

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE

z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2019 roku

A. INFORMACJE OGÓLNE

Tytuł zadania Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego
Numer zadania (w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 lipca 2017 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. z 2017 r. poz. 1470) 30
Planowany okres realizacji zadania 12 miesięcy
Planowane nakłady w zł 120 600

B. DANE WNIOSKODAWCY

Imię i nazwisko osoby reprezentującej jednostkę badawczą, tytuł lub stopień naukowy, stanowisko, nazwa i adres jednostki badawczej, telefon, fax)

**Zbigniew Grądzki, Prof. dr hab., Prorektor ds. Nauki, Wdrożeń i Współpracy Międzynarodowej
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin
Telefon: 81-445-60-66; Fax: 81-533-35-49, e-mail: biuro.rektora@up.lublin.pl**

C. INFORMACJA O WYKONAWCACH

1. Zespół badawczy

kierownik zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Edyta Paczos-Grzęda	dr hab.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
wykonawcy zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Piotr Bednarek	prof. dr hab.	IHAR Radzików Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin
Sylwia Sowa	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Aneta Koroluk	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Ewelina Marek	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Joanna Toporowska	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

2. Kierownik zadania (imię, nazwisko, tytuł lub stopień naukowy, adres do korespondencji, telefon bezpośredni i do sekretariatu jednostki organizacyjnej zatrudniającej kierownika zadania, e-mail kierownika; telefon do oraz dane osoby, z którą można się kontaktować w razie nieobecności kierownika zadania)

Edyta Paczos-Grzęda, dr hab.
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
ul. Akademicka 15
20-934 Lublin
tel. bezp. (81) 445-68-66, kom. 504098872, sekretariat (81) 445-68-84
edyta.paczos@up.lublin.pl

osoba, z którą można się kontaktować w razie nieobecności kierownika zadania

Sylwia Sowa, dr inż.
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
ul. Akademicka 15
20-934 Lublin
tel. (81) 445-68-84, kom. 693838107
sylwia.sowa@up.lublin.pl

D. OPIS ZADANIA

1. Cele zadania

Lp.	Cel	Czy cel został zrealizowany (tak/nie /częściowo ¹)
1.	Precyzyjne fenotypowanie wczesnych pokoleń mieszańców i populacji RIL.	TAK
2.	Kontynuowanie rozmnożeń materiałów przeznaczonych do uzyskania zaawansowanych międzyodmianowych i międzygatunkowych rekombinacyjnych linii wsobnych.	TAK
3.	Genotypowanie i fenotypowanie populacji mapującej RIL E310.	TAK
4.	Konstrukcja mapy oraz identyfikacja QTLi dla wybranych cech w międzyodmianowej populacji mapującej RIL E101.	TAK
5.	Fenotypowanie linii i odmian <i>A. sativa</i> przeznaczonych do analiz asocjacyjnych – weryfikacja fenotypów form skrajnych oraz markerów asocjowanych z wysokością roślin.	TAK

2. Harmonogram realizacji zadania

Harmonogram realizacji zadania należy sporządzić w tabeli, dla każdego z planowanych tematów badawczych z uwzględnieniem ilości planowanych testów/prób/linii na których prowadzone będą badania. Proszę podać koszty realizacji poszczególnych tematów badawczych.

Proszę wyróżnić etapy (tematy badawcze), określić czas ich trwania w miesiącach od rozpoczęcia projektu i przewidywane koszty. Terminy realizacji tematów badawczych mogą się zazębiać. Suma kosztów tematów badawczych musi być równa całkowitemu kosztowi zadania.

Lp.	Nazwa tematu badawczego	Termin rozpoczęcia – zakończenia realizacji tematu badawczego w miesiącach od rozpoczęcia realizacji zadania
1.	Kontynuacja rozmnożeń populacji mapujących. Fenotypowanie wczesnych pokoleń mieszańców oraz rekombinacyjnych linii wsobnych. (połączone tematy 1 i 2 opisu wieloletniego)	3-11
2.	Profilowanie DNA populacji mapujących. (połączone tematy 3 i 6 opisu wieloletniego)	1-12
3.	Konstrukcja i analiza map genetycznych oraz identyfikacja QTLi dla wybranych cech. (temat 7 i 10 opisu wieloletniego)	4-12
4.	Analiza asocjacyjna 370 linii i odmian. Identyfikacja i testowanie potencjalnych markerów cech. (połączone tematy 8 i 9 opisu wieloletniego).	3-12

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

3. 1. Kontynuacja rozmnożeń populacji mapujących. Fenotypowanie wczesnych pokoleń mieszańców oraz rekombinacyjnych linii wsobnych.

Cel tematu badawczego 1

- * Fenotypowanie kombinacji mieszańcowych F₁ uzyskanych w roku poprzednim.
- * Fenotypowanie populacji F₂ E958 (Trelle Dwarf × North Carolina).
- * Fenotypowanie międzygatunkowych populacji F₂ E937 (*A. sterilis* 172 × *A. fatua* 525) i E942 (*A. fatua* 523 × *A. sterilis* 66) pod względem sposobu osypywania.
- * Fenotypowanie populacji mapującej RIL E310 (Celer × STH 9210).
- * Kontynuacja rozmnożeń w kierunku RIL populacji E52, E101 E326, E337, E366.

