

IV Ogólnopolska Konferencja  
Poznań, 5-7 listopada 2019

# GENETYKA I GENOMIKA W DOSKONALENIU ROŚLIN UPRAWNYCH

## Od rośliny modelowej do nowej odmiany



Instytut Genetyki  
Roślin PAN

Patronat honorowy:



Ministerstwo Nauki  
i Szkolnictwa Wzroszego



URZĄD MARSZAŁKOWSKI  
WOJEWÓDZTWA WIELKOPOLSKIEGO



POLSKIE TOWARZYSTWO  
GENETYCZNE

POZnań\*

Patronat medialny:

magazyn rolniczy  
**Agro Profil**

Sponsorzy:

**Q4Lab**



**CORTEVA**  
agriscience

**MERCK**



### **Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie zróżnicowania genetycznego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)**

Marcin Matuszczak<sup>1</sup>, Piotr Kopeć<sup>2</sup>, Joanna Wolko<sup>1\*</sup>, Alina Liersch<sup>1</sup>, Laurencja Szala<sup>1</sup>, Katarzyna Sosnowska<sup>1</sup>, Teresa Cegielska-Taras<sup>1</sup>, Katarzyna Mikołajczyk<sup>1</sup>, Wojciech Karłowski<sup>2</sup>, Iwona Bartkowiak-Broda<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu, ul. Strzeszyńska 36, 60-479 Poznań

<sup>2</sup>Zakład Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

e-mail: jwolko@nico.ihar.poznan.pl

W badaniach genomu różnych gatunków roślin, w tym także rzepaku, stosuje się coraz powszechniej, wysokowydajne techniki badawcze nowej generacji.

Celem badań była analiza zróżnicowania genetycznego w obrębie kolekcji 20 genotypów rzepaku z wykorzystaniem wysoko-przepustowej mikromacierzy DNA Infinium™ Brassica 60K firmy Illumina (TraitGenetics, Gatersleben, Niemcy). Materiał roślinny stanowiły wytworzone w IHAR-PIB Oddział w Poznaniu mieszańce F<sub>1</sub> rzepaku ozimego, ich komponenty rodzicielskie (linie CMS *ogura* i linie restorery, *Rfo*) oraz mieszańce F<sub>1</sub>, którego formą ojcowską była uzyskana na drodze resyntezy rzepaku *de novo* linia semi-RS S3 z genem restorerem. Bioinformatyczna analiza uzyskanych wyników i identyfikacja polimorfizmów SNP została przeprowadzona we współpracy z Zakładem Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Wykazano istotną odrębność linii resyntetyzowanej z genem *Rfo* i utworzonego z tą linią mieszańca F<sub>1</sub> od pozostałych badanych genotypów rzepaku ozimego. Wskazuje to na możliwość poszerzenia zmienności genetycznej rzepaku poprzez tworzenie linii resyntetyzowanych, co jest istotne w hodowli tej rośliny. Utworzenie zróżnicowanych pul genowych stanowi podstawę selekcji komponentów rodzicielskich do tworzenia mieszańców F<sub>1</sub> rzepaku wykazujących wysoki efekt heterozji w plonie nasion.

Badania finansowano z projektu Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (Zadanie 48)



## Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie zróżnicowania genetycznego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)



Marcin MATUSZCZAK<sup>1</sup>, Piotr KOPEĆ<sup>2</sup>, Joanna WOLKO<sup>1</sup>, Alina LIERSCH<sup>1</sup>, Laurencja SZALA<sup>1</sup>, Katarzyna SOSNOWSKA<sup>1</sup>, Teresa CEGLIŃSKA-TARAS<sup>1</sup>, Katarzyna MIKOŁAJCZYK<sup>1</sup>, Wojciech KARŁOWSKI<sup>2</sup>, Iwona BARTKOWIAK-BRODA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin - Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu  
<sup>2</sup>Zakład Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu  
e-mail: jwolko@pau.ihar.poznan.pl

