**Streszczenie za 2020 r. w Programie Badań Podstawowych w Produkcji Roślinnej.**

**(4-2-01-1-01): Wprowadzanie nowych alleli z pul różnych gatunków z rodzaju *Brassica* do bazy genowej rzepaku ozimego (*Brasica napus)***

Kierownik projektu: prof. dr hab. Teresa Cegielska-Taras, wykonawcy: dr hab. Laurencja Szała,

dr Katarzyna Sosnowska.

**Cel zadania:** Otrzymanie roślin mieszańcowych z krzyżowań międzygatunkowych *Brassica oleracea* i *Brassica rapa*, uzyskanie nasion z roślin rzepaku resyntetyzowanego, krzyżowanie rzepaku RS z rzepakiem podwójnie ulepszonym oraz analiza genotypowa i fenotypowa „nowego rzepaku” (RS).

**Wyniki:**

**Temat badawczy 1**. Analiza biochemiczna nasion linii DH rzepaku semi-RS

Celem badań było wyselekcjonowanie linii DH semi-RS o jakości rzepaku podwójnie ulepszonego (00), zeroerukowych i o niskiej zawartości glukozynolanów.

Wyniki analiz biochemicznych na zawartość kwasu erukowego w oleju nasion i glukozynolanów w śrucie z nasion 30 linii semi-RS uzyskanych z mieszańca F1 pomiędzy linią RS a rzepakiem naturalnym, były bardzo zróżnicowane. Pośród badanych obiektów tylko dwie linie DH 23 i DH 30 spełniały kryterium rzepaku o jakości 00

**Temat badawczy 2.** Genotypowanie uzyskanych linii „nowego genetycznie rzepaku” poprzez sekwencjonowanie nowej generacji (NSC).

Celem badań było uzyskanie informacji dotyczącej sekwencji genomu rzepaków resyntetyzowanych w porównaniu do wyjściowych diploidalnych linii rodzicielskich.

Analizy te obejmowały przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie na urządzeniu HiSeq4000/NovaSeq6000 (Illumina) w trybie sparowanych końców (ang.: *paired end*, PE) w dwóch odczytach (R1 i R2) po 150 zasad (tryb PE150), z gwarancją 50-krotnego pokrycia genomu. Wykonano podstawową analizę bioinformatyczną dla otrzymanych danych z sekwencjonowania. czyli filtrowanie uzyskanych sekwencji oraz usuwanie sekwencji adapterów – ten etap wykonano przy użyciu programu Cutadapt w wersji 1.18.

**Temat badawczy 3.** Fenotypowanie wyselekcjonowanych genotypów

Celem badań była ocena fenotypowa wybranych linii rzepaku resyntetyzowanego i ich komponentów rodzicielskich

Badano sześć genotypów rzepaku resyntetyzowanego i ich linie rodzicielskie pod względem cech morfologicznych. Oceniane genotypy *Brassica ssp*. różniły się pod względem doprowadzenia do samozapylenia. Obie badane linie rzepaku resyntetyzowanego RS68 i RS69 były samopylne; natomiast dwie odm. *B.rapa*: Kova i Sky były samoniezgodne, a odm. *B.oleracea* odm. Kapral i Vitessa także były samoniezgodne

**Wnioski:**

**1.**Populacje linii DH pochodzące z mieszańca F1 z krzyżowania linii RS z rzepakiem naturalnym podwójnie ulepszonym powinny być liczne. Uzależnione to jest wysoką częstotliwością występowania genów warunkujących wysoką zawartość kwasu erukowego i glukozynolanów w nasionach, a także genów samonizgodności wpływających negatywnie na zawiązywanie nasion.

**2.** Sekwencjonowanie DNA i analiza bioinformatyczna umożliwia wskazanie mutacji różnicujących badane rośliny rzepaku resyntetyzowanego względem zastosowanych genomów referencyjnych oraz wytypowanie wariantów wspólnych i unikalnych dla badanych prób.

**3.** Przygotowanie roślin do odtworzenia nowego rzepaku poprzez resyntezę z *B. rapa* i *B. oleracea,* gatunków o specjalnych wymaganiach jarowizacyjnych oraz niosących aktywne geny samoniezgodności, wymagające wówczas zapylenia ręcznego w pąku tuż przed ich otwarciem, nie jest łatwe i wymaga synchronizacji stadiów rozwoju pędów kwiatowych, komponentów rodzicielskich.

**Publikacje:**

1/Szała L., Sosnowska K., Cegielska-Taras T. 2020. Induced chromosome doubling in microspores and regenerated haploid plants of *Brassica napus*. Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica 62/1: 23-31.

2/ Sosnowska K., Majka M., Majka J., Bocianowski J., Kasprowicz M., Książczyk T., Szała L., Cegielska-Taras T. 2020. Chromosome instabilities in resynthesized *Brassica napus* revealed by FISH. Journal of Applied Genetics 61: 323–335