Wyniki

Fenotypowaniu poddano 6 kombinacji mieszańcowych F₁ uzyskanych w roku poprzednim. Reprezentowały one mieszańce międzygatunkowe *A. sterilis* × *A. fatua* i *A. fatua* × *A. sterilis* oraz mieszańce międzyodmianowe pomiędzy formami o karłowym pokroju roślin.

Tab. 1. Wyniki fenotypowania mieszańców F₁.

Nr kombinacji	Forma mateczna	Forma ojcowska	Wysokość [cm]	Liczba pędów produkcyjnych	Liczba niedogonów	Długość wiechy	Liczba kłosków	Liczba ziarniaków z wiechy	Masa ziarniaków z wiechy	Masa ziarniaków z rośliny
Mieszańce międzygatunkowe										
1007	<i>A. sterilis</i> (66)	<i>A. fatua</i> (216)	133	3	3	27	53	34	2,63	0,31
1008a	<i>A. fatua</i> (216)	<i>A. sterilis</i> (66)	120	3	0	23	24	43	1,34	1,34
1008b	<i>A. fatua</i> (216)	<i>A. sterilis</i> (66)	121	2	0	25	34	63	2,14	1,57
Mieszańce międzyodmianowe										
1045a	Bingo	Palestine Dwarf	65	4	1	11	39	81	2,73	5,70
1045b	Bingo	Palestine Dwarf	69	4	0	11	29	63	2,13	5,09
1051	Palestine Dwarf	Bingo	71	4	0	14	25	53	2,13	5,23
1163	North Caroline	Palestine Dwarf	65	3	1	12	29	64	2,14	3,04
1159a	Palestine Dwarf	North Caroline	63	3	0	9	28	71	2,24	2,25
1159b	Palestine Dwarf	North Caroline	58	3	0	11	26	51	1,64	2,76

Podobnie jak w roku poprzednim mieszaniec, którego komponentem matecznym był *A. sterilis* był wyższy, aniżeli mieszańce uzyskane w wyniku krzyżowania zwrotnego. Średnia liczba pędów produkcyjnych była porównywalna w obu przypadkach, ale już niedogonów wyższa u mieszańca *A. sterilis* × *A. fatua*. Pozostałe oceniane cechy, takie jak długość wiechy, liczba kłosków oraz masa i liczba ziarniaków były dość zróżnicowane, ale nie obserwowano zależności pomiędzy ich wartościami a formułą krzyżowania. Na podstawie kilkuletnich obserwacji wydaje się jednak, że zastosowanie *A. fatua* jako formy matecznej przyczynia się do zmian w morfologii wiechy i prowadzi do zwiększenia liczby ziarniaków.

Fenotypowaniu poddano również mieszańce międzyodmianowe pomiędzy odmianą Bingo, a linią karłowatą wyselekcjonowaną z odmiany populacyjnej Palestine Dwarf. Dotychczas nie zidentyfikowano genu warunkującego karłowaty pokrój tej odmiany. Linię karłowatą Palestine Dwarf skrzyżowano z inną odmianą karłowatą North Caroline (*Dw7*), w celu sprawdzenia, czy Palestine Dwarf nie posiada allelu

dominującego tego genu. Krzyżowanie odmiany Bingo z Palestine Dwarf wykazało, że niezależnie od kierunku krzyżowania uzyskane rośliny są niskie, co wskazuje na obecność dominującego genu karłowatości. Krzyżowanie Palestine Dwarf z North Carolina doprowadziło również do uzyskania form niskich, ale nieznaczna redukcja wysokości nie wskazuje, aby geny te działały niezależnie i redukowały wysokość w sposób kumulatywny. Obserwowany fenotyp pozwala również przypuszczać, że Palestine Dwarf posiada gen *Dw7*. Hipoteza ta zostanie wyjaśniona w roku kolejnym na podstawie obserwacji fenotypu mieszańców pokolenia F_2 . U wszystkich analizowanych mieszańców międzyodmianowych obserwowano charakterystyczną dla genu *Dw7* skröconą – kompaktową wiechę. Fenotypowaniu poddano również mieszańce populacji F_2 E958 (Trelle Dwarf \times North Carolina). Trelle Dwarf jest formą karłowatą, u której skröcona słoma jest efektem działania pojedynczego genu (prawdopodobnie *Dw4*), zaś North Carolina, jak wspomniano wcześniej posiada gen *Dw7*. Fenotypowanie roślin F_2 polegało na ocenie wysokości roślin, liczby pędów produkcyjnych i niedogonów, długości wiechy, liczby kłóskóv oraz liczby i masy ziarniakóv z wiechy. Spośród wysianych ziarniakóv skielkowało i osiągnęło dojrzałość 141 roślin.

