L.p. w zał. do Rozporządzenia MRiRW: 48

Tytuł zadania: **Badanie genomu rzepaku przy wykorzystaniu markerów molekularnych**

Kierownik zadania: **prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda**

**Zadanie było realizowane w ramach trzech tematów badawczych:**

Temat badawczy 1: Charakterystyka molekularna genotypów rzepaku stanowiących obiekt badań w IHAR-PIB, Oddział w Poznaniu

Cel tematu badawczego 1:

Analiza molekularna genotypów rzepaku stanowiących obiekt badań w IHAR-PIB, Oddział w Poznaniu, z wykorzystaniem wysoko-przepustowej mikromacierzy SNP-chip 15K BRASSICA, monitorowanie występowania genu restorera *Rfo* i męsko-sterylnej cytopazmy typu *ogura* z zastosowaniem markerów SCAR w systemie multipleks, zmutowanych form desaturaz FAD2 i FAD3 z zastosowaniem, odpowiednio, allelo-specyficznych markerów CAPS oraz analizy SNaPshot, a także określenie zróżnicowania genetycznego przy użyciu markerów mikrosatelitarnych.

Materiały, metody i wyniki:

Materiał roślinny stanowiły kolekcje rzepaku ozimego: PB14-17 i PB17-20 będące obiektami badań w ramach projektu, kolekcja heterozyjna IHAR - KH19 i kolekcja referencyjna IHAR - KR19 (łącznie 85 genotypów rzepaku ozimego).

Wybrane genotypy kolekcji rzepaku monitorowano markerami typu SCAR w systemie Multipleks SCAR, kodominującymi markerami typu CAPS, markerami mikrosatelitarnymi (STR) oraz analizowano z zastosowaniem mikromacierzy SNP-chip 60K RASSICA, a także rozpoczęto analizy kolekcji 85 genotypów z wykorzystaniem wysokoprzepustowej techniki- mikromacierzy SNP-chip 15K BRASSICA.

Określono zróżnicowanie genetyczne pomiędzy genotypami badanych kolekcji, a analiza z wykorzystaniem wysokoprzepustowej mikromacierzy SNP-chip 60K BRASSICA wykazała istotną odrębność linii resyntetyzowanej z genotypów ancestralnych, zawierającej gen restor *Rf*, od rzepaku naturalnego.

Temat badawczy 2: Charakterystyka fenotypowa badanych genotypów kolekcji PB17-20 IHAR-PIB, Oddz. Poznań

Cel tematu badawczego 2: Ocena zmienności fenotypowej nowej kolekcji 25 genotypów rzepaku ozimego PB17-20 w wielopowtórzeniowych doświadczeniach polowych z uwzględnieniem warunków środowiskowych.

Materiał, metody i wyniki:

25 genotypów kolekcji rzepaku ozimego PB 17-20 fenotypowano w doświadczeniach polowych założonych w dwóch środowiskach, w układzie bloków kompletnie zrandomizowanych, w trzech powtórzeniach. Oceniono przezimowanie, obsadę roślin na poletku, plon nasion, cechy struktury plonu oraz zawartość tłuszczu, białka, włókna, glukozynolanów i skład kwasów tłuszczowych.

Badano kolekcja PB 17-20 charakteryzowała się istotnym zróżnicowaniem pod względem większości ocenianych cech. Wyniki uzyskane w tym sezonie wegetacyjnym jak również w poprzednim pozwoliły na wykonanie analiz asocjacyjnych wybranych cech fenotypowych z markerami molekularnymi.

Temat badawczy 3: Analizy asocjacyjne pomiędzy genotypem a ważnymi gospodarczo cechami ilościowymi badanej kolekcji PB17-20.

Cel tematu badawczego 3: Badanie asocjacji pomiędzy cechami fenotypowymi z markerami genetycznymi typu SCAR, CAPS i SNaPshot, STR oraz AFLP w celu wyznaczenia markerów związanych w istotny sposób z ważnymi gospodarczo cechami ilościowymi badanej kolekcji.

Materiał i metody:

Analizy asocjacyjne przeprowadzono w oparciu o genotypowanie 25 obiektów badanej kolekcji PB17-20 z zastosowaniem: dwóch markerów typu SCAR (CMS i Rfo), dwóch markerów CAPS dla FAD2 (HOR3 i HOR 4), czterech markerów typu SNAPshot dla FAD3 (niezmutowane i zmutowane allele genów desaturaz FAD3 w genomach A i C rzepaku), 10 kombinacji starterów AFLP oraz 85 loci STR – łącznie 103 różne analizy molekularne.

