

PLANOWANE BADANIA PODSTAWOWE NA RZECZ POSTĘPU BIOLOGICZNEGO W HODOWLI ROŚLIN

Tytuł: Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego

Planowany okres realizacji: **01.01.2016 – 31.12.2020**

Kierownik projektu: **Edyta Paczos-Grzęda**

Jednostka badawcza: **Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin**

Streszczenie

Owies zwyczajny (*Avena sativa* L.) jest gatunkiem heksaploidalnym (AACCCDD) o skomplikowanej strukturze genomowej i w związku z tym bardzo trudnym obiektem badawczym. Liczba dostępnych map genetycznych jest ograniczona, a mapę konsensusową opracowano w oparciu o populacje mapujące wywodzące się z form niespokrewnionych z polskimi materiałami hodowlanymi, co utrudnia identyfikację markerów genetycznych możliwych do wykorzystania w selekcji.

W ramach projektu zostaną wyprowadzone liczne biparentalne populacje mapujące typu RIL bazujące na krzyżowaniach międzyodmianowych *A. sativa* oraz międzygatunkowych (*A. sterilis* × *A. sativa* i *A. fatua* × *A. sativa*), które następnie zostaną poddane fenotypowaniu pod względem wybranych cech i mapowaniu genetycznemu z wykorzystaniem systemów markerowych nowej generacji. Zostaną opracowane mapy genetyczne oraz mapy konsensusowe, które posłużą do identyfikacji markerów molekularnych sprzężonych z badanymi cechami. Mapowanie asocjacyjne umożliwi wytypowanie markerów asocjowanych z tymi cechami oraz pozwoli na zidentyfikowanie markerów użytecznych na szerszej puli genetycznej niż uwzględniona w populacjach biparentalnych. Porównanie map genetycznych opracowanych w oparciu o mieszańce międzyodmianowe i międzygatunkowe umożliwi identyfikację obszarów genomów heksaploidów z rodzaju *Avena*, w których zaszły największe zmiany na drodze ewolucji w kierunku form uprawnych.

Planowane jest realizowanie badań zmierzających do osiągnięcia następujących celów:

- Opracowanie map genetycznych bazujących na liniach rekombinacyjnych wyprowadzonych w oparciu o krzyżowania biparentalne.
- Opracowanie mapy konsensusowej gatunku.
- Lokalizowanie na mapach genetycznych loci cech ilościowych oraz identyfikacja markerów genetycznych sprzężonych z tymi cechami.
- Próba identyfikacji zmian w genomie heksaploidów, które zaszły w procesie udomowienia.

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania badawczego „Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego” będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej, nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku.

Wyniki będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.