Tab. 2. Analiza statystyczna wyników fenotypowania form rodzicielskich populacji F_2 E958 (Trelle Dwarf \times North Carolina)

L.p.	Cecha	North Carolina			Trelle Dwarf		
		Minimum	Maximum	Średnia	Minimum	Maximum	Średnia
1	Wysokość	49,0	60,0	54,1	52,0	76,0	66,9
2	Liczba pędóv prod.	3,0	12,0	6,5	4,0	15,0	8,5
3	Liczba niedogonóv	3,0	13,0	7,7	3,0	10,0	6,0
4	Długość wiechy	10,0	12,0	10,9	9,0	14,0	10,3
5	Liczba kłóskóv	24,0	51,0	36,4	31,0	67,0	42,9
6	Liczba ziarniakóv	48,0	94,0	70,0	8,0	112,0	63,5
7	Masa ziarniakóv	1,37	2,56	1,9	0,11	2,60	1,39

Tab. 3. Analiza statystyczna wyników fenotypowania populacji F_2 E958 (Trelle Dwarf \times North Carolina).

L.p.	Cecha	Minimum	Maximum	Średnia	Odchylenie standardowe
1	Wysokość	30,0	128,0	65,8	19,3
2	Liczba pędóv prod.	1,0	18,0	5,9	3,0
3	Liczba niedogonóv	0,0	26,0	7,5	5,4
4	Długość wiechy	4,0	31,0	11,1	5,5
5	Liczba kłóskóv	6,0	106,0	37,2	18,4
6	Liczba ziarniakóv	10,0	266,0	73,5	45,3
7	Masa ziarniakóv	0,09	4,08	1,31	0,96

Linie F_2 E958 (Trelle Dwarf \times North Carolina) charakteryzowały się wysoką zmiennością pod względem badanych cech, ponadto u mieszańców w przypadku wszystkich cech obserwować można było przekroczenie wartości cech rodzicielskich (Tab. 2.3). Wynika to z obecności dwóch segregujących genóv karłowatości.

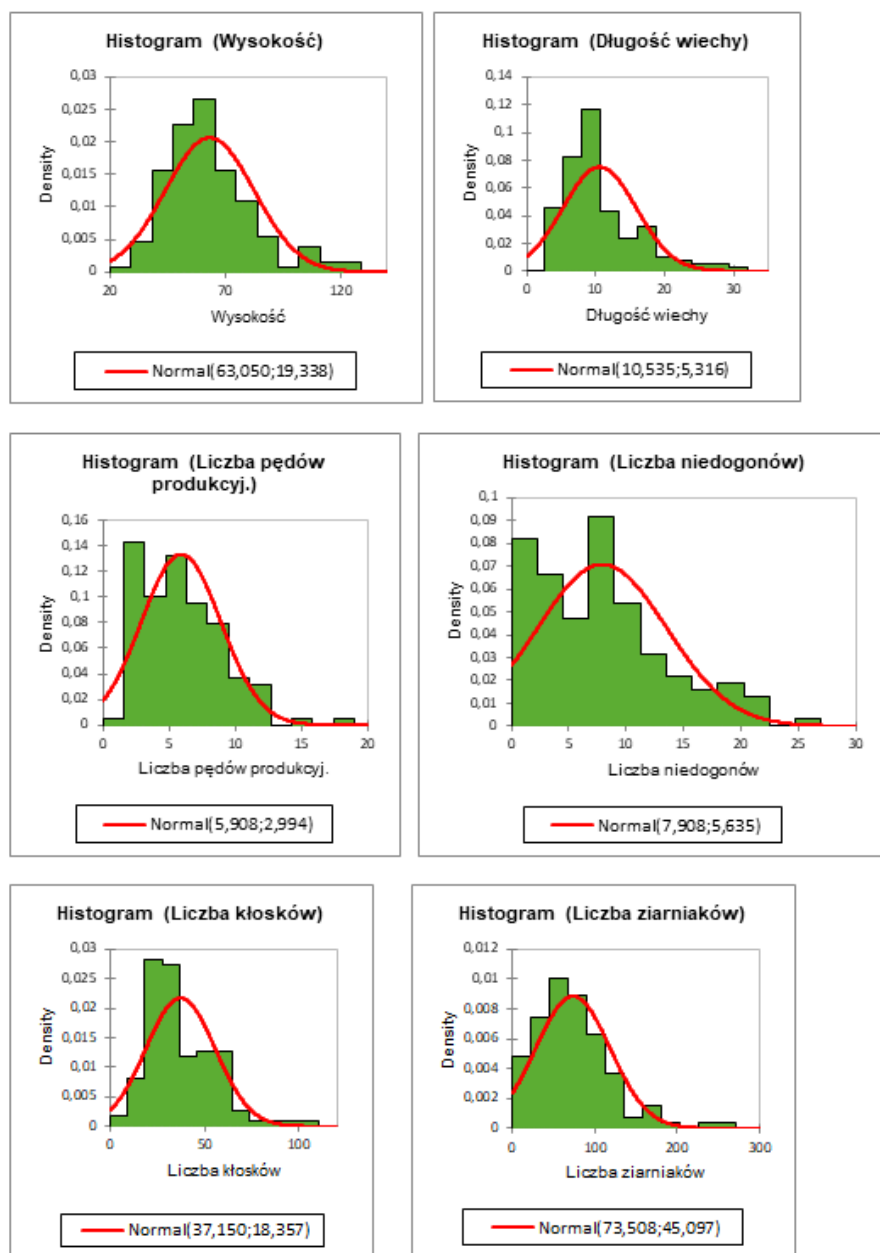
Wysokość linii wahała się od 30 cm do 128 cm, przy czym średnia wysokość dla populacji wyniosła 65 cm. W połączeniu z obserwowanym rozkładem cechy w populacji zdecydowanie można stwierdzić, że sprowadzona z banku genóv NSGC w Beltsville USA odmiana Trelle Dwarf posiada gen odmienny aniżeli *Dw7* i jest to z wysokim prawdopodobieństwem gen *Dw4*.

