

Zadanie 48: Badanie genomu rzepaku przy wykorzystaniu markerów molekularnych

Okres realizacji 2014-2020



Kierownik: Prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, IHAR-PIB Oddział Poznań
e-mail i.bart@nico.ihar.poznan.pl

Zespół wykonawców projektu

Prof. dr hab. Iwona Bartkowiak-Broda

Dr hab. Alina Liersch

Dr hab. Katarzyna Mikołajczyk

Dr Marcin Matuszczak

Mgr inż. Joanna Nowakowska

Mgr Joanna Wolko

Katarzyna Śliwińska

Mariola Ebertowska, Czesława Fink

Danuta Gawlak, Beata Żyto

Sławomir Hoffa, Jacek Kwiatek

Cele projektu

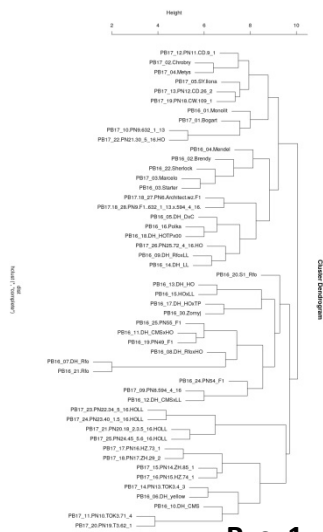
- ❑ Określenie struktury genetycznej populacji obejmującej 50 genotypów dwóch kolekcji rzepaku badanych w projekcie: PB14-17 i PB17-20, z włączeniem 35 genotypów dodatkowych, obejmujących nowe linie hodowlane mieszańców F1 oraz ich linie rodzicielskie, jak również zarejestrowane odmiany hodowlane, przy użyciu markerów mikrosatelitarnych (SSR) oraz mikromacierzy Brassica 15K. Ponadto, monitorowanie czystości genotypów przy użyciu specyficznych markerów DNA – cel osiągnięto; zrealizowano w ramach **Tematu badawczego 1**: “Charakterystyka molekularna genotypów rzepaku stanowiących obiekt badań w IHAR-PIB, Oddział w Poznaniu.”
- ❑ Ocena zmienności fenotypowej 50 genotypów rzepaku ozimego w dwóch kolekcjach: PB14-17 i PB17-20, badanych w wielopowtórzeniowych doświadczeniach polowych z uwzględnieniem warunków środowiskowych – cel osiągnięto; zrealizowano w ramach **Tematu badawczego 2**: “Fenotypowanie roślin pod względem cech agronomicznych i biochemicznych.”
- ❑ Analizy asocjacji GWAS (genome-wide association study) pomiędzy genotypem, a 6 badanymi cechami fenotypowymi z wykorzystaniem markerów SSR, jak również SNP Brassica 15K – cel osiągnięto; zrealizowano w ramach **Tematu badawczego 3**: “Analizy asocjacyjne pomiędzy genotypem a plonem nasion i ważnymi gospodarczo cechami fenotypowymi.”

