNA z komórek bakteryjnych oraz izolacja kwasów nukleinowych pochodzących z komórek roślinnych, zwierzęcych i żywności, przygotowanie mieszanin reakcyjnych (w komorze laminarnej) do przeprowadzenia reakcji amplifikacji różnych sekwencji genów bakteryjnych, roślinnych i zwierzęcych).

W ramach procedur oceniono użyteczność komory do izolacji kwasów nukleinowych z różnego rodzaju komórek (bakteryjnych, roślinnych, zwierzęcych i żywności).

Wszystkie izolacje były prowadzone pod testowanymi komorami laminarnymi.

Izolacja genomowego DNA z komórek *Staphylococcus aureus* została przeprowadzona zgodnie z procedurą testu NucleoSpin® Microbial DNA firmy MACHEREY-NAGEL Germany.

W pierwszym etapie izolacji DNA z komórek *S. aureus*, 24 godzinna hodowla w podłożu płynnym została odwirowana w celu uzyskania osadu komórek. Komórki bakteryjne zostały poddane mechanicznej dezintegracji przy użyciu szklanych kulek. Ponadto w procesie lizy zastosowano bufor lizujący oraz Proteinazę K. Uwolnione DNA zostało związane ze specjalnym złożem krzemionkowym, natomiast zanieczyszczenia pozostały w roztworze wypływającym z kolumny. Ich śladowe pozostałości na złożu zostały usunięte w trakcie dwóch etapów płukania. Wyizolowane DNA zostało wymyte z kolumny buforem Tris-HCl o pH 8,5.

Izolacja DNA genomowego z tkanek zwierzęcych został przeprowadzona zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma A&A Biotechnology) zestawu do izolacji DNA genomowego (Genomic Mini AX Tissue Kit).

Zestaw Genomic Mini (A&A Biotechnology) opiera się na zdolności wiązania się DNA do złoża krzemionkowych w wysokich stężeniach soli chaotropowych. Tkanki kleszcza poddano lizie buforze lizującym, zawierającym sole chaotropowe i detergenty niejonowe (bufor LT). Dodatkowo w procesie lizy uczestniczyła silna proteaza (Proteinaza K). W tych warunkach doszło do lizy komórek i degradacji białek komórkowych. Następnie mieszanina była nanoszona na minikolumnę ze specjalnym złożem krzemionkowym. DNA przechodząc przez złożę osiadało na nim, podczas gdy zanieczyszczenia przechodziły nie wiążąc się z ze złożem.

Po wypłukaniu z kolumny resztek zanieczyszczeń, oczyszczone DNA było wymywane ultraczystą, jałową wodą i wykorzystywane do reakcji PCR.

Izolacja DNA genomowego z komórek nabłonka jamy ustnej została wykonana zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma EurX) zestawu do izolacji DNA z wymazów (Gene MATRIX Swab/-Extract DNA Purification Kit).

W trakcie izolacji DNA komórki błony śluzowej jamy ustnej zostały poddane lizie w obecności buforów stymulujących dezintegrację komórek oraz uwolnienie DNA. Dezintegracja próbki była wspomagana proteolizą. Proteinaza K całkowicie degradowała białka komórkowe w tym białka tworzące kompleksy z DNA i nukleazy. Dodanie buforu zawierającego sól chaotropową (SolS) oraz etanolu stworzyło warunki do selektywnego wiązania DNA do złoża krzemionkowego. Podczas wirowania lizatu DNA zostało związane ze złożem, natomiast niezwiązane zanieczyszczenia pozostały w roztworze wypływającym z kolumny. Ich śladowe pozostałości na złożu zostały usunięte w trakcie dwóch etapów płukania. Oczyszczone DNA zostało wyeluowane z kolumny buforem Tris-HCl o pH 8,5.

Izolacja DNA plazmidowego z komórek *Escherichia coli* (szczep DH5 α) została przeprowadzona zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma EurX) zestawu do izolacji DNA plazmidowego (Plasmid Miniprep DNA Purification Kit).