Średnia długość wiechy populacji mieszańcowej wyniosła 11,1 cm, co odpowiadało średniej długości wiechy obu form rodzicielskich, ale zróżnicowanie wśród linii było bardzo duże i długość wiechy wahała się od zaledwie 4 do 31 cm. Obie wartości wykaczały poza wartości obserwowane u form rodzicielskich.

Zdecydowanej zmianie w populacji mieszańcowej uległa liczba kłóskóv z wiechy, która u form rodzicielskich wahała się od 24 do 67, wynosząc średnio 36 u North Carolina oraz 43 u Trelle Dwarf. W liniach mieszańcowych minimalna liczba kłóskóv wyniosła zaledwie 6, czego przyczyną była kumulacja dwóch genóv karłowatości niekorzystnie wpływających na ten parametr wiechy. U

podwójnych homozygot recesywnych, charakteryzujących się długością słomy przekraczającą 100 cm liczba kłosek potrafiła osiągnąć nawet 106. Konsekwencją zróżnicowanej liczby kłosek były bardzo różnorodna liczebność i masa ziarniaków. Liczba ziarniaków u mieszańców wahała się od 10 do 266 z wiechy, a masa od 0,09 do 4,08.

Określając rozkład wartości cechy w populacji stwierdzono, że żadna z cech nie wykazuje dopasowania do rozkładu normalnego (Rys. 1).



Rys. 1. Brak dopasowania do rozkładu normalnego wszystkich analizowanych w populacji E958 cech.

Analiza korelacji cech wykazała, najsilniejszą zależność pomiędzy wysokością rośliny, a długością wiechy (0,910) (Rys. 2) oraz pomiędzy liczbą a masą ziarniaków (0,801). Wysokość była również silnie skorelowana z liczbą kłosek (0,508) i masą ziarniaków (0,552) z wiechy. Istotną korelację odnotowano pomiędzy liczbą kłosek a liczbą (0,586) oraz masą (0,626) ziarniaków (Tab.4).

Tab. 4. Analiza korelacji/istotności różnic pomiędzy ocenianymi cechami w populacji E958.

Cecha	Wysokość	Liczba pędów prod.	Liczba niedogonów	Długość wiechy	Liczba kłosków	Liczba ziarniaków	Masa ziarniaków
Wysokość		0,239	0,158	< 0,0001	< 0,0001	0,015	< 0,0001
Liczba pędów prod.	-0,108		0,007	0,109	0,030	< 0,0001	0,005
Liczba niedogonów	-0,130	0,246		0,084	0,817	0,117	0,802
Długość wiechy	0,910	-0,147	-0,158		< 0,0001	0,046	< 0,0001
Liczba kłosków	0,508	0,198	-0,021	0,445		< 0,0001	< 0,0001
Liczba ziarniaków	0,223	0,463	0,144	0,183	0,586		< 0,0001
Masa ziarniaków	0,552	0,258	-0,023	0,540	0,626	0,801	

Fenotypowaniu pod względem sposobu osypywania poddano międzygatunkowe populacje F₂ E937 (*A. sterilis* 172 × *A. fatua* 525) i E942 (*A. fatua* 523 × *A. sterilis* 66). Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że dominującym sposobem osypywania jest charakterystyczny dla *A. sterilis* model osypywania całych kłosków. Osypywanie pojedynczych ziarniaków ma charakter recesywny. W krzyżowaniach z *A. sativa*, forma udomowiona, której kłoski pozostają na wieszce po dojrzaniu ma charakter dominujący w stosunku do obu sposobów osypywania, które mają charakter recesywny. Rozkład fenotypów w populacji wskazuje na dziedziczenie jednogomowe.