Materiały i Metody

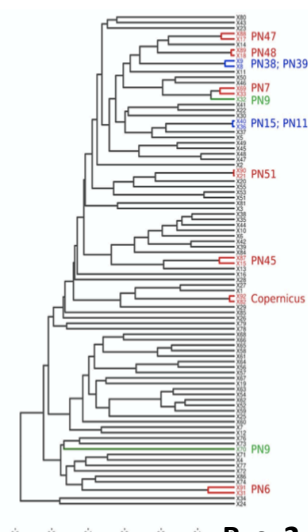
1. Materiał roślinny – populacja 50 genotypów rzepaku ozimego w dwóch kolekcjach PB14-17 i PB17-20, obejmujących: 37 nowych genotypów linii hodowlanych oraz 13 odmian zarejestrowanych. Nowe genotypy obejmowały: 4 mieszańce F1 w systemie ogu-INRA, 9 komponentów rodzicielskich mieszańców F1 – linie z genem restorerem *Rfo* i męsko-sterylną cytoplazmą *ogura* (CMS), 15 linii rekombinacyjnych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego (typ canola), 3 linie rekombinacyjne mutantów o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego C18:1 w oleju nasion (typ HO), 5 linii rekombinacyjnych mutantów typu HOLL (o podwyższonej zawartości kwasu C18:1 i obniżonej kwasu linolenowego C18:3, LL), jak również 1 linia semi-RS. Ponadto, 35 genotypów dodatkowych obejmujących, inne niż w obu kolekcjach, nowe mieszańce F1 i ich formy rodzicielskie, a także odmiany zarejestrowane.
2. Analizy genotypu – badanie pokrewieństwa genetycznego w obrębie 50 genotypów dwóch kolekcji przy użyciu markerów 109 loci SSR, jak również w obrębie 85 genotypów (dwie kolekcje oraz 35 genotypów dodatkowych) przy użyciu mikromacierzy SNP-chip 15K BRASSICA (TraitGenetics, Gatersleben, Niemcy) oraz analizy z wykorzystaniem narzędzi w środowisku R; Identyfikacja genotypów z genem restorerem *Rfo* oraz posiadających męskosterylną cytoplazmę CMS *ogura* w genotypach form rodzicielskich oraz mieszańców F1 w badanych kolekcjach przy użyciu testu 'multipleks SCAR'; Identyfikacja sekwencji nukleotydowych specyficznych dla mutacji HOR3 i HOR4 w genie desaturazy *BnaA.FAD2* w genotypach rzepaku typu HO i HOLL przy użyciu markera CAPS; Identyfikacja form allelicznych genów desaturazy FAD3 w genomach A i C linii niskolinolenowych mutantów rzepaku oraz ich rekombinantów, typ HOLL przy użyciu analizy SNaPshot.
3. Doświadczenia polowe: genotypy z kolekcji PB14-17 i PB17-20 badano w wielo-powtórzeniowych doświadczeniach polowych w dwóch lokalizacjach: Borowo - HR Strzelce Grupa IHAR i Łągiwniki - HR Smolice Grupa IHAR, w układzie bloków losowanych kompletnych, w trzech sezonach wegetacyjnych. Kolekcję PB14-17 badano odpowiednio w sezonach 2014/2015, 2015/2016 i 2016/2017, a kolekcję PB17-20 w sezonach 2017/2018, 2018/2019 oraz 2019/2020.
4. Analiza fenotypu: Obserwacje i pomiary - wschody, stan roślin przed zimą, przezimowanie (skala 1-9⁰), pomiar zawartości chlorofilu w liściach jesienią i wiosną, wczesność (liczba dni od początku roku), długość kwitnienia (liczba dni), wysokość roślin, wyleganie (skala 1-9⁰). Analiza struktury plonu: liczba rozgałęzień, liczba łuszczyn na roślinie, długość łuszczyn, liczba nasion w łuszczynie, masa 1000 nasion, plon nasion. Ocena biochemiczna: zawartość kwasów tłuszczowych: oleinowego, linolowego, linolenowego, zawartość sumy glukozyolanów i glukozyolanów alkenowych (metodą chromatografii gazowej), zawartość tłuszczu w nasionach (wykonana szerokopasmowym analizatorem magnetycznym (NMR) firmy Newport Instruments Ltd), zawartość białka i włókna - ADF, NDF (metodą NIRS bliskiej podczerwieni).
5. Wyniki doświadczeń polowych opracowano statystycznie przy pomocy arkusza kalkulacyjnego Excel, pakietu STATISTICA; analizę interakcji genotypowo-środowiskowej wykonano za pomocą modelu AMMI.
6. Analizy asocjacyjne GWAS: przy użyciu markerów SSR i AFLP, z zastosowaniem programu GenStat; przy użyciu mikromacierzy Brassica 15K – przeprowadzono w oparciu o mapę fizyczną markerów sporządzoną na podstawie przyrównania lokalnego sekwencji flankujących markery do genomu referencyjnego Darmor-*bzh* 4.1 (Chalhoub 2014). Dla każdego fenotypu przeprowadzono 4 analizy posługując się modelami GLM, MLM, FarmCPU oraz BLINK.