Analizy asocjacyjne genotypu z fenotypem przeprowadzono uwzględniając 7 cech: wczesność, długość kwitnienia, plon nasion i cechy struktury plonu (długość łuszczyny, liczba nasion w łuszczynie, MTN) oraz zawartość tłuszczu w nasionach. Wszystkie analizy wykonano z zastosowaniem pakietu GenStat 18.

Wyniki:

Zaobserwowano 1241 asocjacji markerów z przynajmniej jedną cechą w przynajmniej jednym środowisku. Markery związane z poszczególnymi cechami na poziomie istotności p= 0.05 scharakteryzowano następującymi parametrami: procent zmienności badanej cechy wyjaśnianej przez dany marker, wartość estymatora oraz wartość prawdopodobieństwa popełnienia błędu pierwszego rodzaju (F pr.).

Procent całkowitej zmienności fenotypowej plonu nasion i cech struktury plonu wyjaśnianej przez poszczególne markery wyniósł dla: plonu nasion od 19,02% do 21,16%, długości łuszczyny od 21,66% do 23,63%, liczby nasion w łuszczynie od 20,97% do 25,1%, dla MTN od 27,05% do 35,1%. Natomiast dla takich cech fenotypowych jak wczesność od 16,87% do 17,7% i długość okresu kwitnienia od 18,0% do 20,75%, a dla zawartości tłuszczu w nasionach od 18,43 do 40,35%.

**Podsumowanie**

1.Scharakteryzowano kolekcję rzepaku ozimego PB17-20 z zastosowaniem markerów DNA typu SCAR, SNP oraz CAPS, a także określono zróżnicowanie genetyczne badanych genotypów stosując 85 loci STR.

2. Przeprowadzono analizę fenotypową kolekcji rzepaku ozimego PB17-20 na podstawie doświadczeń wykonanych w dwóch środowiskach dla cech: plon nasion, długość łuszczyny, liczba nasion w łuszczynie, MTN, wczesność i długość kwitnienia, zawartość tłuszczu, białka, włókna, glukozynolanów i skład kwasów tłuszczowych.

3. Określono asocjacje markerów molekularnych z cechami fenotypowymi kolekcji rzepaku PB17-20. Zidentyfikowano grupy markerów zasocjowanych z plonem nasion i innymi cechami fenotypowymi.

4. Rozpoczęto analizę genotypową obu kolekcji będących obiektami badań w ramach projektu (PB14-17 i PB17-20) z wykorzystaniem wysokoprzepustowych analiz mikromacierzy SNP-chip 15K BRASSICA i 60K BRASSICA (TraitGenetics GmbH, Gatersleben, Niemcy), w celu zwiększenia specyficzności analiz asocjacyjnych i identyfikacji markerów DNA mogących ułatwić selekcję genotypów rzepaku o wysokiej wartości agronomicznej.

W 2019 roku przedstawiono uzyskane wyniki badań w zadaniu 48 na następujących konferencjach:

15th International Rapeseed Congress „Flowering for the Future”, 16.06 — 19.06.2019 r., Berlin, Niemcy, plakat, abstract: 239 (#257, www.IRC. 2019. Berlin). **Association of microsatellite and AFLP markers with traits of agronomic importence in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.).** Liersch A., Mikołajczyk K., Bocianowski J., Nowakowska J., Matuszczak M., Michalski K., Krótka K., Popławska W., Bartkowiak-Broda I.

XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, 5.02 — 8.02.2019 r., Zakopane, plakat, streszczenia: 157-158 (pendrive). **Analiza asocjacji markerów mikrosatelitarnych i AFLP z elementami struktury plonu i plonem kolekcji genotypów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.).**Liersch A., Bocianowski J., Poplawska W., Michalski K., Krótka K., Mikołajczyk K., Nowakowska J., Matuszczak M., Wolko J., Bartkowiak-Broda I.

IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych”, 05.11 — 07.11.2019 r., Poznań, plakat, streszczenie: 73 (pendrive). Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie zróżnicowania genetycznego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Matuszczak M., Kopeć P., Wolko J., Liersch A., Szała L., Sosnowska K., Cegielska-Taras T., Mikołajczyk K., Karłowski W., Bartkowiak-Broda I.