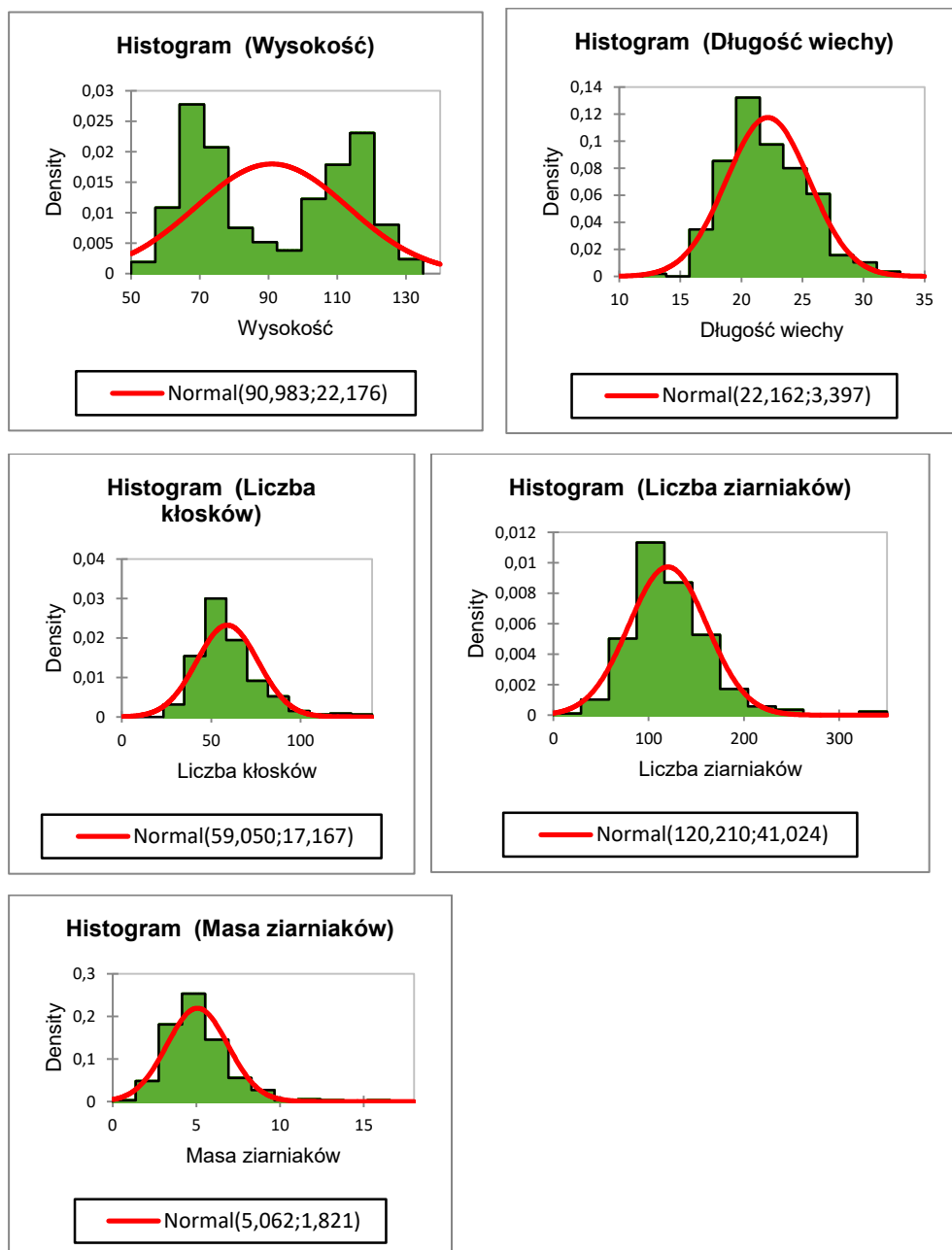
Fenotypowaniu poddano również rekombinacyjne linie wsobne międzyodmianowej populacji mapującej F₈ E310 (Celer × STH 9210) oraz formy rodzicielskie tej populacji. Analizowano wysokość, długość wiechy, liczbę kłosków, liczbę i masę ziarniaków z wiechy. Ocenie poddano 300 linii pokolenia F₈ oraz po 30 roślin rodzicielskich.

Linie RIL F₈ E310 charakteryzowały się wysoką zmiennością pod względem wszystkich analizowanych cech, ponadto u mieszańców obserwować można było przekroczenie wartości wszystkich cech w porównaniu z formami rodzicielskimi (Tab. 5,6).

Wysokość linii wahała się średnio od 54 cm do 134 cm, przy czym średnia wysokość dla populacji wyniosła 91 cm. Średnia długość wiechy wśród linii RIL wyniosła 22,2 cm, ale najkrótsze wiechy osiągały długość zaledwie 13 cm, a najdłuższe – 32 cm. U form rodzicielskich zakres tej cechy wahał się od 18 do 25 cm. Jest to związane z obecnością genu *Dw6*, ponieważ analizowana w roku poprzednim populacja E101 również charakteryzowała się bardzo dużym zróżnicowaniem długości wiechy, która wahała się od 12 do 27 cm.

