

Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego

Numer zadania: 30

Okres realizacji: 2014 - 2020

Wykonawcy projektu:

dr hab. Edyta Paczos-Grzęda, prof. uczelni – kierownik projektu (edyta.paczos@up.lublin.pl)

prof. dr hab. Piotr Bednarek¹

dr inż. Sylwia Sowa

mgr inż. Aneta Koroluk

mgr inż. Joanna Toporowska

mgr inż. Ewelina Marek

Miejsca realizacji projektu:

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

¹Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

²Hodowla Roślin Strzelce

W realizacji projektu uczestniczyli:

Z. Nita², K. Werwińska², K. Job², A. Mokracka² - HR Strzelce

K. Nowaczyk, M. Niewińska - DANKO HR, Kopaszewo

A. Bichoński, A. Kidacka - MHR Polanowice

J. Isidiro Sánchez, S. Rio - Centre for Plant Biotechnology and Genomics (UPM-INIA), Madrid, Spain

T. Langdon - Institute of Biological, Environmental and Rural Sciences, Aberystwyth University, UK

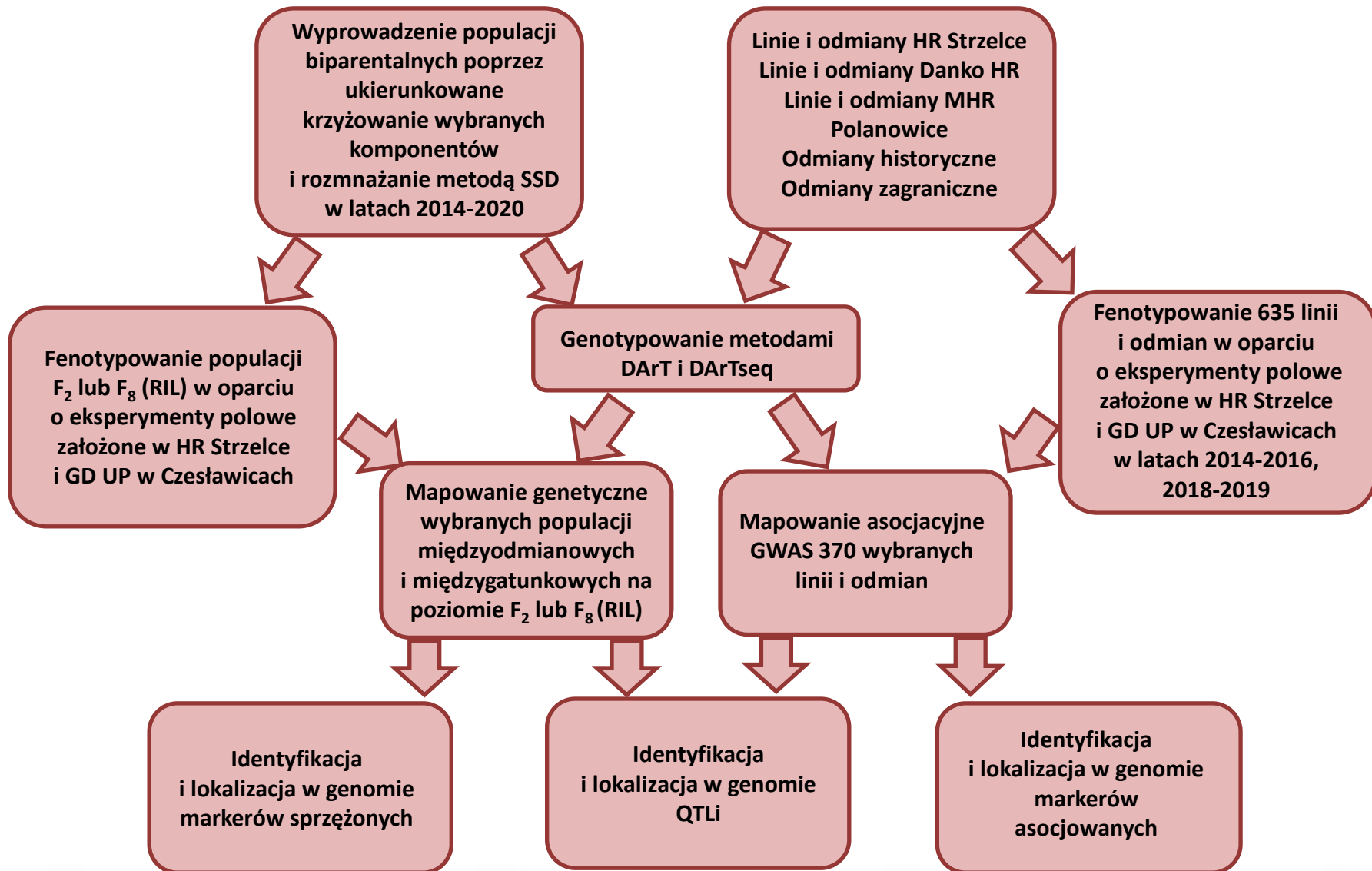
Y.-F. Huang - Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei, Taiwan



