

Lp. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 53.

Tytuł zadania: **Wykorzystanie nowej puli genowej dla uzyskania form rzepaku ozimego o zmienionych cechach jakościowych.**

Kierownik zadania: dr hab. S. Spasibionek

### **Temat badawczy 1**

Fenotypowanie roślin pod względem cech agronomicznych i biochemicznych

#### Cel tematu badawczego 1

Wybór genotypów o pożądanych parametrach agronomicznych oraz biochemicznych do dalszych badań związanych z przeprowadzeniem szczegółowej analizy genetycznej w odniesieniu do ekspresji cech fenotypowych, decydujących o wartości gospodarczej danego genotypu. Cel został osiągnięty w całości.

#### Materiały i metody

Do badań wybrano 310 genotypów typu HO o wysokiej zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (72,0%–82,1%), typu HOLL o wysokiej zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (do 81,2%) i obniżonej zawartości kwasu linolenowego (do 1,9%) oraz rekombinanty o wysokiej zawartości tłuszczu (do 53,6%) oraz o niskiej zawartości glukozyolanów alkenowych (do 0,2  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion) i sumy glukozyolanów (do 2,0  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion).

W trakcie wegetacji wiosną i latem 2015 r. w szkółkach hodowlanych (1-rzędkowych w jednym powtórzeniu) przeprowadzono obserwacje cech związanych z wartością gospodarczą linii: przezimowanie (skala 1-9<sup>0</sup>), wczesność (liczba dni od początku roku), długość kwitnienia (liczba dni), wyleganie (skala 1-9<sup>0</sup>). Na tej podstawie zaizolowano 900 roślin w pokoleń F<sub>13</sub>—F<sub>2</sub>. Zebrany materiał oceniano pod względem zawartości kwasów tłuszczowych oraz pod względem zawartości sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych ( $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion). W badanych materiałach (nasionach) oznaczono procentową zawartość tłuszczu za pomocą szerokopasmowego analizatora magnetycznego (NMR) firmy Newport Instruments Ltd). Skład kwasów tłuszczowych oznaczono za pomocą chromatografii gazowej estrów metylowych kwasów tłuszczowych - chromatograf firmy Hewlett Packard typ 3390A, Agilent Technologies 6890N Network GC System. Zawartość i skład glukozyolanów określono metodą chromatografii gazowej pochodnych silylowych desulfoglukozyolanów.

Na podstawie obserwacji polowych (cech agronomicznych) i uzyskanych wyników biochemicznych do dalszych badań wybrano 100 genotypów pokoleń F<sub>9</sub>—F<sub>3</sub>. Ponadto do badań włączono 89 nowych linii rekombinacyjnych typu HO i HOLL pokolenia F<sub>2</sub> oraz 57 linii niskoglukozyolanowych o wysokiej zawartości kwasu oleinowego, niskiej zawartości glukozyolanów i wysokiej zawartości tłuszczu pokolenia F<sub>5</sub>—F<sub>4</sub>. Jesienią 2015r. powyższe 246 genotypów poddano ocenie: bonitacja wschodów (skala 1-9<sup>0</sup>), stan roślin przed zimą (skala 1-9<sup>0</sup>).

Analizy wariancji, wyznaczenie współczynników korelacji oraz porównanie średnich wykonane zostanie z wykorzystaniem programu EXEL i STATISTICA.