Osad komórek bakteryjnych został zawieszony w buforze zawierającym lizozym, który degradowa ich ścianę komórkową. Fragmentacja błony komórkowej przeprowadzona została w wyniku oddziaływania dodecylsulfianu sodu (SDS) w roztworze wodorotlenku sodu. Alkaliczny odczyn środowiska spowodował także denaturację DNA (chromosomalnego i plazmidowego) oraz częściową hydrolizę RNA. Zobojętnienie środowiska przez dodanie octanu potasu doprowadziło do wytracenia zdenaturowanych białek, chromosomalnego DNA oraz detergentu, natomiast plazmidowe DNA uległo renaturacji. W celu oczyszczenia plazmidowego DNA z lizatu zawierającego niskocząsteczkowe białka i fragmenty RNA wykorzystano selektywnie wiązanie DNA plazmidowego do złoża krzemionkowego wysycanego solami chaotropowymi (minikolumny). Po wypłukaniu z kolumny resztek zanieczyszczeń, oczyszczone plazmidowe DNA eluowano z niej jałową wodą destylowaną.

Izolacja DNA z elementów morfotycznych krwi została przeprowadzona zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma EurX) zestawu do izolacji DNA ze śladów biologicznych ((BioTrace Purification DNA Kit).

GeneMATRIX Bio-Trace DNA Purification Kit jest przeznaczony do szybkiej izolacji DNA komórkowego (genomowego i mitochondrialnego) ze śladów biologicznych np.: krwi świeżej lub mrożonej, plam krwi, śliny, nasienia, włosów, paznokci, filtrów papierosów, gum do żucia, fragmentów tkanek, moczu. W trakcie izolacji DNA próbka krwi mrożonej została poddana lizie w obecności buforów stymulujących dezintegrację pozostałości struktur tkanek i komórek oraz ochraniających DNA uwolnione w trakcie postępującego rozkładu starszych próbek. Solubilizacja próbki wspomagana jest proteolizą. Proteinaza K całkowicie degradowuje białka komórkowe, w tym białka wiążące DNA i nukleazy. Dodanie buforu zawierającego sól chaotropową oraz etanolu stworzyło warunki do selektywnego wiązania DNA do złoża GeneMATRIX. Podczas wirowania DNA zostało związane ze złożem, natomiast niezwiązane zanieczyszczenia zostały usunięte z kolumny. Ich śladowe pozostałości na złożu zostały eluowane w trakcie dwóch etapów płukania. Elucję oczyszczonego DNA wykonano jałową wodą destylowaną.

Izolacja RNA całkowitego z tkanek zwierzęcych została przeprowadzona zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma EurX) zestawu do izolacji RNA z tkanek zwierzęcych (GeneMATRIX Universal RNA Kit).

W pierwszym etapie izolacji tkanki wątroby były poddane lizie w obecności buforu denaturującego RL (mieszanina zawiera detergent jonowy Sarkozyl, 2-merkaptoetanol (2-ME i izotiocyjanin guanidyny), które inaktywują jednocześnie endogenne RNazy. Następnie lizat był wirowany w mini-kolumienkach, które homogenizują, filtrują lizat oraz rozdrabniają komórkowe DNA. Dodanie Proteinazy K zdegradowało białka, natomiast bufor Wash DN1 oraz etanol wyeliminował ślady DNA oraz stworzył warunki do selektywnego wiązania RNA do membrany GeneMATRIX. Podczas krótkiego wirowania RNA było związane do membrany, a zanieczyszczenia przeszły do filtratu. Ich śladowe pozostałości na złożu były usuwane w trakcie dwóch etapów płukania roztworem Wash RBW. W końcowym etapie oczyszczone całkowite RNA wmywano z minikolumny wolną od RNaz wodą destylowaną.

Izolacja DNA z żywności została przeprowadzona według procedury opisanej przez producenta (firma firma EurX) zestawu do izolacji DNA z żywności (Gene MATRIX Food-Extract DNA Kit).

