

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE

z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2017 roku

INFORMACJE OGÓLNE

Tytuł zadania - Identyfikacja regionów genomu oraz markerów DNA związanych z heterozją w heksaploidalnym pszenżyte ozimym
Numer zadania (w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju z dnia 29 lipca 2015 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. poz. 1170)) - 82
Planowany okres realizacji zadania: 2017
Planowane nakłady w zł: 155 250

INFORMACJA O WYKONAWCACH

1. Zespół badawczy

Kierownik zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Michał Nowak	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Wykonawcy zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Piotr Tomasz Bednarek	dr hab., prof. nadzw.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Justyna Leśniowska-Nowak	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Magdalena Zapalska	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Adam Kuzdrałiński	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Karolina Dudziak	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

OPIS ZADANIA

1. Cele zadania

Lp.	Cel (zgodnie ze szczegółowym opisem na dany rok)	Czy cel został zrealizowany (tak/nie ¹ /częściowo ¹)
1	Ocena zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta, uwzględniająca lokalizację chromosomową markerów, na podstawie których zostanie przeprowadzona.	TAK
2	Ocena plonu analizowanych genotypów pszenżyta w warunkach doświadczenia polowego.	TAK
3	Uzyskanie profilu markerów DArT dla genotypów pszenżyta wchodzących w skład populacji mapującej RIL.	TAK
4	Krzyżowanie zróżnicowanych genetycznie form pszenżyta wybranych w zad. 1, uzyskanie ziarniaków mieszańcowych F ₁ i ich wysiew w warunkach doświadczenia polowego.	TAK

¹ Jeśli dotyczy – proszę opisać pod tabelą, w jakim stopniu cel został osiągnięty i podać przyczyny

2. Opis tematów badawczych *(należy sporządzić opis dla tematów badawczych wymienionych w tabeli powyżej; kolejność zgodnie z tabelą powyżej)*

2.1. Temat badawczy 1: Mapowanie genetyczne/asocjacyjne oraz wybór na podstawie uzyskanych wyników komponentów rodzicielskich do krzyżowań.

Cel tematu badawczego 1

Celem tematu badawczego była ocena zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta, uwzględniająca lokalizację chromosomową markerów, na podstawie których została przeprowadzona.

Materiały i metody

W pierwszym etapie prac na podstawie mapowania porównawczego określono lokalizację chromosomową markerów DNA identyfikowanych dla badanych linii. Wykorzystano do tego celu dostępne mapy genetyczne pszenicy, pszenżyta oraz żyta, a także własne mapy genetyczne oparte o linie rekombinacyjne. Mapowanie genetyczne wykonane zostało za pomocą pakietu oprogramowania MultiPoint.

Drugi etap realizacji zadania obejmował analizę podobieństwa genetycznego badanych obiektów. Analizę tą wykonano w oparciu o markery DNA lokalizujące się na poszczególnych chromosomach pszenżyta. Na podstawie markerów DNA, analizowanych oddzielnie dla każdego z 21 chromosomów, oceniono podobieństwo genetyczne analizowanych form pszenżyta. Na podstawie uzyskanych wyników wytypowano formy o najwyższym stopniu zróżnicowania genetycznego, które przeznaczone zostały do wykorzystania jako formy rodzicielskie do krzyżowań w zadaniu 4.

Wyniki

Uzyskane wyniki wykazały, że maksymalne i minimalne odległości genetyczne między analizowanymi genotypami pszenżyta były różne i zależne od lokalizacji chromosomowej markerów. Najwyższą wartość współczynnika maksymalnego dystansu genetycznego dla badanych genotypów uzyskano dla chromosomu 3R (0,9838), natomiast najniższą dla chromosomu 5A (0,8382). Na podstawie uzyskanych wyników wyznaczono również minimalne wartości współczynnika dystansu genetycznego, których wartości mieściły się w zakresie od 0,002 dla chromosomu 2R do 0,032 dla chromosomu 6A (tabela 1).

Tabela 1. Wartości minimalne i maksymalne współczynników dystansu genetycznego dla badanych genotypów.

Chromosom	Maksymalny dystans genetyczny	Minimalny dystans genetyczny
1A	0.944	0.018
2A	0.914	0.027
3A	0.942	0.013
4A	0.934	0.018
5A	0.838	0.023
6A	0.912	0.032
7A	0.923	0.027
1B	0.910	0.017
2B	0.859	0.029
3B	0.924	0.023
4B	0.927	0.028
5B	0.865	0.029
6B	0.871	0.021
7B	0.867	0.015
1R	0.977	0.024
2R	0.934	0.002
3R	0.984	0.013
4R	0.896	0.022
5R	0.900	0.019
6R	0.929	0.010
7R	0.979	0.015

Uzyskane wartości współczynnika maksymalnego dystansu genetycznego stanowiły podstawę do wyboru komponentów rodzicielskich do krzyżowań. Wybrano po jednej parze genotypów skrajnych, które charakteryzowały się największym zróżnicowaniem genetycznym w obrębie poszczególnych chromosomów i przeznaczono je na formy rodzicielskie do krzyżowania w zadaniu 4 (Tab. 2, Rys. 1).