Liczba kłosków w wieszce formowana u form rodzicielskich była zbliżona i wyniosła średnio 48,3 oraz 52,7 przy czym wahała się u poszczególnych roślin reprezentujących formy rodzicielskie od 32 do 74. W wiechach poszczególnych linii RIL stwierdzono od 25,0 do 134 kłosków, niemal dwukrotnie więcej aniżeli u form rodzicielskich. Średnia liczba ziarniaków w formach mieszańcowych była niemal identyczna z ilością ziarniaków formowanych średnio w wiechach formy ojcowskiej, która pod tym względem przewyższała formę mateczną o około 37%. Maksymalna ilość ziarniaków w wieszce głównej u form rodzicielskich wyniosła 131 w odmianie Celer oraz 173 w linii STH 9210. Najlepsze mieszańce wytwarzały aż 344 ziarniaki w wieszce. Masa ziarniaków w wieszce form rodzicielskich wyniosła średnio 4,0 i 4,8 g, maksymalnie odpowiednio 6,5 oraz 6,2 g. Masa ziarniaków z wiechy u mieszańców była wyższa, średnio wynosiła 5,06 g ale u najlepszych mieszańców wynosiła ponad 15 g. Po uwzględnieniu liczby i masy ziarniaków w wieszce można wnioskować, że u mieszańców powstawały ziarniaki o większej masie, aniżeli u form rodzicielskich.

Określając rozkład wartości cech w populacji stwierdzono, że żadna z nich nie wykazuje dopasowania do rozkładu normalnego (Rys. 3).



Rys. 3. Brak rozkładu normalnego cech w populacji E310.

Analiza korelacji cech wykazała, że wszystkie cechy są ze sobą istotnie skorelowane (Tab. 8, Rys. 4). Najsilniejszą korelację stwierdzono pomiędzy liczbą a masą ziarniaków z wiechy (0,880). Jest to bardzo istotne, gdyż wskazuje, że wzrostowi liczby ziarniaków nie towarzyszy spadek ich masy. Podobnie liczba kłosków jest silnie skorelowana z liczbą ziarniaków (0,825), co oznacza, że wzrost liczby ziarniaków nie odbywa się poprzez formowanie kłosków trzeciorzędowych. Z kolei liczba kłosków jest silnie skorelowana z masą ziarniaków (0,720). Długość wiechy jest skorelowana z długością całego źdźbła, a także z liczbą kłosków oraz liczbą i masą ziarniaków z rośliny. Wysokość jest również silnie skorelowana z masą ziarniaków z wiechy głównej.

Tab. 8. Analiza korelacji pomiędzy ocenianymi cechami w populacji E310.

Cecha	Wysokość	Długość wiechy	Liczba kłosków	Liczba ziarniaków	Masa ziarniaków
Wysokość		< 0,0001	0,028	< 0,0001	< 0,0001
Długość wiechy	0,681		< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
Liczba kłosków	0,127	0,441		< 0,0001	< 0,0001
Liczba ziarniaków	0,251	0,403	0,825		< 0,0001
Masa ziarniaków	0,521	0,621	0,720	0,880	

Celem zadania było również rozmnożenie kolejnych pokoleń (F₇, F₈) mieszańców międzyodmianowych oraz międzygatunkowych w kierunku uzyskania linii RIL populacji 52, 101, 326, 337, 366

Tab. 9. Rozmnożenie kolejnych pokoleń mieszańców.

Populacja	Rodowód	Liczebność roślin w pokoleniu		Suma roślin w populacji
		F ₇	F ₈	
E52	<i>A. sterilis</i> 66 × Sam	100		100
E101	Bingo × STH 9787		147	147
E326	Bingo x Penline 116	200	-	200
E337	Bingo x North Carolina	200	-	200
E366	Bingo x Palestine Dwarf	100	-	100
Suma		600	147	747

Rozmnożono odpowiednio 600 oraz 147 linii pokoleń F₇ i F₈ (Tab. 10). W sumie zebrano izolowane ziarniaki z 747 poletek. Największą liczebnością charakteryzowały się populacje E326 oraz E337, dla których zebrano ziarniaki z 200 poletek. Najmniejszą liczebnością charakteryzowały się populacje E52 i E366.

Mierniki dla tematu badawczego 1

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1	Liczba fenotypowanych kombinacji F ₁	6	6
2	Liczba fenotypowanych populacji F ₂	3	3
3	Liczba fenotypowanych populacji F ₈ RIL	1	1
4	Liczba populacji prowadzonych w kierunku RIL	5	5

3. 2. Profilowanie DNA populacji mapujących.

Cel tematu badawczego 2

* Analiza polimorfizmu DArTseq 130 linii reprezentujących populację mapującą RIL E310

Wyniki

Genotypowaniu metodą DArTseq poddano 130 linii reprezentujących populację RIL E310 (*A. sativa* Celer × *A. sativa* STH 9210) oraz formy rodzicielskie. Przeprowadzona wstępnie analiza hierarchiczna wykazała, że analizowane populacje nie zawierają duplikatów (Rys.5,6). Oznacza to, że każdy osobnik w populacji jest odmienny. Wstępna analiza uzyskanych matryc binarnych wykazała, że heterozygotyczność markerów, jak również osobników jest stosunkowo niewielka. Wskazuje to na wysoki stopień homozygotyczności mieszańców międzyodmianowych RIL 310. Wyniki te wskazują, że dane nadają się do opracowania mapy genetycznej dla tej populacji w kolejnym roku realizacji projektu.