Zestaw Gene MATRIX Food-Extract DNA jest przeznaczony do szybkiej izolacji DNA ze świeżej i przetworzonej żywności pochodzenia roślinnego, zwierzęcego i mieszanego, co umożliwia m.in.: identyfikację żywności zawierającej DNA z genetycznie modyfikowanych organizmów. W przeprowadzonych analizach wykorzystano żywność pochodzenia roślinnego (ziarna kukurydzy, płatki kukurydziane, nasiona soi i rzepaku, owoce papai). Podczas izolacji DNA próbki żywności zostały poddane lizie w obecności buforów indukujących dezintegrację komórek (bufor Res FE, Lyse FE) oraz zapewniających integralność uwalnianego DNA. Proteinaza K degradowuje białka komórkowe, w tym białka tworzące kompleksy z DNA i nukleazy. DNA zawarte w lizacie było wiązane do min kolumny ze złożem krzemionkowym w obecności buforu zawierającego sól chaotropową (Sol FE) i etanol. Zanieczyszczenia zatrzymane na złożu były usuwane w trakcie trzech etapów płukania (bufor FEX). Elucję oczyszczonego DNA wykonano jałową wodą destylowaną.

Izolację DNA z tkanek roślinnych przeprowadzono zgodnie z procedurą opisaną przez producenta (firma Eurx) dołączoną do zestawu GeneMATRIX Plant & Fungi DNA Purification Kit.

GeneMATRIX Plant & Fungi DNA Purification Kit jest przeznaczony do szybkiej izolacji całkowitego komórkowego DNA (genomowego, mitochondrialnego i chloroplastowego) z różnorodnych tkanek roślin, grzybów, glonów i porostów.

W trakcie izolacji DNA nasiona gryki (*Fagopyrum esculentum*) zostały dokładnie rozdrobnione, a następnie pozostałości struktur tkankowych i komórkowych były solubilizowane poprzez lizę w buforze Lyse P, który zapewnia integralność i ilościowy odzysk DNA. Zastosowano również Proteinazę K, która całkowicie zdegradowała białka komórkowe, w tym białka wiążące DNA i nukleazy. Następnie dodano bufor Sol P oraz etanolu co stworzyło warunki do selektywnego wiązania DNA do złoża GeneMATRIX. Podczas krótkiego wirowania następuje wiązanie DNA zostało związane do złoża, natomiast niezwiązane zanieczyszczenia pozostały w wycieku z kolumny. Ich śladowe pozostałości na złożu zostały usunięte w trakcie dwóch etapów płukania. Elucję oczyszczonego DNA wykonano się buforem niskosolnym zawierającym Tris-HCl.

Izolowanie kwasów nukleinowych jest wstępnym i podstawowym etapem w wielu procedurach z zakresu biologii molekularnej, mającym krytyczne znaczenie w ich dalszym przebiegu. Głównym celem tego etapu jest uzyskanie wysokiej jakości i czystości kwasów nukleinowych niezależnie od źródła jego pochodzenia. Precyzyjną metodą oceny ilości i jakości uzyskanych preparatów DNA i RNA jest pomiar absorbancji promieniowania ultrafioletowego przy użyciu spektrofotometru.

W przeprowadzonych badaniach pomiary zostały przeprowadzone metodą spektroskopii UV-Vis, za pomocą spektrofotometru Epoch firmy BioTek przy długościach fali: A 260 nm, A 280 nm oraz A 320 nm. Spektrofotometr automatycznie obliczał stężenie [ng/ml], a także proporcje A260/A280 nm pozwalające określić czystość wyizolowanego DNA i RNA. Wartość współczynnika A260/A280 między 1,8 a 2,0, oznacza, że izolaty DNA i RNA są wystarczająco oczyszczone z białek i mogą być traktowane za „czyste”. Wartość współczynnika mniejsza niż 1,7 wskazuje na zanieczyszczenia tych preparatów białkami.

Wyniki

Parametry DNA i RNA izolowanych w warunkach testowanych komórek

Sample Read	Location	260 Raw	280 Raw	320 Raw	260	280	260/280	ng/ μ L
DNA genomowe bakteryjne	A2	0,096	0,071	0,045	0,042	0,022	1,945	41,863
DNA komórek kleszcza	A3	0,137	0,095	0,051	0,077	0,039	1,965	76,619
DNA komórek nabłonka jamy ustnej	B2	0,124	0,092	0,053	0,062	0,033	1,861	61,619
DNA plazmidowe	B3	0,069	0,056	0,039	0,025	0,013	1,832	24,676
RNA komórek wątroby	C2	0,204	0,142	0,06	0,126	0,069	1,824	125,697
DNA komórek krwi	C3	0,112	0,084	0,049	0,056	0,031	1,815	56,169
DNA nasion kukurydzy	D3	0,291	0,172	0,06	0,223	0,107	2,081	223,271
DNA izolowane z platek kukurydzianych	E2	0,71	0,375	0,06	0,632	0,304	2,075	631,808
DNA nasion rzepaku	E3	0,371	0,215	0,06	0,302	0,15	2,016	301,619