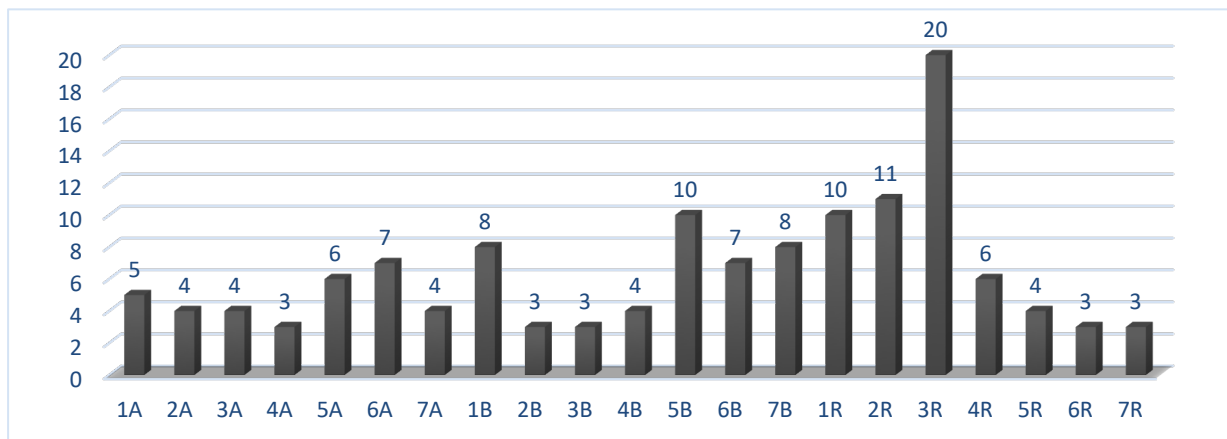
Tabela 2. Genotypy pszenżyta wybrane jako formy rodzicielskie do krzyżowań.

Lp.	Chromosom	Forma mateczna	Forma ojcowska
1	1A	BOH 2207-3	DC 07064-16
2	1B	BOH 2188-3	LAD 3/07
3	1R	DC 228/05/02	DS 4211/11
4	2A	CT 10258-12	CT 10047-233
5	2B	MAH 34837-1	DC 169/06
6	2R	DL 525/11	DL 593/07
7	3A	LAD 6/07	CT 10240-48
8	3B	DS 4043/13	MAH 34985-5
9	3R	BOH 1439-5	DT 270/11
10	4A	DL 402/11	MAHD 35081-7
11	4B	MAHD 35188-16	BOH 1439-8
12	4R	CT 08006/12	MAH 34964-2
13	5A	BOH 2039-2	DL 26/13
14	5B	DC 08220-4	MAH 34752-1
15	5R	L207	BOH 1439-5
16	6A	L203	MAH 35657-1
17	6B	DD 144/11	LAD 9/08
18	6R	CT 08033/13/2	LAD 2/07
19	7A	CT 08221/08	BOH 2039-2
20	7B	DL 532/12	CT 10047-78
21	7R	DD 293/11	DC 07004-4

JX	JY	JZ	KA	KB	KC	KD	KE	KF	KG	KH	KI	KJ	KK
L37	L27	L28	L29	L30	L31	L32	L33	L34	L38	L47	L48	L49	L39
0,750	0,747	0,743	0,632	0,760	0,720	0,145	0,692	0,662	0,662	0,779	0,646	0,344	0,693
0,565	0,367	0,298	0,410	0,298	0,214	0,605	0,418	0,453	0,429	0,367	0,631	0,600	0,760
0,557	0,592	0,586	0,377	0,586	0,543	0,500	0,521	0,493	0,493	0,649	0,640	0,554	0,778
0,512	0,637	0,633	0,602	0,633	0,600	0,410	0,549	0,494	0,563	0,667	0,379	0,494	0,619
0,548	0,466	0,483	0,275	0,508	0,483	0,634	0,410	0,421	0,333	0,587	0,641	0,588	0,866
0,537	0,268	0,222	0,452	0,255	0,132	0,636	0,333	0,537	0,367	0,298	0,627	0,556	0,745
0,474	0,467	0,459	0,610	0,480	0,440	0,481	0,463	0,585	0,474	0,544	0,308	0,416	0,598
0,529	0,522	0,515	0,371	0,493	0,471	0,514	0,514	0,365	0,485	0,603	0,494	0,507	0,794
0,716	0,713	0,692	0,543	0,709	0,654	0,053	0,595	0,595	0,595	0,713	0,554	0,254	0,652
0,513	0,380	0,348	0,438	0,394	0,329	0,570	0,403	0,432	0,366	0,446	0,549	0,494	0,667
0,559	0,569	0,578	0,619	0,578	0,549	0,547	0,505	0,613	0,559	0,569	0,448	0,543	0,379
0,608	0,604	0,614	0,667	0,627	0,612	0,567	0,594	0,594	0,608	0,590	0,436	0,577	0,313
0,871	0,758	0,769	0,880	0,783	0,802	0,685	0,791	0,944	0,813	0,730	0,646	0,681	0,086
0,507	0,543	0,536	0,470	0,557	0,514	0,533	0,514	0,514	0,485	0,583	0,494	0,547	0,732
0,543	0,573	0,532	0,494	0,585	0,549	0,333	0,494	0,561	0,506	0,607	0,442	0,410	0,606
0,765	0,711	0,695	0,772	0,708	0,730	0,600	0,683	0,811	0,740	0,656	0,566	0,596	0,282
0,591	0,606	0,578	0,315	0,556	0,508	0,630	0,571	0,424	0,500	0,606	0,687	0,662	0,811

Rys. 1. Macierz dystansów genetycznych dla chromosomu 1A na podstawie której wybrano kombinację BOH_2207-3 x DC 07064-16.