Lp.	Cele projektu:	Czy cel został zrealizowany
1.	Uzyskanie zaawansowanych międzyodmianowych i międzygatunkowych rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL)	TAK
2.	Precyzyjne fenotypowanie i genotypowanie za pomocą markerów DNA międzyodmianowych i międzygatunkowych populacji mapujących	TAK
3.	Opracowanie map genetycznych bazujących na liniach rekombinacyjnych wyprowadzonych w oparciu o krzyżowania biparentalne	TAK
4.	Lokalizacja na mapach genetycznych cech ilościowych i jakościowych oraz identyfikacja markerów genetycznych sprzężonych z tymi cechami	TAK
5.	Przeprowadzenie mapowania asocjacyjnego (GWAS – genome wide association studies) na panelu polskich odmian	TAK



Materiał i metody



Cel 1.

Uzyskanie zaawansowanych międzyodmianowych i międzygatunkowych rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL)

Tab. 1.2. Populacje mieszańcowe.

Nazwa populacji	Kombinacja mieszańcowa
32	Sam × <i>A. fatua</i> 216
56	<i>A. fatua</i> 216 × Sam
52	<i>A. sterilis</i> 66 × Sam
101	Bingo × STH 9787
261	291/11/ 211 × STH 9787
265	291/11/214 × STH 9210
310	Celer × STH 9210
324	Bingo × North Carolina
326	Bingo × Penline 116
328	Bingo × Pennline 6571
336	Bingo × STH 8827
337	Bingo × North Carolina
366	Bingo × Palestine Dwarf
414	Kanota × Heyne Dwarf
423	STH 8827 × STH 9210
431	Bingo S1 × Heyne Dwarf
437	Heyne Dwarf × STH 8827
508	DC 2112/05 × Quoll
572	Bingo × Wallaroo
794	Finley × Kasztan
822	<i>A. sativa</i> × <i>A. sterilis</i> 172
937	<i>A. sterilis</i> 172 × <i>A. fatua</i> 525
942	<i>A. fatua</i> 523 × <i>A. sterilis</i> 66
958	Trelle Dwarf × North Carolina
1008	<i>A. fatua</i> 216 × <i>A. sterilis</i> 66
1159	Palestine Dwarf × North Carolina
1160	Palestine Dwarf × Trelle Dwarf

Wyniki

W latach 2014-2019 prowadzono krzyżowania mające na celu uzyskanie mieszańców międzyodmianowych i międzygatunkowych (Tab. 1.1), a następnie populacji mapujących (Tab. 1.2). Otrzymano w sumie 1097 mieszańcowych ziarniaków F_1 reprezentujących 163 kombinacje krzyżówkowe. Spośród uzyskanych mieszańców szczegółowym analizom fenotypowym poddano 27 populacji pokolenia F_2 oraz F_3 . Spośród nich wybrano 9, które rozmnażano metodą pojedynczych ziarniaków (SSD), aż do uzyskania linii pokolenia F_8 (Tab. 1.3). W pokoleniu F_2 populacje te reprezentowane były przez 2958 roślin. Do pokolenia F_8 doprowadzono 1742 linie.