DNA nasion soi	F2	0,71	0,375	0,06	0,632	0,304	2,075	631,808
DNA owoców papai	F3	0,371	0,215	0,06	0,302	0,15	2,016	301,619
DNA genomowe roślinne	G3	0,135	0,117	0,095	0,033	0,018	1,861	33,389

Wnioski:

Wyniki pomiaru absorbancji przy różnych długościach fali wskazują na dobrą jakość wyizolowanego DNA. We wszystkich analizowanych próbkach wartość współczynnika A260/A280 wynosiła od 1,7 do 2, co oznacza, że otrzymane preparaty DNA odpowiednio oczyszczone z białek i mogą uchodzić za „czyste”. Uzyskane wyniki wskazują, że procedura izolacji kwasów nukleinowych z różnego typu materiału biologicznego przeprowadzona pod testowanymi komorami umożliwiła uzyskanie preparatów DNA i RNA odznaczających wysokim stężeniem i czystością.

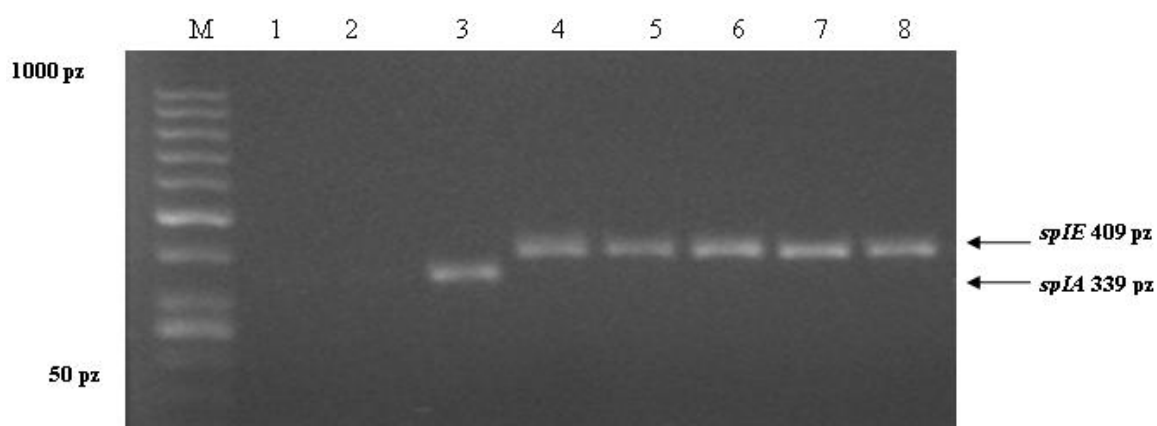
W ramach procedury oceniono użyteczność komory pod kątem przygotowywania mieszanin reakcyjnych wykorzystywanych do przeprowadzenia reakcji amplifikacji różnych sekwencji genów bakteryjnych, roślinnych i zwierzęcych w reakcji PCR.

W testowanych komorach przygotowano wszystkie mieszaniny reakcyjne wykorzystywane w reakcjach PCR .

Do oceny kontaminacji przygotowanych mieszanin reakcyjnych zastosowano analizę elektroforetyczną, która jest podstawową techniką wizualizacji oraz ilościowej i jakościowej oceny preparatów kwasów nukleinowych. Obecność w obrazach elektroforetycznych ściśle określonej liczby fragmentów DNA odpowiadających specyficznym produktom reakcji PCR stanowią podstawę do oceny braku występowania kontaminacji w mieszaninach reakcyjnych stosowanych w reakcji PCR

Amplifikacja fragmentów genów *S. aureus* kodujących proteazy przy użyciu techniki PCR

Amplifikacje fragmentów genów kodujących proteazy: *etA*, *etB*, *etD*, *spIA*, *spIE*, *sspA* przeprowadzono z użyciem reakcji PCR. Produkty PCR analizowano elektroforetycznie w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydy (0,5 µg/ml). Detekcja opierała się na amplifikacji fragmentów DNA o wielkościach 339 pz (*spIA*), 409 pz (*spIE*), 503 pz (*sspA*), 544 pz (*etA*), 641 pz (*etB*) i 432 pz (*etD*) (Ryc. 5).