W ramach zadania dokonano również analizy klasteryzacji w obrębie poszczególnych chromosomów. Wykazała ona duże zróżnicowanie w zależności od chromosomu i wahała się od 3 (chromosomy 4A, 2B, 3B, 6R, 7R) do nawet 20 (chromosom 3R) (Rys. 2.).



Rys. 2. Rozkład liczby klastrow w zależności od lokalizacji chromosomowej markerów DArT.

Dyskusja

Ocena maksymalnego dystansu genetycznego pomiędzy analizowanymi formami pszenżyta wykazała, że jego średnia wartość wynosiła 0,91. Najwyższą wartość maksymalnego dystansu genetycznego wykazano w badaniach własnych dla markerów zlokalizowanych na chromosomach pochodzących z żytniego genomu R (0,94), natomiast najniższą dla markerów zlokalizowanych na genomie B pszenicy (0,89). Średnia wartość minimalnego dystansu genetycznego wyniosła 0,02. Uśredniona wartość dystansu genetycznego badanych form oszacowana na podstawie wyników opartych na całkowitej puli markerowej wynosiła 0,47. Wynik ten jest zbliżony do opublikowanych wyników analizy genotypów pszenżyta pochodzących z całego świata. Analiza brazylijskich genotypów pszenżyta wykazała iż wartość dystansu genetycznego wynosiła 0,57 (de Costa i in. 2007). Podobny wynik (0,45) uzyskano na podstawie analizy kilkudziesięciu genotypów pszenżyta pochodzących z różnych regionów świata (Kuleung i in. 2006). Uzyskane wyniki świadczą również o stosunkowo wysokim stopniu zróżnicowania polskich materiałów hodowlanych pszenżyta na tle danych europejskich. Analiza materiałów hodowlanych pszenżyta pochodzących z 13 europejskich spółek hodowlanych wykazała, że ich maksymalny dystans genetyczny kształtował się na poziomie 15,3% (Tams i in. 2004).

Wnioski

1. Lokalizacja chromosomowa markerów DArTseq wpływa na uzyskiwane wartości współczynników dystansu genetycznego pszenżyta.
2. Klasteryzacja w obrębie wyników oceny podobieństwa genetycznego również uzależniona jest od lokalizacji chromosomowej markerów.

Mierniki dla tematu badawczego 1 (podać w tabeli)

Lp.	Miernik ²	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba genotypów wyselekcjonowanych na podstawie przyjętych założeń jako komponenty rodzicielskie do krzyżowań.	42	42

2.2. Temat badawczy 2: Fenotypowanie linii wsobnych oraz linii DH pszenżyta.

Cel tematu badawczego 2

Celem tematu badawczego w roku 2017 była ocena plonu analizowanych genotypów pszenżyta w warunkach doświadczenia polowego.

Materiały i metody

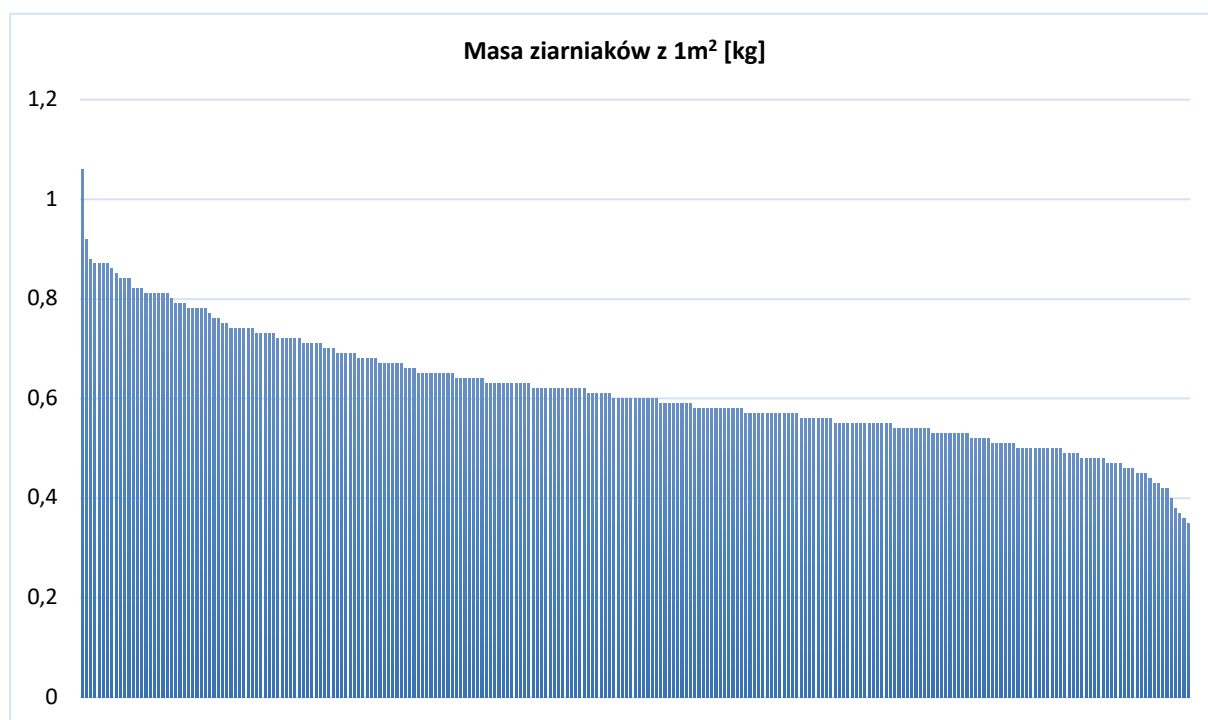
Materiał badawczy w roku 2017 stanowił zestaw genotypów pszenżyta pochodzących ze spółki Hodowla Roślin Strzelce, Grupa IHAR oraz z kolekcji Instytutu Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Analizowane genotypy pszenżyta wysiane zostały

² Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

jesienią w roku 2016 na poletka doświadczalne w stacjach hodowli roślin należących do spółek HR Strzelce. Każdy obiekt wysiano w dwóch oddalonych od siebie lokalizacjach w stacjach doświadczalnych w Borowie i Małyszynie. Wszystkie obiekty wysiano na poletka o równej powierzchni, wynoszącej 5 m² przy gęstości zasiewu wynoszącej 350 ziarniaków/m² w celu analizy plonu uzyskanego z jednostki powierzchni dla każdego genotypu. W trakcie sezonu wegetacyjnego rośliny poddawano zabiegom stosowanym typowo w doświadczeniach prowadzonych przez spółkę hodowli roślin. W fazie dojrzałości pełnej rośliny zebrane zostały mechanicznie i określona została masa ziarniaków uzyskanych z każdego poletka.

Wyniki

Dla badanych genotypów ozimego pszenżyta heksaploidalnego średni plon z jednostki powierzchni (1m²) w roku 2017 wyniósł 0,61 kg/m². Najniższy średni plon uzyskano dla rodu BOHT_827 (0,35 kg/m²) natomiast najwyższy dla rodu BOH_2385-1 (1,06 kg/m²). Rozkład masy ziarniaków uzyskanej dla badanych genotypów pszenżyta zaprezentowano w formie graficznej na rysunku 3.



Rys. 3. Rozkład masy ziarniaków uzyskanych z 1m² powierzchni poletka doświadczalnego dla genotypów pszenżyta pochodzących ze spółki Hodowla Roślin Strzelce.

Pełne wyniki fenotypowej oceny plonowania badanych genotypów pszenżyta zaprezentowano w formie zestawień tabelarycznych (Tab. 3, Tab. 4).

Tabela 3. Plonowanie analizowanych genotypów pochodzących ze spółki Hodowla Roślin Strzelce.

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
1	BOHT_739	0,73
2	BOH_2117-3	0,79
3	BOH_1401-1	0,74
4	BOH_1684-2	0,82
5	BOH_3933-1	0,82
6	BOH_1732-1	0,72
7	BOHT_746	0,62
8	BOHT_797	0,61
9	BOH_2207-1	0,62

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
10	BOH_2381-1	0,67
11	BOH_1439-8	0,69
12	BOH_2083-1	0,65
13	BOH_1821-3	0,82
14	BOH_2385-3	0,87
15	BOH_2215-1	0,69
16	BOHD_2303-2	0,80
17	BOH_1439-7	0,79
18	BOH_2208-2	0,63

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
19	BOH_2188-4	0,71
20	BOHD_3935-1	0,72
21	BOHT_749	0,56
22	BOHT_798	0,62
23	BOH_2188-5	0,63
24	BOH_2121-1	0,73
25	BOH_2366-3	0,60
26	BOH_2188-3	0,65
27	BOH_1684-3	0,65
28	BOH_1825-1	0,65
29	BOH_2366-2	0,67
30	BOH_1439-9	0,62
31	BOHT_740	0,67
32	BOH_1515-3	0,65
33	BOHT_748	0,50
34	BOHT_794	0,59
35	BOH_2085-2	0,61
36	BOHT_741	0,53
37	BOH_2381-3	0,63
38	BOH_2366-1	0,72
39	BOH_2274-1	0,86
40	BOH_1823-1	0,58
41	BOH_2207-2	0,71
42	BOHT_750	0,51
43	BOH_2381-2	0,74
44	BOH_1639-2	0,78
45	BOH_1409-7	0,78
46	BOH_2184-2	0,79
47	BOH_2330-1	0,81
48	BOHD_2113-1	0,74
49	BOH_1622-9	0,87
50	BOH_3934-1	0,84
51	BOH_969-26	0,85
52	BOHT_795	0,74
53	BOH_2099-2	0,87
54	BOHD_2291-1	0,72
55	BOH_1823-2	0,84
56	BOH_1439-5	0,72
57	BOHT_799	0,57
58	BOH_1409-8	0,75
59	BOH_2176-1	0,81
60	BOH_2207-3	0,92
61	BOH_2385-1	1,06
62	BOH_2085-1	0,74

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
63	BOH_1422-2	0,43
64	BOHT_796	0,61
65	BOH_2385-2	0,87
66	BOH_2039-2	0,72
67	BOH_2762-4	0,73
68	BOH_1409-6	0,55
69	BOH_2083-3	0,81
70	BOH_1439-6	0,88
71	BOHT_747	0,63
72	BOH_2039-1	0,74
73	BOH_1086-2	0,68
74	BOHD_2303-3	0,70
75	BOH_2184-1	0,60
76	BOH_1982-1	0,76
77	BOH_1439-4	0,76
78	BOHT_745	0,47
79	BOH_1831-1	0,68
80	BOH_1684-1	0,78
81	BOH_1838-2	0,73
82	BOH_1515-4	0,56
83	BOH_2175-2	0,57
84	BOH_2083-2	0,75
85	BOHD_2352-1	0,69
86	BOH_2208-1	0,54
87	BOH_1838-1	0,84
88	BOHT_744	0,51
89	BOHT_806	0,56
90	BOHT_751	0,51
91	BOHT_772	0,57
92	BOHT_845	0,42
93	BOHT_774	0,49
94	BOHT_783	0,59
95	BOHT_832	0,53
96	BOHT_818	0,63
97	BOHT_838	0,51
98	BOHT_764	0,81
99	BOHT_793	0,50
100	BOHT_775	0,68
101	BOHT_843	0,49
102	BOHT_823	0,67
103	BOHT_826	0,55
104	BOHT_763	0,62
105	BOHT_822	0,64
106	BOHT_815	0,48

