



XXXIII Konferencja Naukowa

Rośliny Oleiste
– postępy w genetyce, hodowli,
technologii i analityce lipidów

Oilseed Crops
– Advances in genetics, breeding,
technology and analytics of lipids

Streszczenia — Abstracts



Poznań University of Life Sciences



Sponsorzy — Sponsors



syngenta.

LemnaTec

FOSS

Program Konferencji — Programme Conference

5.04.2016

10⁰⁰–10³⁰ OTWARCIE KONFERENCJI / OPENING CEREMONY

prof. dr. hab. Iwona BARTKOWIAK-BRĘDA¹ – Kierownik Oddziału IHAR – PIB w Poznaniu

prof. dr. hab. Edward ARSENIUK² – Dyrektor IHAR – PIB

prof. dr. hab. Jan PIKUL³ – Prorektor Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

10³⁰–12⁰⁰ SESJA PLENARNA / PLENARY SESSION

Przewodniczący sesji / Chairman:

prof. dr. hab. Edward ARSENIUK i prof. dr. hab. Jan PIKUL

10³⁰–11⁰⁰ Christian Oberthur

Justi-Liebig University, Gießen, Niemcy

Structural genome rearrangements associated with resistance and quality traits in oilseed rape

Strukturalne rearrangementy genomu związane z odpornością i cechami jakościowymi w rzepaku

11⁰⁰–11¹⁵ Ryszard Amarowicz

Instytut Rozroda Zwierząt i Rodni Żywności PAN w Olsztynie

Lignans Inu: metody ich oznaczania, aktywność biologiczna i przeciwutleniająca

Inu seed lignans: methods of their determination, biological and antioxidant activity

11⁰⁰–12⁰⁰ Marcus Jansen

Leibniz-Faz, Angers, Niemcy

Phenotyping – characterising plant properties at multiple scales

Phenotyping – wieloskalowa charakterystyka właściwości roślin

12⁰⁰–12³⁰ Krzysztof Padejko

Wielkopolskie Centrum Zaawansowanych Technologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Potencjał badawczy Wielkopolskiego Centrum Zaawansowanych Technologii

Research potential of Wielkopolskie Centre of Advanced Technologies

12³⁰–12⁴⁵ Alexandru Năg

Krzysztof Dyjcecki, Wojciech Borzyszkowski,

Mieczysław Turski, Magdalena Rudzińska, Małgorzata Nogala-Kalucka

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Olej bukowy – zapomniane źródło związków bioaktywnych

Beech oil – the forgotten source of bioactive compounds

12⁴⁵–13⁰⁰ Karolina Mikulczyńska¹

Mirosława Dabert², Wojciech M. Karłowicz³,

Jan Bachanowski⁴, Joanna Nowakowska⁵, Stanisław Szmajdański⁶,

Wiesława Popławska⁷, Alina Liersch⁸, Teresa Cegielska-Tur⁹,

Iwona Bartkowiak-Breda¹

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin, ² B. Hódziel w Poznaniu

³ Uniwersytet A. Mickiewicza w Poznaniu, ⁴ Uniwersytet Przyrodniczy w Angers

Analiza molekularna w programach hodowli rzepaku ozimego w IHAR – PIB,

Oddział Poznań

Molecular analysis in winter oilseed rape breeding programs at the IHAR – PIB, Poznań Division

Katarzyna Mikolajczyk¹, Mirosława Dabert², Wojciech M. Karłowicz²,
Jan Bocianowski³, Joanna Nowakowska¹, Stanisław Spasibionek¹, Wiesława
Popławska¹, Alina Liersch¹, Teresa Cegielska-Taras¹, Iwona Barlikowska-Bieda¹

¹Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roslin – PIB, Oddział w Poznaniu

²Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii

³Urząd województwa w Poznaniu

Analizy molekularne w programach hodowli rzepaku ozimego w IHAR – PIB, Oddział Poznań

*Molecular assays in winter oilseed rape breeding programs at the IHAR – PIB, Poznań
Division*

W IHAR – PIB, Oddział Poznań, wdrożono dotąd do praktyki hodowlanej innowacyjne metody selekcji przy użyciu uniwersalnych markerów genetycznych typu SCAR oraz SNaPshot, odpowiednio dla dwóch ważnych gospodarczo kategorii cech: (1) związanych z występowaniem męskiej sterylności cytoplazmy (ang. CMS, Cytoplasmic Male Sterility) oraz genu restora *Rfo* (Mikolajczyk et al. 1998, 2008, 2010a, 2011, PAT.212433 z dnia 02.11.2012, Liersch et al. 2015) w systemie hybrydizacji typu *ogawa*, powszechnie stosowanym w świecie dla uzyskania wysokopłatnych mieszańców F1, oraz (2) dotyczących jakości oleju nasion rzepaku – niskiej zawartości kwasu linolenowego (C18:3) wynikającej z mutacji w genach dezasaturaz FAD3 w genomach A i C rzepaku (Mikolajczyk et al. 2010b, 2011, Bocianowski et al. 2012, PAT.211126 z dnia 11.05.2012, Spasibionek et al. 2015), opracowanych we współpracy z Uniwersyteciem im. A. Mickiewicza w Poznaniu. Markery te są specyficzne dla linii niskolinolenowego mutantu M681 rzepaku ozimego uzyskanego w IHAR – PIB, Poznań i jego rekombinantów (Spasibionek 2006), a także samicyjnej niskolinolenowej odmiany jarej 'Apollo'. Tego typu mutacje wykryto również w innych niskolinolenowych liniach rzepaku utrzymywanych w ośrodkach badawczych na świecie (Ha et al. 2006; Yang et al. 2012).