#### Wyniki i dyskusja

W Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-BIB Oddział w Poznaniu prowadzone są prace mające na celu poszerzenie zmienności genetycznej poprzez gromadzenie i badanie kolekcji różnych gatunków rodzaju *Brassica* i krzyżowania wewnątrzgatunkowe, poprzez mutagenезę indukowaną chemicznie. Badania nad uzyskaniem zmian składu kwasów tłuszczowych zawartości tłuszczu oraz zawartości glukozyolanów prowadzone są przy wykorzystaniu metod hodowli rekombinacyjnej i mutagenезy indukowanej chemicznie z zastosowaniem metanosulfonianu etylu (EMS) (Spasibionek 2006). W związku z tym badania koncentrują się na uzyskaniu odmian rzepaku typu HO (ang. *high oleic*) wytwarzających olej o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego C18:1 (ok. 77%) i obniżonej zawartości kwasu linolowego C18:2 (ok. 7%) i kwasu linolenowego C18:3 (ok. 7%). Na podstawie obserwacji cech związanych z morfologią roślin mutantów oraz rekombinantów (pokrój rośliny, intensywność kwitnienia) przeprowadzono selekcję roślin w wyniku której zaizolowano 900 roślin. Z tej populacji wybrano 27 genotypów pokoleń F<sub>9</sub>—F<sub>4</sub> typu HO charakteryzujących się wzrostem zawartości kwasu oleinowego w oleju nasion (od 78,2% do 81,6%). Zawartości sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych u badanych rekombinantów wahały się odpowiednio (od 1,7 do 20,8  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion) i (od 0,2 do 15,0  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion). W analizowanych nasionach zawartość tłuszczu wahała się (od 39,2 do 48,4%).

Drugim ważnym kierunkiem prac jest uzyskanie odmian typu HOLL (ang. *high oleic low linolenic*) o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego (C18:1) do (ok. 75%) i obniżonej zawartości kwasu linolenowego (C18:3) do (ok. 3%) (Rakow i in., 2007; Raney i in., 2007). U badanych 70 rekombinantach pokoleń F<sub>9</sub>—F<sub>3</sub> typu HOLL stwierdzono wzrost zawartości kwasu oleinowego

w oleju nasion (do 85,6%) oraz obniżenie zawartości kwasu linolenowego (do 1,8%) natomiast zawartość tłuszczu wahała się w granicach 40,1-51,0%, zawartość sumy glukozyolanów wynosiła od 5,3 do 25,1  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion, a glukozyolanów alkenowych od 1,7 do 22,6  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion).

Obecnie w pracach hodowlanych, poza wysokim plonowaniem i zmienioną zawartością kwasów tłuszczowych w oleju nasion dąży się również do uzyskiwania odmian wysokotłuszczowych o znacznie obniżonej zawartości związków antyżywnościowych (glukozyolany). Do tych badań wykorzystano kolekcję własną (uzyskaną w wyniku krzyżowań w obrębie gatunku *Brassica napus* L) form wysokooleinowych, form wysokotłuszczowych i niskoglukozyolanowych. Z wyselekcjonowanych izolowanych 196 pojedynczych roślin typu wysokotłuszczowego i niskoglukozyolanowego do dalszych badań wybrano 23 genotypy pokoleń  $F_9$ — $F_7$  o wysokiej zawartości tłuszczu (do 48,0%) oraz o ustabilizowanej bardzo niskiej zawartości glukozyolanów alkenowych (od 0,2 do 2,0  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion) i sumy glukozyolanów (od 1,6 do 5,4  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion). Zawartość kwasu oleinowego w badanych genotypach wahała się od 74,8 do 80,8%.

Ze względu na łagodny przebieg zimy stwierdzono małe zróżnicowanie genotypów pod względem przezimowania. Stwierdzono duże różnice pod względem wczesności. Wyodrębniono 13 rekombinantów bardzo wczesnych, pożądaných w hodowli. Badane formy nie wykazały zróżnicowania pod względem wylegania.

Do badań jesienią 2015r. włączono 89 nowych linii rekombinacyjnych typu HO i HOLL pokolenia  $F_2$  charakteryzujących się zawartością tłuszczu w nasionach do 51,7%, wysoką zawartością kwasu oleinowego (do 81,1%), niską zawartością kwasu linolenowego (do 2,1%) oraz 57 linii niskoglukozyolanowych pokolenia  $F_5$ — $F_4$  o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (do 80,7%), niskiej zawartości glukozyolanów alkenowych (0,5  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion) i wysokiej zawartości tłuszczu (do 51,4%). Powyższe genotypy oceniono pod względem wschodów roślin (skala 1-9<sup>0</sup>) oraz stanu roślin przed zimą (skala 1-9<sup>0</sup>).