Mierniki dla tematu badawczego 2

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1	Liczba linii RIL F ₈ genotypowanych metodą DArTseq	130	130

3. 3. Konstrukcja i analiza map genetycznych oraz identyfikacja QTLi dla wybranych cech.

Cel tematu badawczego 3

- * Konstrukcja mapy genetycznej populacji RIL F₈ E101
- * Identyfikacja QTLi dla 5 wybranych cech: wysokości roślin, długości wiechy, liczby kłosek w wieszce oraz liczby i masy ziarniaków w wieszce

Wyniki

Skonstruowana mapa genetyczna złożona jest z 21 grup sprzężeń, co odpowiada liczbie chromosomów heksaploidalnego owsa (Tab. 10, Rys. 7). Pełna długość mapy wynosi 1895 cM, obejmuje 478 markerów szkieletowych i 3860 markerów redundantnych.

Tab. 10. Zestawienie danych dotyczących mapowania genetycznego dla populacji RIL 101.

Numer LG	Szkieletowe	Długość (cM)	Redundantne	Luka (Haldene)	Niewykorzystane
LG01	8	25.38	23	26	28
LG02	19	53.99	145	29	111
LG03	23	63.75	159	26	123
LG04	15	57.53	65	29	88
LG05	9	19.75	48	20	22
LG06	12	66.53	111	92	55
LG07	13	30.4	106	10	84
LG08	8	10.91	18	9	13
LG09	39	128.31	410	41	182
LG10	23	88.14	274	37	111
LG11	11	22.75	112	14	53
LG12	27	181.17	86	61	192
LG13	52	211.86	379	54	278
LG14	30	161.39	126	57	233
LG15	29	95.53	335	53	113
LG16	17	80.43	97	55	108
LG17	25	125.23	419	60	288
LG18	40	170.29	144	61	215
LG19	48	138.86	606	60	243
LG20	14	99.27	90	62	219
LG21	16	63.86	107	34	187
Suma	478	1895.33	3860	890	2946
Średnia	22.7619048	90.25380952	183.8095238	42.38095238	140.2857143

Mapę genetyczną dla populacji E101 wykorzystano do naniesienia QTLi dla pięciu analizowanych cech. Mapowanie interwałowe wysokości roślin metodą CIM ujawniło obecność 4 QTL występujących w 4 różnych grupach sprzężeń. Najsilniejszy QTL o najwyższej odziedziczalności cechy (14.6%) identyfikowano w obrębie LG01. W maksimum funkcji LOD występuje marker (w kolejności narastającej). Z lewej strony QTL występuje marker go otaczający. QTL rozciąga się na obszarze ok 13 cM (Tab. 11, Rys 8). Marker obecny w maksimum QTL występuje głównie w genotypie linii wysokich i ma charakter addytywny. Natomiast drugi co do wartości maksimum funkcji LOD QTL występuje w grupie 20 i cechuje się ujemnym efektem addytywnym.

W przypadku liczby kłosek CIM wyodrębnia siedem QTL (Tab. 11, Rys 9). Dwa z nich mają odziedziczalność 16.5 oraz 11.5% i lokalizują się w obrębie LG03 i LG14. Są to QTL o najwyższych wartościach funkcji LOD (10 i 7 odpowiednio) oraz ujemnych wartościach addytywności.

Analiza liczby ziarniaków wykazała obecność sześciu QTL. Największą wartość funkcji LOD obserwowano dla LG03. Również w tym przypadku stwierdzono najwyższą odziedziczalność QTL na poziomie 15%. Praktycznie wszystkie QTL wykazują ujemną wartość addytywności. Wyjątkiem od reguły jest QTL identyfikowany w LG15 (Tab. 11, Rys 10).

Analiza występowania QTLi dla masy ziarniaków wyodrębnia siedem lokalizacji. Najsilniejszy QTL występuje w obrębie LG18 a następnie LG15. Funkcja LOD przyjmuje wartości 10.02 i 9.22.

Charakteryzują się one odziedziczalnością na poziomie 15-16%. QTL na LG18 wykazuje cechy addytywne dodatnie natomiast LG15 ujemne.

QTL e długości wiechy występują w obrębie czterech grup sprzężeń. Najsilniejszy, o największej odziedziczalności występuje na LG19 (LOD 12). Cechuje go odziedziczalność na poziomie 16% i addytywność o wartości ujemnej.

Mierniki dla tematu badawczego 3

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1	Liczba analizowanych i konstruowanych map	1	1
2	Liczba analizowanych cech	5	5

3. 4. Analiza asocjacyjna 370 linii i odmian. Identyfikacja i testowanie potencjalnych markerów cech.