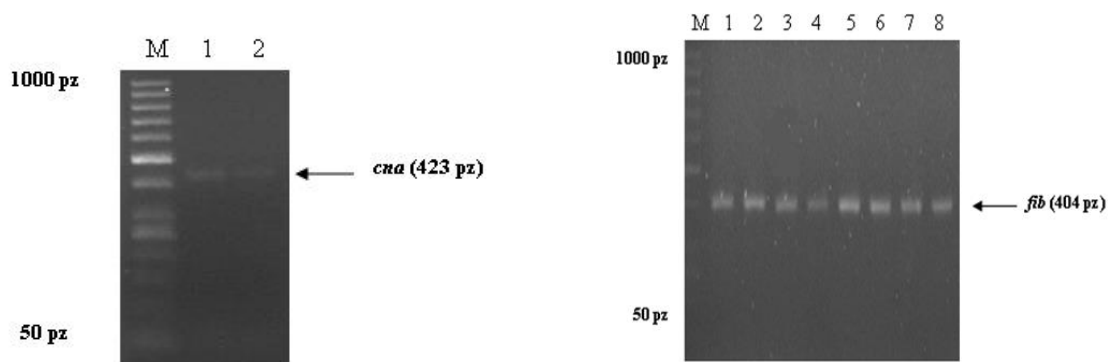
Ryc.5. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genów *spIE* oraz *spIA*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska), 3 - produkty charakterystyczne dla genu *spIA*, 4 – 8 - produkty charakterystyczne dla genu *spIE*.

Wnioski:

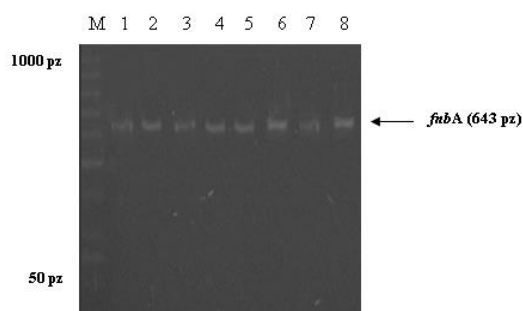
Uzyskane wyniki z przeprowadzonych reakcji PCR potwierdzają przydatność testowanych komór laminarnych do badań molekularnych czynników zjadliwości patogennych drobnoustrojów, np. *S. aureus*. Rozdziały elektroforetyczne specyficznych produktów dla genów kodujących proteazy wskazują, że testowane komory umożliwiają uzyskanie wolnych od kontaminacji mieszanin reakcyjnych do reakcji PCR.

Amplifikacja fragmentów genów *S. aureus* kodujących adhezyny przy użyciu techniki PCR

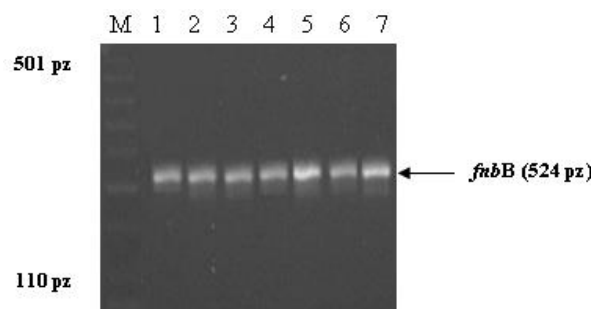
Amplifikacje fragmentów genów kodujących adhezyny: *cna*, *fib*, *fnbA* i *fnbB*, *ebps*, *bbp*, *eno* przeprowadzono z użyciem reakcji PCR. Produkty PCR analizowano elektroforetycznie w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny (0,5 µg/ml). Detekcja opierała się na amplifikacji fragmentów DNA o wielkościach 423 pz (*cna*), 404 pz (*fib*), 643 pz (*fnbA*), 524 pz (*fnbB*), 186 pz (*ebps*), 575 pz (*bbp*) i 302 pz (*eno*) (Ryc.6-12).