#### Wnioski

W wyniku przeprowadzonych badań poszerzono pulę genową o wyselekcjonowane linie rekombinacyjne typu HO i HOLL łączące cechy wysokiej zawartości tłuszczu i niskiej zawartości glukozyolanów alkenowych. Wyselekcjonowano 24 genotypy typu HO charakteryzujące się bardzo wysoką zawartością kwasu oleinowego w oleju nasion (77,0–81,0%), wysoką zawartością tłuszczu (45,5–51,4%) oraz niską zawartością glukozyolanów alkenowych (0,2–2,2  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion). Ponadto uzyskano 12 genotypów typu HOLL o wysokiej zawartości kwasu oleinowego (76,1–85,6%) i obniżonej zawartości kwasu linolenowego (1,8–4,0%), wysokiej zawartości tłuszczu (45,2–51,0%) oraz o obniżonej zawartości glukozyolanów alkenowych (1,7–7,1  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion).

#### Literatura

Rakow G., Relf-Eckstein J.A., Raney J.P. 2007. Rapeseed genetic research to improve its agronomic performance and seed quality. *Helia*, 30 (46): 199-206.

Spasibionek S. 2006. New mutants of winter rapeseed (*Brassica napus* L.) with changed fatty acid composition. *Plant Breeding*, 125: 259-267.

## **Temat badawczy 2**

Określenie determinacji genetycznej cech jakościowych

### Cel tematu badawczego 2

Wyprowadzenie drogą krzyżowań przemiennych nowych form rzepaku o zróżnicowanej zawartości 18-to węglowych kwasów tłuszczowych jedno- i wielonienasyconych, o podwyższonej zawartości tłuszczu i ekstremalnie niskiej zawartości glukozyolanów dla określenia determinacji genetycznej ważnych cech fenotypowych. Cel został osiągnięty w całości.

### Materiały i metody

Materiał do krzyżowań przemiennych stanowiło 10 genotypów obejmujących: 1 linię mutantu typu LL ze znacznie obniżoną zawartością kwasu linolenowego (2,2%), 1 linię mutantu typu HO z wysoką zawartością kwasu oleinowego (79,0%), 1 rekombinant typu HO z wysoką zawartością kwasu oleinowego (82,0%), 2 rekombinanty typu HOLL z wysoką zawartością kwasu oleinowego (79,6; 79,6%) i niską zawartością kwasu linolenowego (2,8; 2,4%), 1 odmiana Monolit o typowym dla odmian rzepaku ozimego składzie kwasów tłuszczowych, tłuszczu i glukozyolanów, 2 rekombinanty o wysokiej zawartości tłuszczu (53,6; 53,1%) oraz 2 rekombinanty o ekstremalnie niskiej zawartości sumy glukozyolanów alkenowych (0,2; 0,2  $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion).

Wzrost roślin i prowadzenie krzyżowań przebiegały w warunkach szklarniowych. W celu uzyskania większej ilości nasion niezbędnych do założenia doświadczeń na podstawie których określona będzie determinacja genetyczna ważnych cech fenotypowych oraz ocena genotypów pod względem interakcji ze środowiskiem jesienią 2015 roku zostały powtórzone krzyżowania w szklarni z wybranymi wcześniej genotypami. Nasiona wybranych genotypów wysiano do doniczek. Rośliny w fazie pięciu

liści poddano jarowizacji przez okres sześciu tygodni. Dalszy wzrost roślin i prowadzenie krzyżowań przebiega w warunkach szklarniowych.

#### Wyniki i dyskusja

Dla ulepszenia wartości gospodarczej otrzymanych mutantów i rekombinantów o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolowego i linolenowego oraz rekombinantów o wysokiej zawartości tłuszczu i niskiej zawartości glukozydów alkenowych konieczna jest wiedza na temat ekspresji genów tych cech. Określenie wpływu efektów cytoplazmatycznych, genetycznych (jądrowych) matki czy zarodka na zawartość badanych cech, pozwala na odpowiedni wybór kierunku krzyżowania. Dla dokładniejszej oceny sposobu dziedziczenia kwasów: oleinowego, linolowego i linolenowego oraz tłuszczu i glukozydów alkenowych wybrano do badań genotypy rzepaku ozimego o znacznym zróżnicowaniu tych cech.