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
107	BOHT_847	0,50
108	BOHT_792	0,47
109	BOHT_833	0,60
110	BOHT_816	0,78
111	BOHT_807	0,59
112	BOHT_837	0,50
113	BOHT_814	0,55
114	BOHT_773	0,71
115	BOHT_778	0,54
116	BOHT_836	0,60
117	BOHT_765	0,81
118	BOHT_752	0,62
119	BOHT_766	0,64
120	BOHT_789	0,58
121	BOHT_813	0,59
122	BOHT_803	0,57
123	BOHT_768	0,67
124	BOHT_840	0,58
125	BOHT_834	0,56
126	BOHT_824	0,78
127	BOHT_776	0,59
128	BOHT_819	0,50
129	BOHT_810	0,55
130	BOHT_839	0,71
131	BOHT_770	0,54
132	BOHT_755	0,60
133	BOHT_812	0,81
134	BOHT_829	0,62
135	BOHT_805	0,64
136	BOHT_769	0,58
137	BOHT_846	0,59
138	BOHT_742	0,57
139	BOHT_817	0,67
140	BOHT_804	0,58
141	BOHT_825	0,65
142	BOHT_777	0,62
143	BOHT_761	0,60
144	BOHT_835	0,46
145	BOHT_758	0,70
146	BOHT_809	0,71
147	BOHT_820	0,56
148	BOHT_841	0,68
149	BOHT_802	0,77
150	BOHT_759	0,65

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
151	BOHT_831	0,58
152	BOHT_842	0,66
153	BOHT_791	0,63
154	BOHT_844	0,63
155	BOHT_753	0,58
156	BOHT_801	0,53
157	BOHT_762	0,42
158	BOHT_787	0,56
159	BOHT_790	0,57
160	BOHT_743	0,57
161	BOHT_827	0,35
162	BOHT_811	0,53
163	BOHT_788	0,55
164	BOHT_760	0,55
165	BOHT_780	0,48
166	BOHT_779	0,36
167	BOHT_771	0,58
168	BOHT_786	0,66
169	BOHT_767	0,48
170	BOHT_808	0,57
171	BOHT_800	0,50
172	BOHT_830	0,46
173	BOHT_821	0,54
174	BOHT_781	0,52
175	MAH 35193-1	0,52
176	MAH 34964-1	0,55
177	MAH 34964-2	0,50
178	MAH 34964-3	0,62
179	MAH 34964-4	0,62
180	MAH 34394-1	0,50
181	MAH 34948-1	0,65
182	MAH 34739-1	0,46
183	MAH 34777-1	0,55
184	MAH 35455-1	0,43
185	MAH 35571-1	0,53
186	MAH 35574-1	0,54
187	MAH 35111-1	0,48
188	MAH 35114-1	0,50
189	MAH 35140-1	0,53
190	MAH 35151-1	0,44
191	MAH 35172-1	0,37
192	MAH 35182-1	0,54
193	MAH 35198-1	0,48
194	MAH 35231-1	0,55

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
195	MAH 35266-1	0,53
196	MAH 35296-1	0,56
197	MAH 35297-1	0,64
198	MAH 35306-1	0,53
199	MAH 35317-1	0,55
200	MAH 35330-1	0,59
201	MAH 34985-5	0,51
202	MAH 34762-6	0,54
203	MAH 34814-1	0,59
204	MAH 34859-2	0,61
205	MAH 34069-2	0,61
206	MAH 34159-1	0,63
207	MAH 34159-2	0,69
208	MAH 34070-4	0,58
209	L-9	0,58
210	MAH 34615-5	0,65
211	MAH 33881-15	0,62
212	MAH 33881-15	0,68
213	MAH 33938-1	0,57
214	MAH 34740-1	0,60
215	MAH 34752-5	0,63
216	MAH 34861-2	0,70
217	MAH 34877-1	0,55
218	MAH 33742-1	0,57
219	MAH 33072-2	0,60
220	MAHD 35188-1	0,55
221	MAHD 35188-2	0,63
222	MAHD 35188-3	0,50
223	MAHD 35188-4	0,57
224	MAHD 35188-5	0,62
225	MAHD 35188-6	0,58
226	MAHD 35188-7	0,52
227	MAHD 35188-8	0,57
228	MAHD 35188-9	0,54