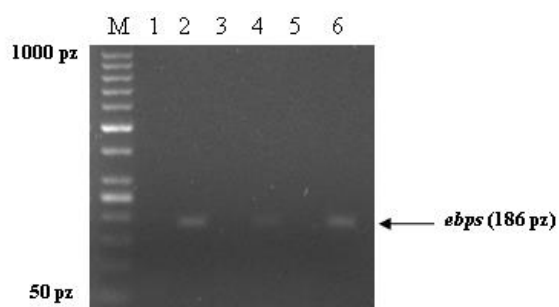
Ryc.6. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *ena*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



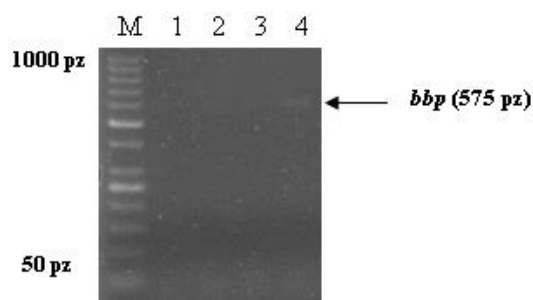
Ryc.7. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *fib*. M - wzorzec masy molekularnej (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



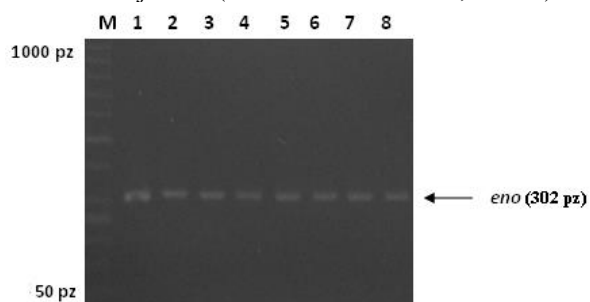
Ryc.8. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *fnbA*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



Ryc.9. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *fnbB*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



Ryc.10. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *ebps*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



Ryc.11. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *bbp*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)

Ryc.12. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR uzyskanych przy użyciu starterów swoistych dla genu *eno*. M - wzorzec masy molekularnej (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)

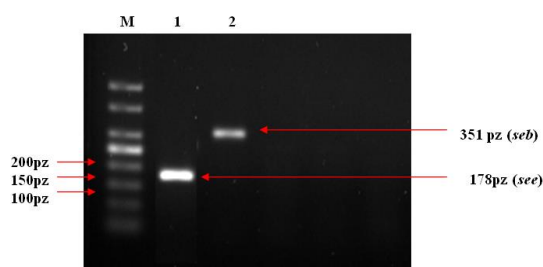
Wnioski:

Uzyskane wyniki z przeprowadzonych reakcji PCR potwierdzają przydatność testowanych komórek laminarnych do badań molekularnych, polegających na identyfikacji fragmentów genów

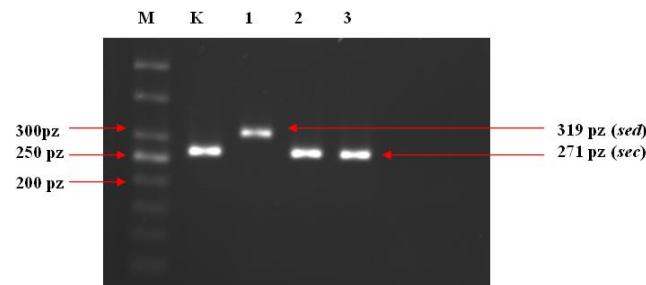
kodujących białka adhezyjne *S. aureus*. Rozdziały elektroforetyczne specyficznych produktów dla genów kodujących adhezyny, potwierdzają przydatność testowanych komórek do przygotowania mieszanin reakcyjnych wolnych od kontaminacji.

Amplifikacja fragmentów genów *S. aureus* kodujących toksyny przy użyciu techniki PCR

Amplifikacje fragmentów genów kodujących klasyczne enterotoksyny: *sea*, *seb*, *sec*, *sed* i *see* przeprowadzono z użyciem reakcji PCR. Produkty PCR analizowano elektroforetycznie w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny (0,5 µg/ml). Detekcja opierała się na amplifikacji fragmentów DNA o wielkościach 400 pz (*sea*), 351 pz (*seb*), 271 pz (*sec*), 319 pz (*sed*) i 178 pz (*see*) (Ryc.13 i 14).