Z przeprowadzonych 250 krzyżowań w układzie 10x10 uzyskano 90 mieszańców o zróżnicowanych parametrach jakościowych, które wykorzystane będą do przeprowadzenia sposobu dziedziczenia i odziedziczalności badanych cech.

### **Temat badawczy 3**

Ocena genotypów w doświadczeniach porównawczych

#### Cel tematu badawczego 3

Ocena wybranych linii mutantów i rekombinantów pod względem cech jakościowych i agronomicznych na podstawie przeprowadzonych doświadczeń porównawczych. Cel został osiągnięty w całości.

#### Materiały i metody

Do badań wykorzystano genotypy wysokooleinowe (typ HO) oraz genotypy o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego (typ HOLL), genotypy o znacznie podwyższonej zawartości tłuszczu oraz o ekstremalnie niskich zawartościach sumy glukozydów i glukozydów alkenowych. Ocena wybranych 25 genotypów pod względem cech jakościowych i agronomicznych przeprowadzona została w doświadczeniach polowych w dwóch lokalizacjach, Stacjach Hodowli Roślin: Borowo „Spółka Hodowli Roślin Strzelce” i Łagiewniki „Spółka Hodowli Roślin Smolice” w układzie bloków losowanych kompletnych, w czterech powtórzeniach.

Po ruszeniu wegetacji wiosną 2015 wykonano następujące pomiary i obserwacje: bonitacja przezimowania (skala 1–9), liczenie roślin na oznaczonej na poletku powierzchni 3 m<sup>2</sup>, pomiar zawartości chlorofilu w liściach, oznaczanie daty początku kwitnienia w celu określenia wczesności, oznaczanie daty końca kwitnienia, wysokość roślin (cm), wyleganie (skala 1–9).

Analiza struktury plonu (przed zbiorem do pomiarów biometrycznych pobierano z każdego genotypu po 5 kolejnych roślin z każdego poletka (4 powtórzenia) w celu dokładnego oznaczenia podstawowych elementów składowych plonu takich jak: liczba rozgałęzień, liczba łuszczyń na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyźnie, masa 1000 nasion.

W Oddziale Borowo zbiór nasion z poletek o powierzchni 12 m<sup>2</sup> przeprowadzono 28.07.2015r. natomiast w Oddziale Łagiewniki z poletek o powierzchni 9,6 m<sup>2</sup> 20.07.2015r. Zbiory wykonano jednofazowo przy pomocy kombajnu poletkowego. Oszacowano plon nasion w przeliczeniu na q/ha.

W zebranych nasionach oznaczono: zawartość tłuszczu (% s.m.), zawartość kwasów tłuszczowych (%) oraz zawartość sumy glukozydów i glukozydów alkenowych ( $\mu\text{M g}^{-1}$  nasion).

Jesienią założono drugą serię doświadczeń porównawczych (25 genotypów doświadczalnych x 4 powtórzenia x 2 lokalizacje: Stacja Hodowli Roślin: Borowo „Spółka Hodowli Roślin Strzelce” i Łagiewniki „Spółka Hodowli Roślin Smolice”) w układzie bloków losowanych.

Jesienią na nowo założonych doświadczeniach przeprowadzono następujące pomiary i obserwacje: bonitacja wschodów, bonitacja stanu roślin przed zimą (skala 1-9), liczenie roślin na oznaczonej na poletku powierzchni 3 m<sup>2</sup>, pomiar zawartości chlorofilu w liściach.

Analizy wariancji, wyznaczenie współczynników korelacji oraz porównanie średnich wykonano z wykorzystaniem programu EXEL i STATISTICA.