Obie kategorie opracowanych markerów wykazują uniwersalny charakter, mogą więc znaleźć szerokie zastosowanie do badań genotypów i rekombinantów wytworzonych w męskiej sterylności typu *ogawa* oraz mutantów niskolinolenowego rzepaku. Dotąd przebadano łącznie około 7 000 genotypów rzepaku ozimego, z różnych programów badawczych i hodowlanych w IHAR – PIB, Poznań. Ponadto prowadzono również analizy genotypów rzepaku z zastosowaniem uniwersalnych markerów mikrosatelitarnych (ang. STR, Short Tandem Repeats) w celu zbadania zróżnicowania genetycznego w obrębie badanej kolekcji oraz dalszych analiz asocjacyjnych (Liersch et al. 2015).

At the Plant Breeding and Acclimatization Institute – NRI in Poznań, innovative selection methods were implemented by development of universal genetic markers, SCAR and SNaPshot, respectively, for two economically important trait categories: (1) concerning the *ogawa* male-sterile cytoplasm (the *ogawa* CMS) and the *Rfo* restorer gene (Mikolajczyk et al. 1998, 2008, 2010a, 2011, Polish Patent No. PAT.212433 dated 02.11.2012, Liersch et al. 2015), both combined with the *ogawa* hybrid system used worldwide for obtaining high-yielding F1 hybrids, and also (2) comprising oilseed rapeseed seed oil quality, low linolenic acid (C18:3) content due to mutated genes of FAD3 desaturases in the *B. napus* A and C genomes, respectively (Mikolajczyk et al. 2010b, 2011, Bocianowski et al. 2012, Polish Patent No. PAT.211126 dated 11.05.2012).

Spasibionek et al. 2015), developed as a result of co-operation with Adam Mickiewicz University of Poznan. The developed genetic markers are specific for the low-linolenic mutant M681 line and its recombinants (Spasibionek 2006), as well as for the spring Canadian 'Apollo' cultivar. Moreover, such point mutations were discovered also in oilseed rape low-linolenic mutant lines developed at other laboratories worldwide (Hu et al. 2006, Yang et al. 2012).

Both categories of markers are versatile, thus can be widely applied for monitoring genotypes and recombinants developed with the use of the *ogura* male sterility system as well as low-linolenic oilseed rape mutants. Till now, up to 7 000 winter oilseed rape genotypes included in different research and breeding programs were analyzed at the PBAl-NRI. Moreover, STR Short Tandem Repeats) loci markers were used for assessment of genetic diversity and further association analyzes (Liersch et al. 2015).

Literatura/References

- Bocianowski J., Mikołajczyk K., Bartkowiak-Broda I. (2012) Determination of fatty acid composition in seed oil of rapeseed (*Brassica napus* L.) by mutated alleles of the FAD3 desaturase genes. *J. Appl. Genetics* 53: 27-30.
- Hu X., Sullivan M.L., Gupta M., Thompson S.A. (2006) Mapping of the loci controlling oleic and linolenic acid contents and development of *fad2* and *fad3* allele-specific markers in canola (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 113: 497-507.
- Liersch A., Popławska W., Bocianowski J., Spasibionek S., Pietka T., Matuszczak M., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I., Mikołajczyk K. (2015) Phenotypic and molecular characterization of winter oilseed rape germplasms collected at the IHAR-NRI, Poznan, Poland. [In:] 14th Rapeseed Congress, July 5-9 2015, Saskatoon, Saskatchewan, Canada, Abstracts, Poster No: 242.
- Mikołajczyk K., Bartkowiak-Broda I., Popławska W., Spasibionek S., Dobrzycka A., Dabert M. (2011) A multiplex fluorescent PCR assay in molecular breeding of oilseed rape. [In:] *Plant Breeding* (InTech, ed. I.Y. Abdurakhmonov), pp. 185-200.
- Mikołajczyk K., Dabert M., Karłowski W.M., Spasibionek S., Nowakowska J., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I. (2010b) Allele-specific SNP markers for the new low linolenic mutant genotype of winter oilseed rape. *Plant Breeding* 129: 502-507.
- Mikołajczyk K., Dabert M., Nowakowska J., Podkowinski J., Popławska W., Bartkowiak-Broda I. (2008) Conversion of the RAPD OPC02₁₁₅₀ marker of the *Rfo* restorer gene into a SCAR marker for rapid selection of oilseed rape. *Plant Breeding* 127: 647-649.
- Mikołajczyk K., Dobrzycka A., Podkowinski J., Popławska W., Spasibionek S., Bartkowiak-Broda I. (2010a) A multiplex PCR assay for identification of the *ogura* male sterile cytoplasm and the *Rfo* restorer gene among oilseed rape breeding forms. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, Vol. XXXI (2): 201-210.
- Mikołajczyk K., Matuszczak M., Piętko T., Bartkowiak-Broda I., Krzymański J. (1998) Zastosowanie markerów DNA do badań składników mieszańców / *The use of DNA markers for hybrid components analysis* (in Polish). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops* XIX (2): 463-471.
- Spasibionek S. (2006) New mutants of winter rapeseed (*Brassica napus* L.) with changed fatty acid composition. *Plant Breeding* 125: 259-267.
- Spasibionek S., Mikołajczyk K., Pietka T., Matuszczak M., Bartkowiak-Broda I. (2015): The use of a new gene pool for obtaining forms of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) with changed quality characteristics. [In:] 14th Rapeseed Congress, July 5-9 2015, Saskatoon, Saskatchewan, Canada, Abstracts, Poster No: 281.