Dyskusja i wnioski

Do pokolenia F_8 doprowadzono 3 populacje międzygatunkowe, których komponentami krzyżowania były *A. fatua* i *A. sterilis*. Największa z populacji liczy 347 linii. Spośród populacji międzyodmianowych populacjami o największej liczebności są E101 i E310 z segregującym genem Dw6. Sześć z dziewięciu populacji zostało poddanych mapowaniu genetycznemu. Spośród wyprowadzonych populacji tylko niektóre charakteryzowały się odpowiednią segregacją fenotypów, bądź ogólną kondycją roślin, warunkującymi ich wykorzystanie do zaawansowanych analiz genetycznych.

Tab. 1.1. Uzyskane kombinacje mieszańcowe.

Rok	Liczba uzyskanych kombinacji	Liczba uzyskanych ziarniaków F_1
2014	121	676
2015	20	283
2016	10	25
2017	6	74
2018	2	15
2019	4	24
Suma	163	1097

Tab. 1.3. Populacje doprowadzone do RIL.

Populacja	Formuła krzyżowania	Liczba linii F_2	Liczba linii RIL F_8
E32	Sam × <i>A. fatua</i> 216	312	110
E52	<i>A. sterilis</i> 66 × Sam	407	347
E56	<i>A. fatua</i> 216 × Sam	452	135
E101	Bingo × STH 9787	364	307
E310	Celer × STH 9210	450	300
E326	Bingo × Penline 116	200	120
E337	Bingo × North Carolina	200	150
E366	Bingo × Palestine Dwarf	300	150
E423	STH 8827 × STH 9210	273	123
Suma		2958	1742

Cel 2.

Precyzyjne fenotypowanie i genotypowanie za pomocą markerów DNA międzyodmianowych i międzygatunkowych populacji mapujących

Wyniki

W latach 2014-2020 prowadzono fenotypowanie mieszańców międzyodmianowych i międzygatunkowych pokoleń F_1 i F_2 oraz linii F_3 i F_8 . Na poziomie F_1 sfenotypowano 108 kombinacji, zaś na F_2 ok. 3000 roślin reprezentujących 26 kombinacji. Linii F_3 sfenotypowano 2488 (Tab. 2.1), zaś rekombinacyjnych linii wsobnych, reprezentujących zarówno mieszańce międzyodmianowe, jak i międzygatunkowe - 1163 (Tab. 2.2). Każdą linię RIL reprezentowało 10 roślin, co oznacza, że oceniono fenotyp ok. 11,5 tys. roślin w pokoleniu F_8 .

Genotypowaniu metodą DARTseq poddano w sumie 1591 roślin lub linii, z czego 392 stanowiły rośliny F_2 trzech populacji (326, 337 i 822), zaś 829 to rekombinacyjne linie wsobne reprezentujące 2 populacje międzygatunkowe i 4 populacje międzyodmianowe z genami *Dw6* i *Dw7* (Tab. 2.3).

Genotypowanie metodą DARTseq przeprowadzono również dla 370 odmian i linii panelu asocjacyjnego, wybranych na podstawie eksperymentów polowych i fenotypowania prowadzonych w latach 2014-2015.