#### Wyniki i dyskusja

W trakcie wegetacji wiosną 2015 dokonano oceny przezimowania. Ze względu na łagodny przebieg zimy cecha ta nie różnicowała badanych genotypów. Przeprowadzone pomiary zawartości chlorofilu w liściach w sposób wysoce istotny różnicowały genotypy. Najwyższą koncentracją chlorofilu charakteryzowało się 10 genotypów powyżej 60,0 jednostek SPAD. Badane genotypy pod względem wczesności były wysoce istotnie zróżnicowane, najwcześniej zakwitły 2 rekombinanty typu HOLL z genotypem mutantu LL (109; 112 dni od początku roku), które można zaliczyć do form najwcześniejszych. Rekombinanty te charakteryzowały się najdłuższym okresem kwitnienia (33 dni). Wysokość roślin nie była istotnie zróżnicowana i mieściła się w granicach (126-158 cm.). Genotypy

nie wykazały zróżnicowania pod względem wylegania. Badane genotypy oceniono pod względem cech struktury plonu. Cechy: liczba rozgałęzień na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce oraz masa 1000 nasion istotnie różnicowały genotypy. Sporządzona synteza wyników dla 25 obiektów wykazała, że plon nasion istotnie różnicował badane genotypy w tym 13 obiektów plonowało powyżej średniej ogólnej. Natomiast linia 1732/14 (53,7 dt/ha) typu HO o niskiej zawartości glukozyolanów plonowała powyżej odmiany wzorcowej Monolit (52,0 dt/ha). Pod względem zawartości tłuszczu 15 linii (47,0–50,6%) istotnie przewyższała odmianę mieszańcową (Visby F1–46,9%) natomiast odmianę Monolit (47,2%) 11 linii (47,4–50,6%). Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono wysoką istotność zróżnicowania genotypów pod względem składu kwasów tłuszczowych w oleju nasion. Badane linie typu HO utrzymały istotnie wysoką zawartość kwasu oleinowego w przedziale 73,6–77,9%, natomiast linie typu HOLL wysoką ustabilizowaną zawartość kwasu oleinowego na poziomie 77,1–77,3% i obniżoną zawartością kwasu linolenowego na poziomie 4,6–5,1%. Stwierdzono również wysoką istotność zróżnicowania genotypów pod względem zawartości sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych. W stosunku do odmian wzorcowych Visby F1 (12,2 μM g<sup>-1</sup> nasion; 8,3 μM g<sup>-1</sup> nasion) i Monolit (11,7 μM g<sup>-1</sup> nasion; 8,1 μM g<sup>-1</sup> nasion) niższą zawartością sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych charakteryzowało się odpowiednio 17 i 16 genotypów.

Obliczono współczynniki korelacji pomiędzy plonem nasion genotypów, składnikami plonu oraz zawartością tłuszczu i kwasów tłuszczowych. Stwierdzono wysoce istotną dodatnią korelację między plonem nasion, liczbą nasion w łuszczyńce (0,731) i zawartością kwasu linolenowego w oleju nasion (0,639). Istotnie dodatnią zależność stwierdzono również pomiędzy liczbą rozgałęzień, a liczbą łuszczyń na roślinie (0,646) oraz pomiędzy liczbą nasion w łuszczyńce, a długością łuszczyń (0,571). Wysoce istotnie ujemną korelację stwierdzono między plonem nasion, a zawartością kwasu oleinowego w oleju nasion (–0,579).

Jesienią 2015 r. na nowozałożonych doświadczeniach serii drugiej przeprowadzono ocenę wschodów, która nie różnicowała badanych genotypów. Dokonano pomiaru zawartości chlorofilu w liściach. Cecha ta istotnie różnicowała genotypy. Największe zaburzenia syntezy chlorofilu zaobserwowano u 2 rekombinantów typu HO i jednego rekombinanta typu HOLL. Istotnie największą koncentracją chlorofilu w liściach, powyżej 61 jednostek SPAD charakteryzowały się 4 genotypy typu HOLL. Na podstawie oceny stanu roślin przed zimą stwierdzono brak zróżnicowania genotypów pod względem tej cechy.

#### Wnioski

Otrzymało 2 rekombinanty typu HOLL z genotypem mutanta LL (109; 112 dni od początku roku), które można zaliczyć do form najwcześniejszych pożądanym w hodowli.

Na podstawie syntezy wyników stwierdzono wysokie plonowanie (powyżej odmiany wzorcowej Monolit (52,0 dt/ha) linii 1732/14 (53,7 dt/ha) typu HO o niskiej zawartości glukozyolanów.

Plon nasion determinowany był przez liczbę nasion w łuszczyńce (0,731).

