

Tytuł projektu:

Identyfikacja regionów genomu oraz markerów DNA związanych z heterozją w heksaploidalnym pszenżycie ozimym

Imię i nazwisko kierownika projektu:

dr inż. Michał Nowak

Jednostka realizująca projekt:

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

Planowany okres realizacji projektu:

60 miesięcy, realizacja w latach 2016-2020

Cel badań:

Celem projektu jest zweryfikowanie, czy zastosowanie markerów reprezentujących w równym stopniu chromosomy danego gatunku, czy też markery poszczególnych chromosomów będzie bardziej użyteczne w prognozowaniu efektu heterozji u pszenżyta niż stosowanie ogólnej puli markerowej. Cechę badaną w ramach projektu stanowił będzie plon roślin, wyrażony jako plon ziarna z jednostki powierzchni zasiewu.

Streszczenie projektu:

Zjawisko heterozji u roślin, pomimo szerokiego wykorzystania praktycznego, nie zostało dotychczas w pełni poznane i scharakteryzowane. Szczególny nacisk kładzie się obecnie na analizę i identyfikację molekularnych podstaw występowania heterozji. Badania wykonane dla różnych gatunków roślin wskazują, iż jednym z najistotniejszych elementów decydujących o wystąpieniu tego zjawiska jest odpowiedni stopień zróżnicowania genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi, przy czym przyjmuje się, że dla uzyskania maksymalnego efektu należy krzyżować między sobą formy genetycznie oddalone. Ocena zróżnicowania genetycznego opiera się zazwyczaj na wykorzystaniu markerów molekularnych, bez uwzględniania ich lokalizacji chromosomowej. Cel projektu stanowi zweryfikowanie czy zastosowanie markerów reprezentujących chromosomy danego gatunku będzie bardziej użyteczne w prognozowaniu efektu heterozji u pszenżyta niż stosowanie ogólnej puli markerowej. W ramach projektu analizowanych będzie 500 zaawansowanych

linii wsobnych oraz linii DH heksaploidalnego pszenżyta ozimego, które poddane zostaną genotypowaniu techniką DArT oraz fenotypowaniu pod kątem oceny plonowania. Do mapowania wykorzystane zostaną 3-4 populacje mapujące RIL pokolenia S₅₋₆. Na podstawie uzyskanych analiz skupień wyselekcjonowane zostaną genotypy przeznaczone do krzyżowań. W kolejnym roku wykonana zostanie analiza fenotypowa mieszańców pokolenia F₁ celem oszacowania efektu heterozji. Pozwoli to na określenie, które grupy markerów (pochodzące z których chromosomów) w najlepszym stopniu umożliwią prognozowanie efektu heterozji. Markery lokalizujące się na różnych chromosomach umożliwiające najlepszą diagnostykę zjawiska zostaną połączone w jedną pulę. W analogiczny sposób zostaną zgrupowane markery o najniższej zdolności predykcyjnej. Na podstawie analiz taksonomicznych bazujących na wymienionych grupach markerów ponownie zostaną wytypowane formy do krzyżowań i oceniony efekt heterozji celem określenia czy proponowane podejście analityczne oceny efektu heterozji umożliwi lepsze przewidywania niż w przypadku zastosowania ogólnej (nieprzypisanej do chromosomów) puli markerów DNA.

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej, nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku.

Wyniki te będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.