Wyniki

1. Charakterystyka molekularna genotypów rzepaku stanowiących obiekt badań w IHAR-PIB, Oddział w Poznaniu



Rys. 1.



Rys. 2.

- Określono zróżnicowanie genetyczne w obrębie 50 genotypów badanych kolekcji PB14-17 i 17-20 z wykorzystaniem markerów 109 loci SSR i przedstawienie graficzne w formie dendrogramu (Rys. 1.). Zdefiniowano 420 alleli polimorficznych dla kolekcji PB14-17, od 2 do 9 alleli na 1 locus, oraz 316 dla kolekcji PB17-20, od 2 do 7 alleli na 1 locus. Analiza ta umożliwiła określenie grup heterotycznych wskazujących na pokrewieństwo genetyczne pomiędzy nowo-wytwarzanymi liniami hodowlanymi, w odniesieniu do odmian zarejestrowanych;
- Z włączeniem dodatkowych 35 genotypów obejmujących zarejestrowane odmiany, a także nowe linie mieszańców F1 i ich formy rodzicielskie, określono zróżnicowanie genetyczne dla puli 85 genotypów z wykorzystaniem 7393 różnicujących polimorfizmów SNP zdefiniowanych przy użyciu mikromacierzy 15K Brassica i przedstawiono w formie dendrogramu (Rys. 2). Zdefiniowane grupy heterotyczne stanowią cenną informację, niezbędną dla dalszych badań genetyczno-hodowlanych.

- Zdefiniowano 10 genotypów z Rfo i CMS, oraz 4 z CMS (Tabela 1.). Potwierdzenie czystości genotypów linii rodzicielskich z Rfo oraz mieszańców F1 jest niezbędne, ponieważ fenotypowo nie różnią się od linii populacyjnych w hodowli rekombinacyjnej;
- Zdefiniowano 1 genotyp homozygotyczny oraz 7 heterozygotycznych ze względu na obecność zmutowanych alleli FAD2, odpowiedzialnych za podwyższoną zawartość kwasu oleinowego C18:2 w oleju nasion (Tabela 2.);
- Zdefiniowano 3 genotypy homozygotyczne oraz 2 heterozygotyczne ze względu na obecność zmutowanych alleli genów FAD3, decydujących o niskiej zawartości kwasu linolenowego C18:3 w oleju nasion form LL i HOLL w badanych kolekcjach (Tabela 3.). Formy te będą dalej wykorzystywane w eksperymentach hodowlanych.

Tabela 1.		'PB'/ genotyp	Rfo	CMS
1.	14-17_PN37_Rfo1341		Rfo	CMS
2.	14-17_PN38_RfoH0rek		Rfo	CMS
3.	14-17_PN39_RfoLLrek		Rfo	CMS
4.	14-17_PN40_CMS64		brak	CMS
5.	14-17_PN41_CMSH0rek		brak	CMS
6.	14-17_PN42_CMSLLrek		brak	CMS
7.	14-17_PN49_F1_952HO		Rfo	CMS
8.	14-17_PN50_S1RfoHO		Rfo	CMS
9.	14-17_PN51_RfoS1		Rfo	CMS
10.	14-17_PN54_F1_91x93		Rfo	CMS
11.	14-17_PN55_F1_936		Rfo	CMS
12.	17-20_PN820-2		Rfo	CMS
13.	17-20_PN7_PNM5_CMS		brak	CMS
14.	17-20_PN9_PNF1RS		Rfo	CMS

Tabela 2.		'PB'/ genotyp	FAD2_A
1.	14-17_HOmut		mut/mut
2.	14-17_HOmxLLm		wild/mut
3.	14-17_F1952HO		wild/mut
4.	14-17_S1RfoHO		wild/mut
5.	17-20_PN21HOLL30		wild/mut
6.	17-20_PN22HOLL34		wild/mut
7.	17-20_PN23HOLL40		wild/mut
8.	17-20_PN25HO		wild/mut