#### **Temat badawczy 4**

Genotypowanie roślin

##### Cel tematu badawczego 4

Monitorowanie występowania niezmutowanych i zmutowanych alleli genów desaturaz *FAD2* i *FAD3* w liniach obejmujących rekombinanty typu HO, LL, HOLL oraz ich formy rodzicielskie z wykorzystaniem markerów genetycznych. Cel został osiągnięty w całości.

##### Materiały i metody

Po ocenie wartości agronomicznej badanych 310 genotypów oraz po wykonaniu analizy biochemicznej składu kwasów tłuszczowych w oleju nasion po zbiorze, do dalszych badań wybrano 100 genotypów o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i niskiej zawartości kwasu linolenowego. Na tym materiale wykonano 100 prób genomowego DNA. Analizę wykonano za pomocą metody CAPS. Dla DNA wyizolowanego z 100 linii rzepaku wykonano reakcję PCR ze starterami H3H4CON1 i H3H4CON2 w celu amplifikacji odcinka DNA o długości 732pz, stanowiącego fragment badanego genu *BnaA.FAD2*. Stężenie jonów magnezu (Mg<sup>2+</sup>) w tej reakcji wynosiło 1,25 mM, zaś temperatura przyłączania starterów (T<sub>a</sub>) to 60°C. Produkt reakcji PCR poddawano reakcji trawienia przy użyciu enzymu restrykcyjnego *FspBI* (Fermentas), rozpoznającego sekwencję 5'-C↓TAG-3', a następnie produkty tej reakcji rozdzielano za pomocą elektroforezy w 1,8% żelu agarozowym, wybarwiano bromkiem etydyny i obserwowano w świetle UV. Natomiast występowanie form allelicznych genów *FAD3* było monitorowane z zastosowaniem allelo-specyficznych markerów metodą SNaPshot.

##### Wyniki i dyskusja

Użyte do selekcji markery typu CAPS i SNP umożliwiają jednoznaczną identyfikację zmutowanych form allelicznych genów desaturazy *FAD2* w genomie A *B. napus* i desaturazy *FAD3* w genomach A i C *B. napus* odpowiedzialnych za zawartości odpowiednio kwasu oleinowego i linolenowego w oleju nasion linii mutantów i rekombinatów typu HO i HOLL rzepaku ozimego (Mikolajczyk i wsp., 2010). Zastosowane metody badawcze analizy należą do unikalnych w świecie (Hu i in., 2006), stanowiąc efektywne narzędzie selekcji materiałów roślinnych do dalszych badań.

W analizie przeprowadzonej metodą CAPS wśród 100 badanych prób wykryto 5 homozygotycznych prób o genotypie HOR3/HOR3, a także 10 homozygotycznych prób o genotypie HOR4/HOR4 oraz 5 prób o genotypie Dziki/HOR4. Pozostałe próby wykazały genotyp Dziki/Dziki.

Analizy na obecność zmutowanych alleli desaturazy *FAD3* w genomach A i C *B. napus* przeprowadzone metodą SNaPshot wykazały, że spośród 100 przebadanych genotypów zidentyfikowano 20 genotypów zmutowanych i homozygotycznych w obu loci (genotyp aacc), 21 genotypów typu dzikiego (AACC) oraz różne formy heterozygotyczne: AAcc, Aacc, AaCc, AACc, AaCC, aaCC, aaCC. Na podstawie tych analiz wyodrębniono 15 form typu HOLL pożądanych w tych badaniach, w których stwierdzono kumulację zmutowanych alleli genów desaturaz *FAD2* i *FAD3* w genomach A i C *B. napus* oraz 1 formę typu HO ze zmutowanymi allelami genu *FAD2*.

#### Wnioski

Zastosowana analiza z wykorzystaniem markerów genetycznych pozwoliła wyselekcjonować 15 wartościowych wysokooleinowych i niskolinolenowych form rzepaku typu HOLL oraz 1 formę typu HO.

#### Literatura

Hu X., Sullivan ML., 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.  
Mikolajczyk K., Dabert M., Karłowski W. M., Spasibionek S., Nowakowska J., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I. 2010. Allele-specific SNP markers for the low linolenic mutant genotype of winter oilseed rape. *Plant Breeding* 129: 502-507.