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
229	MAHD 35188-10	0,49
230	MAHD 35188-11	0,45
231	MAHD 35188-12	0,58
232	MAHD 35188-13	0,69
233	MAHD 35188-14	0,55
234	MAHD 35188-15	0,61
235	MAHD 35188-16	0,60
236	MAHD 35188-17	0,64
237	MAHD 35188-18	0,55
238	MAHD 35013-1	0,62
239	MAHD 35081-7	0,60
240	MAHD 35205-1	0,66
241	MAHD 35269-1	0,73
242	MAHD 35318-1	0,64
243	MAHD 35323-1	0,63
244	MAHD 35318-4	0,45
245	MAH 34097-1	0,57
246	MAH 34752-1	0,47
247	MAH 34732-1	0,52
248	MAH 34863-4	0,45
249	MAHD 34831-1	0,52
250	MAH 35657-1	0,54
251	MAH 34858-17	0,38
252	MAH 35226-1	0,40
253	MAH 35062-1	0,48
254	MAH 34615-10	0,50
255	MAH 34837-1	0,49
256	MAH 33097-2	0,53
257	MAHD 35032-95	0,56
258	MAH 35008-71	0,51
259	MAH 35008-72	0,47
260	MAH 35015-2	0,60
261	Cyrkon	0,64

Tabela 4. Plonowanie analizowanych genotypów pochodzących z kolekcji Instytutu Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie.

Lp	Genotyp	Masa ziarniaków z 1m ² [kg]
1	Triticale 1	0,83
2	Triticale 2	0,69
3	Triticale 3	0,71
4	Triticale 4	0,57

Dyskusja

Średni plon uzyskany w badaniach realizowanych w projekcie wyniósł w roku 2017 dla analizowanych genotypów pszenżyta 6,1 Mg/ha. Wartość ta jest c prawda niższa niż uzyskana w pierwszym roku badań, niemniej jednak przewyższa średni plon pszenżyta uzyskiwany w uprawie w warunkach Polski wynoszący ok. 4,2 Mg/ha (Jaśkiewicz 2016, Sobkowicz i in. 2016). Badania wykazują, że jednym z kluczowych czynników wpływających na plonowanie pszenżyta jest odpowiedni poziom nawożenia (Małecka i in. 2004). Wyniki uzyskane w drugim roku oceny polowej badanych genotypów pszenżyta potwierdziły, że w warunkach doświadczeń polowych prowadzonych na potrzeby projektu według ustalonych założeń, można uznać, że badane formy pszenżyta w pełni ujawniają potencjał plonotwórczy, co jest bardzo ważne w przypadku prac związanych ze zjawiskiem heterozji.

Wnioski

1. Średni plon pszenżyta uzyskany w badaniach wyniósł 6,1 Mg/ha i był wyższy niż średni plon uzyskiwany dla tego zboża w warunkach uprawy w Polsce.
2. Wynik plonowania uzyskany w drugim roku badań był niższy od uzyskanego w poprzednim sezonie wegetacyjnym o ok. 25%, co sugeruje znaczny wpływ warunków środowiska na cechę. Potwierdza to konieczność uwzględnienia tego czynnika w szacowaniu efektu heterozji u pszenżyta.
3. Analizowane formy pszenżyta charakteryzowały się dość dużym stopniem zróżnicowania pod względem plonowania (od 3,5 do 10,6 Mg/ha), co stanowi zakres analogiczny do uzyskanego w pierwszym roku badań i potwierdza wykorzystanie jako materiał badawczy w projekcie form charakteryzujących się zarówno niskim, jak i wysokim potencjałem plonowania.

Mierniki dla tematu badawczego 2 (podać w tabeli)

Lp.	Miernik ³	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba genotypów pszenżyta dla których określono plonowanie w warunkach doświadczenia polowego	265	265

2.3. Temat badawczy 3: Genotypowanie populacji mapujących RIL (1 populacja licząca 170 roślin).

Cel tematu badawczego 3

Celem tematu badawczego w roku 2017 było uzyskanie preparatów DNA z przeznaczeniem do analiz techniką DArT dla jednej populacji mapującej RIL składających się ze 170 osobników.

Materiały i metody

Materiał roślinny w zadaniu stanowiły uzyskane wcześniej przez wykonawców projektu populacje mapujące rekombinowanych linii wsobnych (RIL) pszenżyta. DNA z przeznaczeniem do analiz techniką DArT wyizolowano ze świeżych liści badanych roślin. Do izolacji DNA wykorzystano komercyjny zestaw odczynników oparty na oczyszczaniu kwasu nukleinowego na złożu w kolumnkach. Wyizolowane preparaty DNA poddano ocenie jakościowej i ilościowej za pomocą spektrofotometru NanoDrop 2000 oraz fluorymetru Qubit 2.0, jak również analizie integralności przy użyciu elektroforezy w 1,5% żelu agarozowym. W kolejnym etapie wszystkie preparaty DNA doprowadzone zostały do jednakowego stężenia 100 ng/μl i przesłane do firmy Diversity Array Technology Ltd. (Canberra) w celu wykonania genotypowania w oparciu o markery DArT.

Wyniki

W wyniku realizacji zadania dokonano przekształcenia surowego zestawu danych otrzymanych z Diversity Arrays Technology do postaci usystematyzowanego pliku wsadowego, umożliwiającego wykonanie procedury mapowania z wykorzystaniem dedykowanego oprogramowania (rys. 4).

W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano 21 055 markery silicoDArT specyficzne dla poszczególnych genotypów populacji S₆ pszenżyta. W obrębie tych markerów zidentyfikowano 6 024 markery SNP.

³ Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

Średnia wartość PIC dla wszystkich analizowanych prób wynosiła 0,375, natomiast wartość współczynnika heterozygotyczności wyniosła 0,120.