Tabela 3.		'PB'/ genotyp	FAD3_A	FAD3_C
1.	14-17_HOmxLLm		aa	cc
2.	17-20_PN20HOLL16		AA	cc
3.	17-20_PN22HOLL34		aa	cc
4.	17-20_PN23HOLL40		aa	cc
5.	17-20_PN24HOLL45		AA	cc

2. Fenotypowanie roślin pod względem cech agronomicznych i biochemicznych



Wyniki badań fenotypowych w doświadczeniach polowych w sześciu środowiskach wskazują na istotne zróżnicowanie obu kolekcji PB14-17 i PB 17-20 pod względem większości badanych cech (Tab. 4. Tab. 5). Tak istotne zróżnicowanie obu kolekcji pozwoliło na przeprowadzenie badań związku markerów molekularnych z wybranymi cechami fenotypowymi.

Tabela 4. Plon i cechy nasion wybranych genotypów kolekcji PB14-17 – synteza wyników cyklu trzyletnich doświadczeń porównawczych PN2 (Borowo; Łagiewniki)- 2015 - 2017

Obiekt	Plon nasion [dt/h]	Tłuszcz [%]	Białko [%]	Kwasy tłuszczowe [%]			Suma Glukozyolanów [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion]
				C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}	
Monolit	36,36	45,92	21,06	65,53	17,95	8,92	12,02
Mendel	34,44	44,35	22,76	61,68	19,81	10,95	14,85
DH D x C	40,73	44,55	22,65	70,65	11,55	10,35	12,01
Z 114	22,17	44,95	22,98	61,08	21,90	9,93	9,97
Rfo 00	23,75	44,87	21,95	67,51	18,25	9,57	11,29
CMS 64	32,35	46,23	22,48	64,75	17,40	11,13	10,28
HO SS	10,52	44,67	22,62	75,02	10,60	7,41	14,85
HOLL SS	16,51	44,58	22,84	73,73	13,83	5,39	17,28
Polka	30,39	44,72	22,57	73,93	10,28	8,38	15,57
HO TP	27,90	44,99	22,25	73,05	11,99	7,77	9,62
S43	23,92	43,56	23,32	62,68	20,85	9,33	9,21
S1	29,02	44,80	22,02	64,18	18,90	9,76	10,94
F1 CMS_S2	33,56	45,64	22,09	71,36	13,29	8,45	6,64
F1 CMS_239	34,89	46,51	21,75	74,43	9,75	8,27	7,93
F obl.	14,96**	8,01**	6,94**	27,90**	35,33**	23,64**	16,31**
NIR 0.05	3,80	0,41	0,47	2,01	1,25	0,49	1,66
NIR 0.01	5,00	0,54	0,625	2,65	1,65	0,64	2,19

Tabela 5. Plon i cechy nasion wybranych genotypów kolekcji PB17-20 – synteza wyników cyklu trzyletnich doświadczeń porównawczych PN2 (Borowo; Łagiewniki)- 2017 - 2020