Ryc.13. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR charakterystycznych dla genów *seb* i *see*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)



Ryc.14. Rozdział elektroforetyczny w 1,5% żelu agarozowym produktów PCR charakterystycznych dla genów *sec* i *sed*. M - wzorzec masy molekularnej DNA (EURx Ltd. - Gdańsk, Polska)

Wnioski:

Wyniki reakcji PCR potwierdzają przydatność testowanych komórek laminarnych do badań molekularnych, polegających na identyfikacji fragmentów genów kodujących enterotoksyny wytwarzane przez *S. aureus*. Przeprowadzone rozdziały elektroforetyczne specyficznych produktów dla genów kodujących enterotoksyny, wskazują, że przygotowane mieszaniny reakcyjne były wolne od kontaminacji.

Amplifikacja fragmentu genu *ccr5* *Homo sapiens* przy użyciu techniki PCR

W eksperymencie przeprowadzona reakcja PCR miała na celu wykrycie mutacji w genie *ccr5* nadającej oporność na wirusa HIV u ludzi. Detekcja oparta jest na amplifikacji fragmentu DNA genu *ccr5*:

- o wielkości 220 pz - u homozygot bez mutacji
- o wielkości 188 pz - u homozygot z mutacją
- o wielkościach 220 oraz 188 pz - u heterozygot z mutacją

Wizualizacja otrzymanych amplikonów została przeprowadzona z wykorzystaniem elektroforezy horyzontalnej w 1,5% żelu agarozowym.

Amplifikacja fragmentu genu amelogeniny *Homo sapiens* przy użyciu techniki PCR

W badaniach wykorzystano reakcję PCR do identyfikacji płci wyizolowanych matryc DNA. Detekcja oparta jest na amplifikacji fragmentu genu amelogeniny, który charakteryzuje się polimorfizmem w zależności od lokalizacji na chromosomach płciowych X i Y. Wielkość amplifikowanych fragmentów w przypadku DNA mężczyzny wynosi 977 i 788 pz, w przypadku DNA kobiety 977 pz.

Identyfikacja produktów reakcji PCR została przeprowadzona w 2% nośniku agarozowym.

Amplifikacja fragmentu genu *fla Borrelia burgdorferi sensu lato* przy użyciu techniki PCR

Metoda PCR została wykorzystana do amplifikacji sekwencji markerowych dla bakterii *Borrelia burgdorferi* s.l. w tkankach kleszczy z gatunku *Ixodes ricinus*

Markerem DNA *Borrelia burgdorferi* s.l. który jest wykorzystywany w diagnostyce molekularnej do identyfikacji tej bakterii jest fragment genu kodującego flagelinę (*fla*), o wielkości 442pz.