Tab. 2.1. Fenotypowane linie F_3

Populacja	Kombinacja mieszańcowa	Liczba linii
366	Bingo x Palestine Dwarf	116
310	Celer x STH 9210	500
328	Bingo x Pennline 6571	99
336	Bingo x STH 8827	92
101	Bingo x STH 9787	184
261	291/11/ 211 x STH 9787	110
265	291/11/214 x STH 9210	107
337	Bingo x North Carolina	106
326	Bingo x Pennline 116	109
423	STH 8827 x STH 9210	273
326	Bingo x Penline 116	92
337	Bingo x North Carolina	180
366	Bingo x Palestine Dwarf	63
508	DC 2112/05 x Quoll	109
572	Bingo x Wallaroo	108
822	<i>A. sativa</i> x <i>A. sterilis</i> _172	120
958	Trelle Dwarf x North Carolina	120
Suma		2488

Ryc.2.1. Rozmnożenia mieszańców międzygatunkowych



Tab. 2.2. Fenotypowane linie RIL F_8

Populacja	Kombinacja mieszańcowa	Liczba linii
52	<i>A. sativa</i> cv. Sam x <i>A. sterilis</i> 66	150
56	<i>A. sativa</i> cv. Sam x <i>A. fatua</i> 216	130
101	Bingo x STH 9787	160
310	Celer x STH 9210	300
337	Bingo x North Carolina	150
366	Bingo x Palestine Dwarf	150
423	STH 8827 x STH 9210	123
Suma		1163

Dyskusja i wnioski

Fenotypowaniu w różnych pokoleniach, poddano ponad 17 tys. roślin mieszańcowych. Genotypowaniu metodą DARTseq poddano 1221 mieszańców pokoleń F_2 i F_8 . Fenotypowaniu poddano 635 odmian i linii, z których do panelu asocjacyjnego wybrano i poddano genotypowaniu metodą DARTseq 370. Zarówno dane fenotypowe, jak i genotypowe mogą zostać wykorzystane do dalszych analiz.

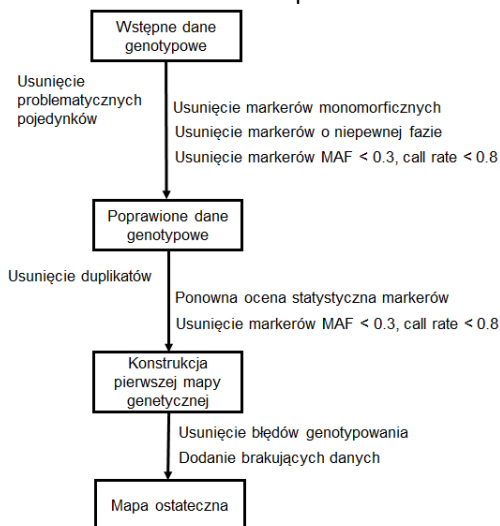
Tab. 2.3. Populacje genotypowane metodą DARTseq

Populacja	Formuła krzyżowania	Pokolenie	Liczba linii
326	Bingo x Penline 116	F_2	92
337	Bingo x North Carolina	F_2	180
822	<i>A. sativa</i> x <i>A. sterilis</i> _172	F_2	120
Panel GWAS		-	370
52	<i>A. sterilis</i> 66 x Sam	F_8 /RIL	150
56	<i>A. fatua</i> 216 x Sam	F_8 /RIL	120
101	Bingo x STH 9787	F_8 /RIL	150
310	Celer x STH 9210	F_8 /RIL	130
337	Bingo x North Carolina	F_8 /RIL	140
366	Bingo x Palestine Dwarf	F_8 /RIL	139
Suma			1591

Cel 3.

Opracowanie map genetycznych bazujących na liniach rekombinacyjnych wyprowadzonych w oparciu o krzyżowania biparentalne

Tab. 3.1. Schemat mapowania



Wyniki

Na podstawie danych genotypowych uzyskanych metodą DArTseq dla dwóch populacji F_2 326 i 337, segregujących pod względem genu karłowatości Dw7 oraz sześciu populacji RIL (52, 56, 101, 310, 337, 366) w latach 2014 – 2020 opracowano mapy genetyczne. Populacje E52 i E56 są efektem krzyżowania międzygatunkowego *A. sterilis* i *A. fatua* z *A. sativa*. Populacje międzyodmianowe E101 i E310 segregują pod względem genu karłowatości Dw6, zaś E337 oraz E366 – Dw7.