Obiekt	Plon nasion [dt/h]	Tłuszcz [%]	Białko [%]	Kwasy tłuszczowe [%]			Suma Glukozyolanów [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion]
				C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}	
Chrobry	41,22	44,92	21,64	67,13	13,40	18,44	6,90
SY Ilona	40,98	44,34	22,86	66,41	14,86	17,57	8,73
Architect	61,32	44,77	22,08	64,75	16,47	19,57	8,77
CMS 632/1/18	30,02	44,58	22,92	74,73	9,42	11,26	6,86
S3	38,57	43,79	23,39	70,25	17,20	16,04	6,82
F1(632 x S3)	55,59	45,77	21,35	69,64	12,46	11,84	6,40
CD-26/2	35,41	44,36	22,79	64,69	18,95	19,69	8,37
HZ-74/1	25,27	45,22	24,81	63,87	18,97	19,01	9,87
CDS 14	42,01	43,94	22,27	68,89	12,45	15,64	8,61
TOK 3-62/1	23,51	44,35	24,16	62,42	8,77	21,94	8,91
30/5/16 HO	36,68	45,75	22,36	79,69	12,22	7,08	6,26
34/5/16	32,31	43,58	23,43	78,92	14,59	10,21	3,29
40/1+5/16	32,62	44,34	22,96	78,64	14,47	9,49	4,73
45/5+6/16	28,34	44,72	23,92	78,11	11,64	11,47	3,75
F obl.	19,09**	5,55**	11,53**	37,81**	24,76**	60,40**	52,28**
NIR 0.05	2,73	0,64	0,56	2,18	0,68	0,50	0,24
NIR 0.01	3,60	0,85	0,74	2,88	0,90	0,67	0,31

* P<0,01; **P<0,001

2. Fenotypowanie roślin pod względem cech agronomicznych i biochemicznych

Tabela 6. Analiza wariancji efektów głównych i interakcji dla wybranych cech fenotypowych kolekcji PB14-20 rzepaku ozimego

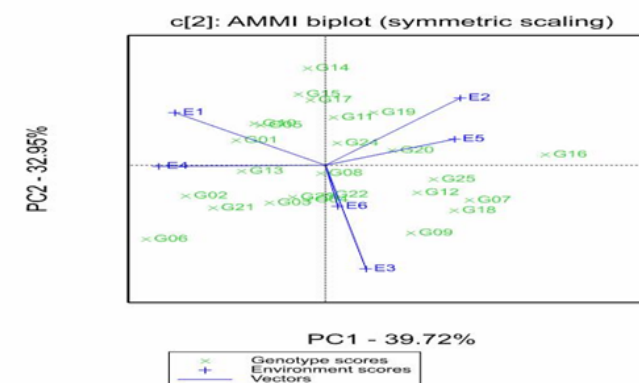
Źródło zmienności	Stopnie swobody	Średnie kwadraty				
		Tłuszcz [%]	C18:1 [%]	C18:3 [%]	G. suma [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion]	Białko [%]
Czynniki	149	16,8***	150***	9,36***	69,39***	7,01***
Genotyp G	24	19,58***	868***	46,3***	337***	10,8***
Środowisko E	5	341,9***	77,5***	31,4***	168***	130***
Interakcja G×E	118	2,74***	9,1***	1,07***	12,0***	1,14***
IPCA 1	28	4,78***	17,5***	1,68***	24,5***	1,8***
IPCA 2	26	3,47***	10,8***	1,33***	15,3***	1,35***
IPCA 3	24	2,54***	9,0***	1,23***	7,66***	0,92***

Tabela 7. Analiza wariancji efektów głównych i interakcji dla wybranych cech fenotypowych kolekcji PB17-20 rzepaku ozimego

Źródło zmienności	Stopnie swobody	Średnie kwadraty				
		Plon nasion [dt/ha]	Tłuszcz [%]	C18:1 [%]	C18:3 [%]	G. suma [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion]
Czynniki	149	747,0***	18,83***	203,1***	20,36***	70,55***
Genotyp G	24	2135,0***	45,85***	1138,3***	104,02***	296,26***
Środowisko E	5	9490,0***	207,60***	143,3***	64,20***	224,30***
Interakcja G×E	118	105,0***	5,56***	18,6***	1,81***	19,0***
IPCA 1	28	178,0***	10,90***	51,6***	4,53***	55,03***
IPCA 2	26	159,0***	7,77***	19,5***	1,81***	14,81***
IPCA 3	24	74,0***	4,26***	8,3***	1,01***	8,32***

P<0,01; *P<0,001

W wyniku przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne różnice dla wszystkich badanych cech pomiędzy badanymi genotypami i środowiskami dla obu analizowanych kolekcji rzepaku ozimego: PB 14-17 i PB 17-20 oraz istotną interakcję genotypu ze środowiskiem (Tab. 6, Tab. 7, Rys. 3). Plon nasion, zawartość tłuszczu i białka w sposób istotny zależał od warunków środowiskowych, natomiast zawartość poszczególnych kwasów tłuszczowych w sposób istotny zależała przede wszystkim od genotypu, w mniejszym stopniu była modyfikowana przez warunki środowiskowe.