AlnCnt_nt	AlnEvalue	CallRate	OneRatio	PIC	AvgReadC	StDevRea	Qpmr	Reproducibility	Form 1	Form 10	Form 100	Form 101	Form 102	Form 103	Form 104	Form 105	Fo
1	1.48E-23	0.87766	0.721212	0.40213	8.32778	4.29319	1.9751	0.975	1	1	0	0	1	1	1	1	1
0	999	0.893617	0.779762	0.343467	9.36979	6.20179	1.72542	0.972973	0	1	1	0	1	1	1	1	1
0	999	0.946809	0.713483	0.40885	16.49711	9.0315	2.27801	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1
0	999	0.882979	0.873494	0.221004	9.64251	7.27365	1.52044	0.96875	1	0	1	1	1	1	1	1	1
0	999	0.925532	0.706897	0.414388	9.61272	6.06756	1.89837	1	0	-	1	1	0	0	1	-	-
0	999	0.898936	0.686391	0.430517	5.20349	3.44717	1.62441	0.972222	1	1	0	0	1	1	1	1	1
0	999	0.93617	0.75	0.375	8.27778	4.6572	1.73383	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
0	999	0.925532	0.678161	0.436517	5.20497	3.46431	1.51084	0.947368	1	0	1	-	1	1	1	1	1
0	999	0.909574	0.730994	0.393283	11.60227	6.82249	1.90072	0.97561	1	1	1	1	-	0	0	0	0
0	999	0.914894	0.656977	0.450717	7.37267	4.32071	1.91852	1	1	0	-	1	1	1	1	1	1
0	999	0.909574	0.730994	0.393283	10.21348	5.53329	1.74877	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
0	999	0.888298	0.712575	0.409624	14.55429	6.78369	2.06128	1	1	1	1	-	0	0	0	0	1
0	999	0.888298	0.712575	0.409624	11.34286	5.66868	2.05001	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
0	999	0.893617	0.708333	0.413194	7.47701	4.39266	1.678	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1

Rys. 4. Fragment matrycy silicoDART uzyskanej dla populacji S₆ pszenżyta, stanowiącej plik wsadowy do procedury mapowania.

Dyskusja

Polimorfizm markerów DART wynika z występowania polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP) oraz insercji/delecji (INDEL) zarówno w obrębie sekwencji rozpoznawanych przez enzymy restrykcyjne, jak i w obrębie fragmentów restrykcyjnych (White i in. 2008).

Wartość średnia współczynnika PIC (Polymorphic Information Content) uzyskana dla wszystkich badanych prób wynosiła 0,375, co stanowiło wartość wyższą od uzyskanej w poprzednim roku relizacji projektu dla badanych linii pszenżyta, która wyniosła wówczas 0,273. Uzyskana wartość nie odbiega od wartości tego współczynnika uzyskiwanych dla pszenżyta ozimego podawanego w źródłach literaturowych (m.in. Badea i in. 2011, Alheit i in. 2013, Niedziela i in. 2016) i pozwala na wiarygodną analizę zróżnicowania analizowanych form na poziomie genetycznym. W analizowanej populacji RIL stwierdzono niski współczynnik heterozygotyczności, który wyniósł 0,120. Związane jest z faktem, iż analizowana populacja była populacją linii wsobnych uzyskiwanych przez wielokrotne samozapylenie mające na celu wyrównanie materiału i zwiększenie poziomu homozygotyczności badanych genotypów.

Wnioski

1. Poziom polimorfizmu uzyskany w badaniach własnych jest wystarczający dla pewnej i wiarygodnej oceny zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta ozimego.
2. Współczynnik heterozygotyczności uzyskany w wyniku genotypowania techniką DART dla populacji rekombinowanych linii wsobnych cechuje się relatywnie niską wartością w porównaniu z populacją materiałów hodowlanych, co było obserwacją oczekiwaną.

Mierniki dla tematu badawczego 3 (podać w tabeli)

Lp.	Miernik ⁴	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba genotypów z populacji RIL ze zdefiniowanym profilem markerów DART	170	170

2.4. Temat badawczy 4: Krzyżowanie wybranych w zad. 1 genotypów, ocena mieszańców F₁ i oszacowanie efektu heterozji.

Cel tematu badawczego 4

Celem tematu badawczego w roku 2017 było uzyskanie mieszańców F₁ na drodze krzyżowania ze sobą genotypów charakteryzujących się największym zróżnicowaniem genetycznym, oszacowanym na podstawie analizy markerów DNA zlokalizowanych na poszczególnych chromosomach pszenżyta.

Materiały i metody

Krzyżowanie wykonane zostało w warunkach doświadczenia polowego na drodze ręcznego kastrowania i zapylenia kwiatów. Ziarniaki analizowanych genotypów pszenżyta wysiano na poletkach

⁴ Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

2-rzędowych, w siewie gęstym, rzutowym. Doświadczenie polowe założono w gospodarstwie doświadczalnym Felin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie.

Tuż przed kwitnieniem kwiaty w kłosach roślin przeznaczonych na formy mateczne kastrowano metodą manualną z użyciem pincety. Z każdego kłoska usuwano środkowe kwiaty, a z pozostałych, bocznych kwiatów usuwano niedojrzałe pylniki. Na każdy wykastrowany kłos założono izolator z folii paroprzepuszczalnej. Po osiągnięciu dojrzałości przez znamię słupka, наносzony był na nie pyłek z roślin przeznaczonych na formę ojcowską. Każdy zapyłony kłos został ponownie zaizolowany. Po osiągnięciu dojrzałości pełnej, kłosy zostały zebrane ręcznie w celu omłotu uzyskanych ziarniaków F₁. Formy mieszańcowe wysiano we wrześniu 2017 roku na poletka doświadczalne, równolegle wysiano również formy rodzicielskie dla każdej z kombinacji, celem oceny efektu heterozji w roku 2018.