Tylko dla dwóch populacji E101 i E52 uzyskano mapy, których liczba grup sprzężeń odpowiadała liczbie chromosomów owsa wynoszącej 21. Dla pozostałych populacji RIL wartość ta wahała się od 24 do 30.

Dyskusja i wnioski

Opracowano 2 mapy genetyczne w oparciu o populacje E326 i E337 oraz 6 map genetycznych dla populacji rekombinacyjnych linii wsobnych E52, E56, E101, E310, E337 i E366. W porównaniu z mapami uzyskanymi dla populacji F_2 , mapy opracowane dla populacji RIL były krótsze, zawierały kilkukrotnie więcej markerów, umożliwiały wyodrębnienie mniejszej liczby LG, a zagęszczenie markerów było dużo większe. Wysokie zagęszczenie markerów umożliwia poszukiwanie markerów sprzężonych z genami. Porównanie uzyskanych map z genomem owsa pozwoli na identyfikację translokacji i innego typu rearanżacji chromosomowych, które mogą mieć istotny wpływ zarówno na fenotyp roślin, jak i na dziedziczenie cech.

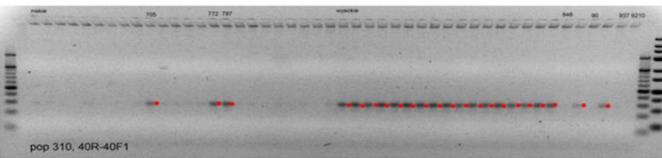
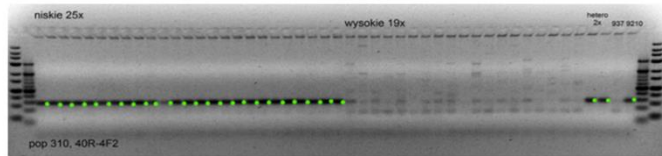
 Tab. 3.1. Zestawienie danych dotyczących mapowania genetycznego dla populacji F_2 326 i 337 oraz RIL 52, 56, 101, 337, 366 i 310 opracowanych w latach 2014 - 2020.

Populacja	Liczba markerów	Długość mapy [cM]	Liczba LG	Liczba markerów na LG			Długość LG [cM]			Średnia luka [cM]
				min.	max.	Średnia	min.	max.	Średnia	
326 F_2	689	6307,00	44	7	32	15,65	38,00	393,00	143,34	24,9
337 F_2	669	3952,25	25	6	54	26,76	18,71	338,11	158,09	14,1
52 RIL	1233	2022,70	21	23	92	58,71	21,30	137,1	96,30	10,7
56 RIL	5538	5391,13	25	11	414	221,52	20,48	352,48	215,64	1,02
101 RIL	4338	1895,33	21	26	654	206,57	22,75	211,86	90,25	14,2
337 RIL	6825	3137,80	30	28	435	227,50	25,33	221,54	98,95	17,5
366 RIL	5998	2675,80	25	33	527	239,92	27,20	348,48	102,50	13,7
310 RIL	4598	2696,80	24	25	457	191,58	24,54	207,45	90,54	15,7

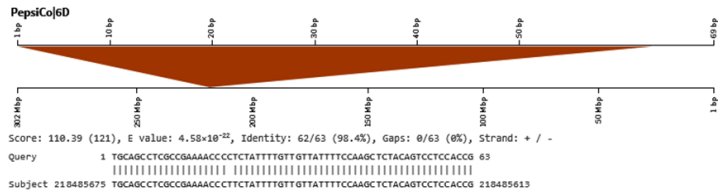
Cel 4.