Rysunek 3. Biplot interakcji genotypu ze środowiskiem dla plonu nasion [dt/h] 25 genotypów kolekcji PB17-20 rzepaku ozimego w sześciu środowiskach, (E1 - Borowo, 2018; E2 - Borowo, 2019; E3 - Borowo, 2020; E4 - Łągiewniki, 2018; E5 - Łągiewniki, 2019; E6 - Smolice, 2020), dwie składowe główne (PC1, PC2).

3. Analizy asocjacyjne pomiędzy genotypem a plonem nasion i ważnymi gospodarczo cechami fenotypowymi

Tabela 8 . Związek markerów DNA SSR i AFLP z wybranymi cechami fenotypowymi kolekcji genotypów PB14-17

Cecha/ Liczba markerów	Plon nasion	Zawartość tłuszczu	C18:1	C18:2	C18:3	Suma glukozyn.	Białko
STR – 5 środowisk	6	-	4	4	-	-	1
STR – 6 środowisk	4	1	2	2	13	2	-
AFLP– 5 środowisk	8	1	6	8	5	2	-
AFLP– 6 środowisk	3	-	6	7	4	4	-

Tabela 9 . Związek markerów DNA SSR i AFLP z wybranymi cechami fenotypowymi kolekcji genotypów PB17-20

Cecha/ Liczba markerów	Plon nasion	Zawartość tłuszczu	C18:1	C18:2	C18:3	Suma glukozyn.	Białko
STR – 5 środowisk	8	-	2	3	19	-	11
STR – 6 środowisk	10	-	38	29	9	-	-
AFLP– 5 środowisk	5	-	-	1	9	1	16
AFLP– 6 środowisk	3	-	11	8	4	2	-
SNP_Brassica 15 K, 6 środowisk, 69 genotypów	4	3 - 5	4	2 - 6	4 - 1	4 - 3	7

Na podstawie fenotypowania kolekcji PB14-17 i PB17-20 w doświadczeniach polowych w sześciu środowiskach oraz genotypowania przy użyciu markerów SSR, AFLP, jak również SNP określonych przy użyciu mikromacierzy Brassica 15K poszukiwano markerów związanych w sposób istotny z ważnymi gospodarczo cechami takimi jak: plon nasion, zawartość tłuszczu, białka i sumy glukozynolanów oraz kwasów tłuszczowych jedno- i wielonienasyconych.

Na podstawie analiz SSR i AFLP, w kolekcji PB14-17 zaobserwowano 3132 asocjacje z przynajmniej jedną cechą w przynajmniej jednym środowisku, natomiast w kolekcji PB17-20, odpowiednio 3568 asocjacji. Wyniki analiz asocjacyjnych pomiędzy markerami, a cechami fenotypowymi dla obu kolekcji przedstawiono w Tabelach 8 i 9. Najwięcej markerów SSR i AFLP było związanych z plonem nasion oraz kwasami tłuszczowymi C18:1, C18:2 i C18:3 w obu kolekcjach. Najmniej markerów było związanych z zawartością tłuszczu w nasionach w obu badanych kolekcjach, białkiem w kolekcji PB14-17 oraz sumą glukozynolanów w kolekcji PB17-20.

Na podstawie analizy danych z mikromacierzy Brassica 15K do badań asocjacyjnych wykorzystano 7393 markerów różnicujących. Z plonem nasion (MTN) związane były 4 markery SNP w przypadku modelu Blink, z zawartością tłuszczu – 3 (Blink) oraz 5 (CPU), z zawartością C18:1 – 4 SNP w przypadku modelu FarmCPU, C18:2 – 2 (Blink) oraz 6 SNP (CPU), C18:3 – 4 (Blink) oraz 1 (CPU), sumą GLS – 4 (Blink) oraz 3 (CPU), natomiast z zawartością białka w śrucie – 7 SNP (CPU). Analiza została wykonana przez prof. W. M. Karłowskiego oraz mgr P. Kopeć, UAM w Poznaniu.