Yang Q., Fan C., Guo Z., Qin J., Wu J., Li Q., Fu T., Zhou Y. (2012) Identification of *FAD2* and *FAD3* genes in *Brassica napus* genome and development of allele-specific markers for high oleic and low linolenic acids content. *Theor. Appl. Genet.* 125: 715-729.

Patenty/ Patents

Wynalazek pt. „Sekwencje nukleotydowe fragmentów niezmutowanych i zmutowanych alleli loci A i C genu desaturazy *fad 3* form – podwójnie ulepszonej (00) oraz niskolinolenowego mutantu (LLMut) roślin rzepaku ozimego (...)", na który został udzielony Instytutowi Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, Polska przez Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej – Patent nr PAT.211126, dnia 11.05.2012 r. Twórcy: Katarzyna Mikołajczyk, Iwona Bartkowiak-Broda, Mirosława Dabert, Wojciech M. Karłowski, Stanisław Spasibionek.

Wynalazek pt. „Sekwencje nukleotydowe starterów specyficznych dla krańcowych rejonów badanego fragmentu DNA sprzężonego z genem restorerem *Rfo* dla CMS ogura u rzepaku (...)", na który został udzielony Instytutowi Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, Polska przez Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej – Patent nr PAT.212433, dnia 02.11.2012 r. Twórcy: Katarzyna Mikołajczyk, Mirosława Dabert, Jan Podkowiński, Iwona Bartkowiak-Broda.

Katarzyna Gacek¹, Krzysztof Michalski¹, Iwona Bartkowiak-Broda¹,
Jan Bocianowski², Philipp E. Bayer³, David Edwards³, Jacqueline Batley³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Oddział w Poznaniu

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³ School of Plant Biology, University of Western Australia, Perth, Crawley, Australia

Analiza asocjacji całego genomu (genome-wide association study, GWAS) w celu poznania podstaw genetycznych regulacji zawartości kwasów tłuszczowych w nasionach rzepaku (*Brassica napus* L.)

*Genome-wide association study of genetic control of fatty acid composition in oilseed rape (*Brassica napus* L.) seed*

Kwasy tłuszczowe w nasionach rzepaku wpływają na zdolność kiełkowania, wigor siewek we wczesnym etapie wzrostu roślin, a ich zróżnicowana zawartość w oleju rzepakowym determinuje jego przydatność dla celów żywieniowych bądź przemysłowych. W niniejszej pracy wykorzystano badania asocjacyjne całego genomu (ang. genome-wide association study, GWAS) w celu poznania kompleksowych mechanizmów genetycznych regulujących zawartość kwasów tłuszczowych w nasionach rzepaku (*Brassica napus* L.). W tym celu zidentyfikowano 90 205 polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNPs) w populacji 60 linii podwojonych haploidów (DH) przy użyciu sekwencjonowania nowej generacji (Illumina® HiSeq). Analiza GWAS pozwoliła powiązać polimorfizmy SNP w regionie chromosomu A05 z zawartością kwasu oleinowego i linolowego. Umożliwiło to identyfikację genów kandydujących tj. *FATB* i *FAD5*, których funkcja regulacji zawartości tych kwasów jest poznana u roślin modelowych. Zaprezentowane podejście badawcze stanowi nowatorskie narzędzie do prowadzenia dalszych badań poznawczych. Umożliwi to poznanie podstaw genetycznych innych ważnych cech użytkowych, co pozwoli na opracowanie markerów selekcyjnych w programach hodowlanych rzepaku.

Fatty acids in seeds affect seed germination and seedling vigour and their composition determines the quality of seed oil for nutritional and industrial purposes. In this study, genome-wide association study (GWAS) was applied to elucidate complex genetic network