Lokalizacja na mapach genetycznych cech ilościowych i jakościowych oraz identyfikacja markerów genetycznych sprzężonych z tymi cechami

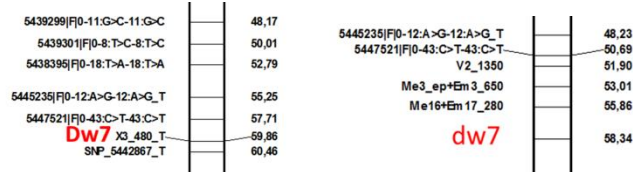
Ryc. 4.1. Amplifikacja ASA przy udziale starterów 40F2-40R i 40F1-40R dla homozygotycznych osobników niskich (*Dw6*) i wysokich w populacji 310.



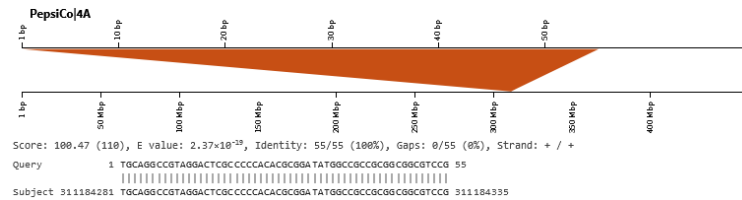
Ryc. 4.2. Sekwencja 3457078|F|0--20:C>T stanowiąca podstawę opracowania markerów dla genu *Dw6* 40F2-40R i 40F1-40R zlokalizowana na chromosomie 6D.



Ryc. 4.3. Lokalizacja na mapie owsa markerów dla genu *Dw7* opracowanych w oparciu o sekwencje RAPD, SRAP i DaRTseq.



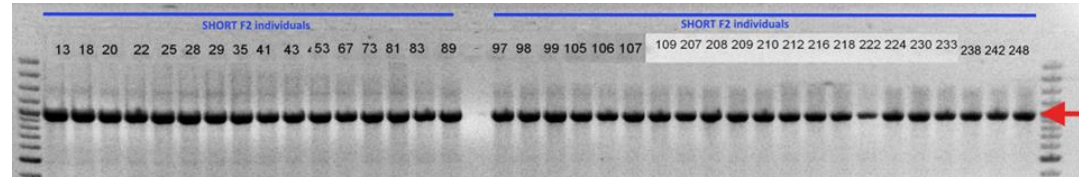
Ryc. 4.4. Sekwencja 5447521|F|0--43:C>T stanowiąca podstawę opracowania markerów dla genu *Dw7* zlokalizowana na chromosomie 4A.



Ryc. 4.5. Linie F₇ populacji E337 (Bingo x North Caroline) z genem *Dw7*.



Ryc. 4.6. Segregacja markera FUS1 sprzężonego z genem *Dw7*



Wyniki

W latach 2014-2020 prowadzono genotypowanie populacji mapujących metodą DaRTseq poszukując silnie sprzężonych markerów, których segregacja odpowiadała określonym fenotypom. Jednocześnie wykorzystując metodę BSA (Bulked Segregant Analysis), na pulach DNA reprezentujących przeciwstawne fenotypy poszukiwano markerów cech prowadząc genotypowanie metodami RAPD i SRAP. Celem obu tych podejść było opracowanie markerów silnie sprzężonych z badanymi genami, między innymi *Dw6* i *Dw7*.

Dyskusja i wnioski

Opracowano liczne markery dla genów *Dw6* i *Dw7*, które pozwolą na zrozumienie mechanizmu karłowatości warunkowanej tymi genami. Z uwagi na to, że żaden z tych genów nie może zostać bezpośrednio wykorzystany w hodowli, a dotychczas nie zidentyfikowano innego genu, który redukowałby długość słomy w owsie nie wpływając negatywnie na inne cechy, poznanie mechanizmów działania tych genów oraz ich regulacji pozostaje jedyną perspektywą.

Cel 5.