Najważniejsze osiągnięcia

- ❖ Wdrożono do badań obu kolekcji rzepaku ozimego markery mikrosatelitarne (SSR), które znalazły zastosowanie zarówno w badaniach dystansu genetycznego jak również w poszukiwaniu związku z ważnymi gospodarczo cechami rzepaku.
- ❖ Zastosowanie markerów genetycznych typu SCAR, CAPS i SNaPshot, a także SSR i AFLP zwiększyło efektywność i skuteczność selekcji linii hodowlanych, jak również nowych odmian populacyjnych i mieszańcowych.
- ❖ Wielopowtórzeniowe doświadczenia polowe pozwoliły na ocenę fenotypową obu kolekcji rzepaku ozimego oraz ocenę wpływu genotypu, środowiska oraz interakcji genotypowo-środowiskowej na najważniejsze cechy fenotypowe.
- ❖ W wyniku przeprowadzenia serii doświadczeń polowych oceniono wybrane linie rekombinacyjne typu HO i HOLL o dobrej wartości agronomicznej, które w kolejnym etapie mogą stanowić wartościowy materiał do prac nad wytworzeniem odmiany populacyjnej rzepaku ozimego o zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych.
- ❖ Stwierdzono istotny statystycznie związek markerów SSR i AFLP z plonem nasion oraz z zawartością osiemnastowęglowych, jedno- i wielonienasyconych kwasów tłuszczowych. Markery te mogą znaleźć zastosowanie w selekcji genotypów o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych typu HO i HOLL.
- ❖ Rozpoczęto wysokoprzepustowe analizy geotypów rzepaku z wykorzystaniem mikromacierzy Brassica 15K, w ramach współpracy z prof. dr hab. W. M. Karłowskim oraz mgr P. Kopeć, z UAM w Poznaniu.

Działalność naukowa

Wystąpienia ustne:

- Mikołajczyk K., Dabert M., Karłowski W. M., Bocianowski J., Nowakowska J., Spasibionek S., Popławska W., Liersch A., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I. **Molecular assays in winter oilseed rape breeding programs at the IHAR-PIB, Poznan Division.** XXXIII Konferencja Naukowa Rośliny oleiste, Poznań, 05-06.04.2016 r.
- Mikołajczyk K., Spasibionek S., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I.. **Development of HOLL winter rapeseed genotypes accompanied by MAS.** GCIRC Technical Meeting Alnarp, Sweden, 08–11.05.2017.
- Liersch A., Bocianowski J., Popławska W., Spasibionek S., Szała L. , Mikołajczyk K., Matuszczak M., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I. **Markery molekularne związane z wybranymi cechami fenotypowymi rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) określone poprzez mapowanie asocjacyjne.** XI sympozjum „Genetyka ilościowa roślin uprawnych”, Świeradów Zdrój, 06-09.06.2017.

Prezentowane postery:

- Liersch A., Bocianowski J., Popławska W., Spasibionek S., Piętka T., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I., Mikołajczyk K. **Molecular characteristics of oilseed rape genetic resources collection from the IHAR-NRI, Research Division in Poznań.** III National Conference „Genetics and Genomics in Improving Plants – From Model Plant to New Variety”, Poznań, 05-07.11. 2014
- Liersch A., Popławska W., Bocianowski J., Spasibionek S., Pietka T., Matuszczak M., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I., Mikołajczyk K. **Phenotypic and molecular characterization of winter oilseed rape germplasms collected at the IHAR-NRI, Poznań, Poland.** 14th IRC Saskatoon, Canada, 05-09.07.2015.
- Mikołajczyk K., Nowakowska J., Bocianowski J., Liersch A., Popławska W., Spasibionek S., Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I. **Assesment of genetic diversity among oilseed rape (*Brassica napus* L.) cultivars using single locus microsatellite markers.** 20th Eucarpia General Congress, Zurich, Switzerland , 29.08-01.09 2016.
- Liersch A., Mikołajczyk K., Popławska W., Spasibionek S., Cegielska-Taras T., Bocianowski J., Nowakowska J., Bartkowiak-Broda I. **AFLP and STR markers – a valuable tool for genetic diversity analysis of winter rapeseed (*B. napus* L.).** V Polski Kongres Genetyki, Łódź 19-22.09.2016.
- Liersch A., Mikołajczyk K., Bocianowski J., Popławska W., Nowakowska J., Matuszczak M., Bartkowiak-Broda I., Michalski K., Krótka K. **Analizy asocjacyjne markerów mikrosatelitarnych i AFLP z plonem oraz cechami jakościowymi nasion rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.).** Rośliny Oleiste – Postępy w Genetyce, Hodowli, Technologii i Analityce Lipidów, Poznań, 10-11.04.2020.
- Liersch A., Mikołajczyk K., Bocianowski J., Popławska W., Nowakowska J., Matuszczak M., Michalski K., Krótka K., Bartkowiak-Broda I. **Association of microsatellite and AFLP markers with yield and seed quality in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.).** 21st Crucifer Genetics Conference, Brassica, Saint-Malo, France, 01-04.07.2018.
- Liersch A., Bocianowski J., Popławska W., Michalski K., Krótka K., Mikołajczyk K., Nowakowska J., Matuszczak M., Wolko J., Bartkowiak-Broda I. **Analiza asocjacji markerów mikrosatelitarnych i AFLP z elementami struktury plonu i plonem kolekcji genotypów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.).** XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, Zakopane, 05-08.02.2019.
- Liersch A., Mikołajczyk K., Bocianowski J., Nowakowska J., Matuszczak M., Michalski K., Krótka K., Popławska W., Bartkowiak-Broda I. **Association of microsatellite and AFLP markers with traits of agronomic importance in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.).** 15th IRC Berlin, Germany, 16-19.06.2019.
- Matuszczak M., Kopeć P., Wolko J., Liersch A., Szała L., Sosnowska K., Cegielska-Taras T., Mikołajczyk K., Karłowski W., Bartkowiak-Broda I. **Zastosowanie mikromacierzy Brassica 60K w analizie zróżnicowania genetycznego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.).** IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i Genomika w Doskonaleniu Roślin Uprawnych” Od rośliny modelowej do nowej odmiany, Poznań, 05-07.11.2019.

Publikacje naukowe

- ❖ Liersch A., Bocianowski J., Nowosad K., Mikołajczyk K., Spasibionek S., Wielebski F., Matuszczak M., Szała L., Cegielska-Taras T., Sosnowska K., Bartkowiak-Broda I. 2020. Effect of Genotype × Environment Interaction for Seed Traits in Winter Oilseed Rape (*Brassica napus* L.). *Agriculture*, 10 (12), 607. <https://doi.org/10.3390/agriculture10120607>; [IF=2,072; MEiN=100 pkt]
- ❖ Matuszczak M., Spasibionek S., Gacek K., Bartkowiak-Broda I. 2020. Cleaved amplified polymorphic sequences (CAPS) marker for identification of two mutant alleles of the rapeseed *BnaA.FAD2* gene. *Mol Biol Rep* 47: 7607–7621, <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05828-2>, [IF=1.402; MEiN=70 pkt]
- ❖ Bartkowiak-Broda I., Liersch A., Matuszczak M., Mikołajczyk K., Popławska W., Wolko J., Nowakowska J. 2019. Badanie genomu rzepaku ozimego przy wykorzystaniu markerów molekularnych . The investigations of winter rapeseed genome with the use of molecular markers. *Biuletyn IHAR*, 286: 183-189. [MEiN=20 pkt]