Cel tematu badawczego 4

- * Fenotypowanie linii i odmian *A. sativa* przeznaczonych do analiz asocjacyjnych – weryfikacja form o skrajnych fenotypach.
- * Testowanie markerów asocjowanych z wysokością roślin.

Wyniki

Z uwagi na duże różnice wartości cechy – wysokości - pomiędzy powtórzeniami, przeprowadzono ponowne fenotypowanie 200 wybranych odmian i linii. Oprócz wysokości roślin określono również wczesność, odporność na choroby oraz MTZ (Tab. 13). Do ponownego genotypowania wybrano linie i odmiany o skrajnych fenotypach – najwyższe i najniższe oraz te z bardzo dużą zmiennością cechy w latach. Wysokość analizowanych odmian i linii wahała się od 58,67 cm do 124,33 cm wynosząc średnio 95,57 cm.

Tab. 13. Analiza statystyczna wyników fenotypowania 200 wybranych form reprezentujących panel asocjacyjny.

L.p.	Cecha	Minimum	Maximum	Średnia
1	Wczesność	37	48	42,45
2	Porażenie mączniakiem	0	9	2,43
3	Porażenie rdzą koronową	0	9	6,14
4	Wysokość	58,67	124,33	95,57
5	MTZ	21,08	52,02	36,88

Do analizy w programie TASSEL użyto markerów molekularnych DArTseq i silicoDArT uzyskanych dla 370 odmian i linii owsa. W sumie do analiz wykorzystano 53519 markerów. Szczegółowa analiza danych genotypowych uzyskanych dla populacji wykazała, że dobór osobników został przeprowadzony prawidłowo, a dane genotypowe mogą być wykorzystywane do określenia asocjacji markerów z badanymi cechami. Tym razem oprócz dotychczasowych danych uwzględniono w analizie dane uzyskane w roku 2019. Analiza asocjacyjna dla wysokości została wykonana ponownie z zastosowaniem metod GLM oraz MLM w wyniku której wytypowano markery asocjowane z cechą.

Spśród 50 tys. markerów zaledwie 20 wykazało asocjację z wysokością roślin potwierdzoną testem Bonferroniego w jednym powtórzeniu, a spośród nich zaledwie dwa, jeden DArTseq i jeden silicoDArT asocjowały w dwóch powtórzeniach. Żaden z nowo zidentyfikowanych markerów nie był dotychczas rozpatrywany jako marker zasocjowany z wysokością.

Prawdopodobnie było to przyczyną niepowodzenia kolejnego eksperymentu, który miał na celu ponowne testowanie markerów zasocjowanych z wysokością opracowanych w roku 2017, gdyż wówczas przypuszczano, że niska asocjacja markera z fenotypem może wynikać z błędów fenotypowania. Przeprowadzono w związku z tym ponownie reakcję PCR z kombinacjami starterów badanymi poprzednio. Stwierdzono wówczas, że najlepsze dopasowanie segregacji markera do

fenotypu uzyskano dla par starterów Aso_24_F2 i R2b oraz Aso_57_F1 i R2 i polecane je do selekcji opartej na analizach asocjacyjnych.

Do analiz wybrano DNA roślin o skrajnych fenotypach – niskie i wysokie. Na żelu ustawiono je zgodnie z rosnącą wysokością. Poniżej przedstawiono wyniki uzyskane dla 3 spośród analizowanych kombinacji starterów (Fot. 1,2,3). Tym razem najlepszy wynik otrzymano dla pary starterów Aso_24_F1b i R1 (Fot.1). Niestety nadal nie jest to wynik, który mógłby być wykorzystany do selekcji wspomaganej markerami.

Mierniki dla tematu badawczego 4

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1	Liczba fenotypowanych linii	200	200
2	Liczba testowanych markerów zasocjowanych z wysokością	5	5

4. 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	liczba prezentacji podana w opisie zadania	liczba prezentacji zrealizowana
1.	IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, 5-7.11.2019, Poznań Edyta Paczos-Grzęda, Sylwia Sowa, Piotr Bednarek, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra, Jan Sadurski „Identyfikacja markerów zasocjowanych z MTZw owsie zwyczajnym” Abstrakty. str 63 (wyniki ze sprawozdania 3.4/2018, str. 20-25) Sylwia Sowa, Edyta Paczos-Grzęda, Piotr Bednarek, Aneta Koroluk, Joanna Toporowska, Ewelina Marek, Kinga Jędra „Identyfikacja QTL dla wysokości w populacji RIL Avena fatua L. × Avena sativa L. ‘Sam’” Abstrakty. str. 67 (wyniki ze sprawozdania 3.3/2018, str. 17-19)	poster	2	2
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych				
lp.	monografia/czasopismo	publikacja	liczba publikacji podana w opisie zadania	liczba publikacji zrealizowana
1.	-	-	-	-

Jeśli któryś z mierników nie został zrealizowany należy podać przyczyny.