Przeprowadzenie mapowania asocjacyjnego (GWAS – genome wide association studies) na panelu polskich odmian
FENOTYPOWANIE

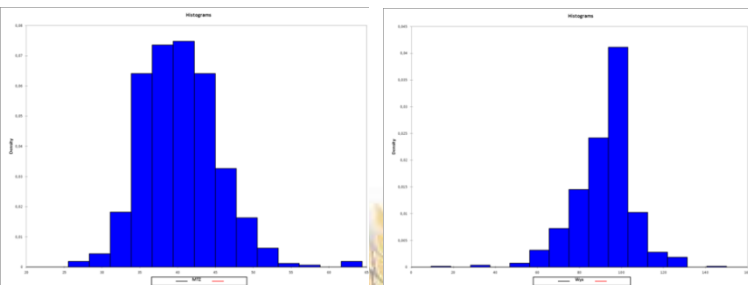
- ▶ Liczba genotypów: 635
- ▶ Linie i odmiany HR Strzelce
- ▶ Linie i odmiany Danko HR
- ▶ Linie i odmiany MHR Polanowice
- ▶ Odmiany historyczne
- ▶ Odmiany zagraniczne

Lokalizacja:

- ▶ Strzelce
 - 2014 (1 rep)
 - 2015 (1 rep)
 - 2016 (2 rep)
- ▶ Czesławice
 - 2019 (2 rep)

	2014	2015	2016	2019
Wczesność	X	X	X	X
Wysokość	X	X	X	X
Masa hektolitra	X	X	X	X
MTZ	X	X	X	X
Procent łuski	X	X	X	X
Plon z poletka	X	X	X	-
Mączniak	X	X	X	X
Rdza koronowa	X	X	X	X

Ryc. 5.1. Rozkład wartości MTZ i wysokości w panelu asocjacyjnym.


GENOTYPOWANIE

- ▶ Liczba genotypów: 370
- ▶ Liczba markerów silicoDArT: 32 650
- ▶ Liczba markerów DArTseq: 20 870
- ▶ Sumaryczna liczba markerów: 53 520
- ▶ Liczba markerów po filtrowaniu: 39 747

W tym:

- Zmapowanych: 5 183
- Niezmapowanych: 34 564
- ▶ Po porównaniu LD markerów:
 - Zmapowanych: 32 530
 - Niezmapowanych: 7 217
- ▶ Liczba markerów zmapowanych do mapy Chaffin i in. (2016): 5 183
- ▶ Liczba markerów zmapowanych do genomu owsa v.1 2020: 26 546

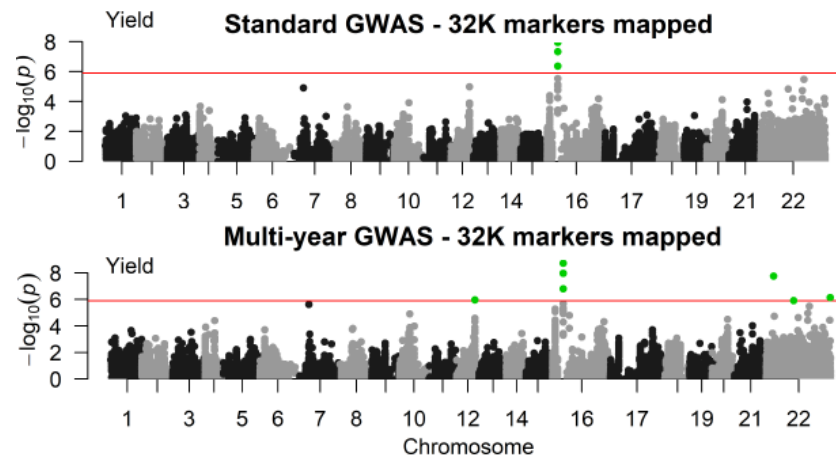
GWAS

Dwa podejścia:

- ▶ Standard GWAS
- ▶ Multi-year GWAS

Tab. 5.1. Liczba markerów istotnie statystycznie zasocjowanych z cechą.