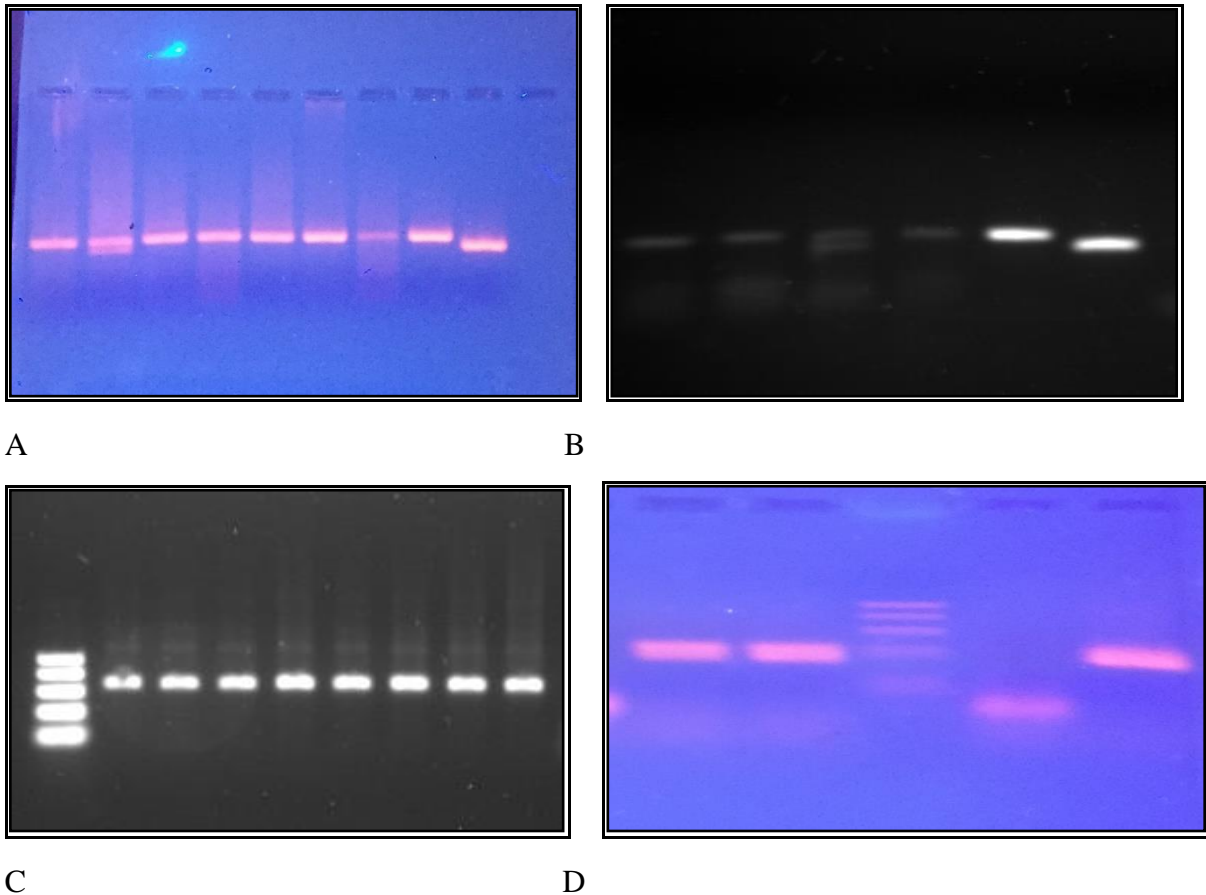
Detekcja otrzymanych amplikonów została przeprowadzona z wykorzystaniem elektroforezy w 2% żelu agarozowym.

Amplifikacja sekwencji promotora 35S wirusa mozaiki kalafiora (CaMV) i terminatora syntazy nopalinowej *Agrobacterium tumefaciens* (nos3) przy użyciu techniki PCR

W przeprowadzonym eksperymencie zastosowano metodę PCR, która poprzez powielenie określonych fragmentów DNA charakterystycznych dla konstruktów genetycznych umożliwia identyfikację modyfikacji genetycznych i organizmów genetycznie modyfikowanych.

Detekcja opierała się na amplifikacji sekwencji promotora 35S (P35S) wirusa mozaiki kalafiora i terminatora syntazy nopalinowej (nos3) o wielkościach 203 pz i 225 pz. Do identyfikacji otrzymanych produktów amplifikacji wykorzystano elektroforezę w 2% żelu agarozowym.

Wyniki:



Ryc.14. Elektroferogramy produktów reakcji PCR w których wykorzystano mieszaniny reakcyjne przygotowane w testowanych komorach laminarnych:

- A- Ampikony fragmentu genu *ccr5 Homo sapiens*
- B- Ampikony fragmentu genu amelogeniny *Homo sapiens*
- C- Ampikony fragmentu genu *fla Borrelia burgdorferi s.l.*
- D- Ampikony promotora wirusa mozaiki kalafiora i terminatora syntazy nopalinowej *Agrobacterium tumefaciens*

Wnioski:

Obecność ściśle określonej liczby fragmentów DNA odpowiadających amplifikowanym sekwencjom w otrzymanych rozdzielach elektroforetycznych wskazują, że testowane komory umożliwiają uzyskanie mieszanin reakcyjnych do reakcji PCR wolnych od kontaminacji.

Charakterystyka molekularna genetycznej różnorodności gatunkowej roślin

W ramach procedur dotyczących oceny użyteczności testowanej komory wykonano genotypowanie roślin z gatunku gryki zwyczajnej – *Fagopyrum esculentum*. Przeprowadzone eksperymenty wykazały przydatność komory laminarnej do badań polegających na

poszukiwaniu wysoce polimorficznych markerów umożliwiających różnicowanie wewnątrzgatunkowe.