Wyniki

W wyniku realizacji zadania uzyskano ziarniaki mieszańcowe F₁ dla 21 kombinacji krzyżówkowych wykonanych według schematu opracowanego w zadaniu 1. Listę uzyskanych kombinacji przedstawiono w tabeli 5. Po osiągnięciu dojrzałości pełnej zebrano ziarniaki mieszańcowe z przeznaczeniem do wysiewu na sezon wegetacyjny 2017/2018.

Tabela 5. Kombinacje krzyżówkowe uzyskane w wyniku realizacji zadania 4 w roku 2017.

Lp.	Chromosom	Kombinacja krzyżówkowa
1	1A	BOH 2207-3 × DC 07064-16
2	1B	BOH 2188-3 × LAD 3/07
3	1R	DC 228/05/02 × DS 4211/11
4	2A	CT 10258-12 × CT 10047-233
5	2B	MAH 34837-1 × DC 169/06
6	2R	DL 525/11 × DL 593/07
7	3A	LAD 6/07 × CT 10240-48
8	3B	DS 4043/13 × MAH 34985-5
9	3R	BOH 1439-5 × DT 270/11
10	4A	DL 402/11 × MAHD 35081-7
11	4B	MAHD 35188-16 × BOH 1439-8
12	4R	CT 08006/12 × MAH 34964-2
13	5A	BOH 2039-2 × DL 26/13
14	5B	DC 08220-4 × MAH 34752-1
15	5R	L207 × BOH 1439-5
16	6A	L203 × MAH 35657-1
17	6B	DD 144/11 × LAD 9/08
18	6R	CT 08033/13/2 × LAD 2/07
19	7A	CT 08221/08 × BOH 2039-2
20	7B	DL 532/12 × CT 10047-78
21	7R	DD 293/11 × DC 07004-4

Dyskusja i wnioski

Celem zadania w roku 2017 było uzyskanie ziarniaków mieszańcowych i ich wysiew w warunkach doświadczenia polowego z założeniem oszacowania efektu heterozji w pokoleniu F₁. Podjęte prace umożliwiły uzyskanie kombinacji krzyżówkowych zgodnie z założeniami przyjętymi w projekcie. Dyskusja uzyskanych wyników zadania i wnioskowanie na ich podstawie możliwe będzie po uzyskaniu w roku 2018 końcowych rezultatów oceny plonowania form rodzicielskich i mieszańcowych.

Mierniki dla tematu badawczego 4 (podać w tabeli)

Lp.	Miernik ⁵	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana
1	Liczba wykonanych kombinacji krzyżówkowych	21	21

3. Planowana prezentacja wyników badań (podać w tabeli - należy wymienić konferencje, na których zaprezentowano wyniki i/lub wymienić publikacje, przygotowane i przyjęte do druku w trakcie realizacji zadania w danym roku).

Prezentacja wyników na konferencjach				
Lp.	Konferencja	Prezentacja ⁶	Liczba prezentacji podana w opisie zadania	Liczba prezentacji zrealizowana
1	8th International Triticeae Symposium, Wernigerode, Niemcy	poster	2	2
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych				
Lp.	Monografia/Czasopismo	Publikacja ⁷	Liczba publikacji podana w opisie zadania	Liczba publikacji zrealizowana
1	-	-	0	0

Jeśli któryś z mierników nie został zrealizowany należy podać przyczyny.

Załączniki⁸:

1. Poster pt. „Genotyping of Polish triticales breeding materials by means of DArTseq technique” zaprezentowany w czasie konferencji 8th International Triticeae Symposium, Wernigerode, Niemcy
2. Poster pt. „Evaluation of the yielding capacity of Polish triticales breeding materials” zaprezentowany w czasie konferencji 8th International Triticeae Symposium, Wernigerode, Niemcy

4. Miernik zadania – stopień realizacji

Lp.	Miernik	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana	Stopień realizacji zadania
1	2	3	4	5
Temat badawczy 1				
1.1	Liczba genotypów wyselekcjonowanych na podstawie przyjętych założeń jako komponenty rodzicielskie do krzyżowań	42	42	1,00
Temat badawczy 2				
2.1	Liczba genotypów pszenżyta dla których określono plonowanie w warunkach doświadczenia polowego	265	265	1,00

⁵ Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

⁶ Podać, czy chodzi o wykład plenarny, doniesienie konferencyjne czy poster.

⁷ Podać, czy chodzi o publikację oryginalną, czy np. polemika, list do edytora, rozdział w monografii etc.

⁸ Podać listę oraz dołączyć do sprawozdania kopie posterów/wyciągi z materiałów konferencyjnych/publikacje etc. W nawiasie podać, na której stronie sprawozdania znajdują się prezentowane wyniki.

Temat badawczy 3				
3.1	Liczba genotypów z populacji RIL ze zdefiniowanym profilem markerów DArT	170	170	1,00
Temat badawczy 4				
4.1	Liczba wykonanych kombinacji krzyżówkowych	21	21	1,00
			ŚREDNIA	1,00
			% REALIZACJI ZADANIA	100,0%

Sporządzono: 12.01.2018 r.

Pieczęć jednostki

Osoba reprezentująca jednostkę

Kierownik zadania

data

podpis i pieczęć

podpis