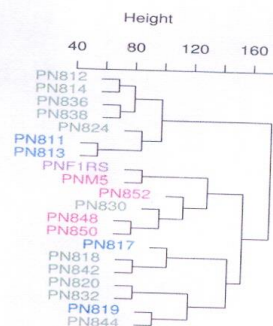
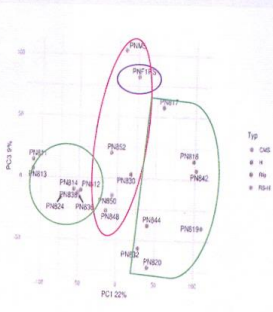
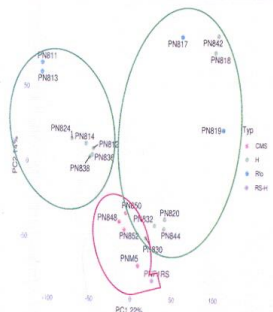
W badaniach genomu różnych gatunków roślin, w tym także rzepaku, stosuje się coraz powszechniej, wysokowydajne techniki badawcze nowej generacji. Celem badań była analiza zróżnicowania genetycznego w obrębie kolekcji 20 genotypów rzepaku z wykorzystaniem wysoko-przepustowej mikromacierzy DNA Infinium™ Brassica 60K firmy Illumina (TraitGenetics, Gatersleben, Niemcy).

### Materiał i Metody

- Materiał roślinny stanowiły wytworzone w IHaR-PIB Oddział w Poznaniu mieszańce F<sub>1</sub> rzepaku ozimego, ich komponenty rodzicielskie (linie CMS ogura i linie restorery Rfo) oraz mieszańce F<sub>1</sub>, którego formą ojcowską była uzyskana na drodze resyntezy rzepaku *de novo* linia semi-RS S3 z genem restorerem.
- Mieszańce F<sub>1</sub> i ich komponenty rodzicielskie przebadano w doświadczeniach polowych w czterech środowiskach (2 sezony wegetacyjne, 2 miejscowości).
- Genotypy rzepaku ozimego analizowano z wykorzystaniem wysoko-przepustowej mikromacierzy DNA Infinium™ Brassica 60K firmy Illumina.
- Bioinformatyczna analiza uzyskanych wyników i identyfikacja polimorfizmów SNP została przeprowadzona we współpracy z Zakładem Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Pochodzenie i wysokość efektu heterozji w plonie nasion badanych mieszańców

Mieszańce F <sub>1</sub>	Linia mateczna/ CMS ogura	Linia ojcowska/ linia z genem Rfo	Średni efekt heterozji w plonie nasion w stosunku do średniej rodziców [%]
PN 812	PN 848	PN 811	117,4
PN 814	PN 848	PN 813	111,8
PN 818	PN 848	PN 817	116,9
PN 820	PN 848	PN 819	113,7
PN 824	PN 850	PN 811	115,9
PN 830	PN 850	PN 817	117,2
PN 832	PN 850	PN 819	105,9
PN 836	PN 852	PN 811	122,0
PN 838	PN 852	PN 813	119,1
PN 842	PN 852	PN 817	117,3
PN 844	PN 852	PN 819	111,0
PN F <sub>1</sub> RS	PN M5	semi-RS S3	129,4



### \*Wykład plenarny/Sesja 5

Dr Katarzyna Sosnowska - Resynteza *Brassica napus* L. impulsem do tworzenia odrębnych pul genowych dla hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego.

### Literatura:

- Clarke i in. 2016. Theor Appl Genet. DOI:10.1007/s00122-016-2746-7
- Chalhoub i in. 2014. Science. DOI:10.1126/science.1253435
- Mason i in. 2017. Theor Appl Genet. DOI:10.1007/s00122-016-2849-1



### Wyniki

- ✓ Wykazano odrębność mieszańca F<sub>1</sub> od pozostałych badanych genotypów rzepaku ozimego, którego formą ojcowską była linia semi-RS z genem restorerem
- ✓ Istnieje możliwość poszerzenia zmienności genetycznej rzepaku poprzez wykorzystanie w hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego linii resyntetyzowanych\*

### W perspektywie

- ✓ Metoda genotypowania za pomocą mikromacierzy pozwoli nie tylko na utworzenie odrębnych pul genowych na potrzeby hodowli heterozyznej, ale także na poszukiwanie i identyfikację markerów SNP (markerów wspomagających selekcję) dla ważnych cech użytkowych rzepaku ozimego.

Badania zostały wykonane w ramach zadania nr 48 w projekcie Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej, 2014-2020, finansowanym przez MRIRW