Cecha	Suma	Zmapowanych na mapie Chaffini in. (2016)	Zmapowanych do genomu owsa v.1
Wczesność	8	1	3
Wysokość	30	6	22
Masa hektolitra	4	1	2
MTZ	1	0	0
Procent łuski	1	0	1
Plon z poletka	3	0	3
Mączniak	1	0	1
Rdza koronowa	32	1	15


Wyniki

Fenotypowaniu poddano 635 odmian i linii. Ocenę prowadzono w dwóch lokalizacjach, w jednym lub dwóch powtórzeniach w roku. Genotypowanie przeprowadzono dla 370 genotypów. Wybrano te, dla których dane z fenotypowania były kompletne.

Dane genotypowe uzyskane metoda DA rTseq poddano wielokrotnemu filtrowaniu i analizom uzyskując 39747 markerów, spośród których 26546 zostało zmapowanych do genomu owsa. Na podstawie analizy GWAS zidentyfikowano w sumie 80 markerów zasocjowanych z badanymi cechami.

Dyskusja i wnioski

Zidentyfikowane markery poddano próbie konwersji na markery specyficzne. Wydajność konwersji była niska, a z uwagi na brak korelacji marker – cecha, markery te nie mogą być wykorzystane w selekcji wspomagananej markerami (MAS). Dostępność genomu owsa umożliwia bardziej wnikliwe przyjrzenie się każdemu z markerów i rejonowi genomu z którego pochodzą.

KONKRETNE OSIAGNIĘCIA PROJEKTU

1. Wyprowadzenie w oparciu o polskie odmiany populacji mapujących RIL: międzyodmianowych (*A. sativa* x *A. sativa*) oraz międzygatunkowych (*A. sterilis* x *A. sativa* i *A. fatua* x *A. sativa*). Populacje te mogą być wykorzystywane do dalszych badań genetycznych oraz w pracach hodowlanych.
2. Uzyskano liczne materiały mieszańcowe, z których część wykorzystano bezpośrednio w projekcie, inne zostaną wykorzystane w przyszłych badaniach genetycznych, a pozostałe zostały przekazane lub zostaną przekazane hodowcom jako materiały wyjściowe.
3. W ramach projektu gromadzono liczne materiały roślinne o dużym potencjale badawczym i hodowlanym, które w razie potrzeby udostępniano.
4. Opracowano 6 map genetycznych w oparciu o rekombinacyjne linie wsobne, które mogą być wykorzystywane w dalszych pracach nad owsem.
5. Bazując na polimorfizmie markerów RAPD, SRAP oraz DArTseq opracowano markery molekularne dla genów karłowatości *Dw6* i *Dw7*.
6. Prowadząc obserwacje licznych materiałów roślinnych do krzyżowań przeznaczano te, charakteryzujące się zredukowaną długością słomy. Zidentyfikowano w ten sposób kilka potencjalnych źródeł karłowatości, z których najbardziej obiecujące są geny pochodzące z Palestyny Dwarf (forma alleliczna genu *Dw7*) oraz Trelle Dwarf (*Dw4*).
7. Wśród analizowanych mieszańców znaleziono formy charakteryzujące się wydłużonym dokłosem przy jednoczesnym skróceniu słomy warunkowanym genem *Dw6*. Wydłużenie dokłosa osiągnięto poprzez krzyżowanie z mieszańcami międzygatunkowymi z *A. sterilis*.
8. Wytypowano geny odpowiedzialne za syntezę długołańcuchowych kwasów tłuszczowych jako odpowiedzialne za osypywanie dzikich form owsa. Określono regiony genomu owsa związane z dzikim fenotypem.
9. Wytypowano markery asocjowane z istotnymi cechami hodowlanymi owsa. Markery te mogą zostać wykorzystane w hodowli wspomaganej markerami, niemniej jednak uzyskane wyniki wskazują, że do prawidłowej oceny fenotypu na podstawie genotypu niezbędne jest zaprojektowanie odpowiedniej platformy umożliwiającej genotypowanie wielu loci oraz adaptowanie odpowiednich algorytmów do oceny wpływu określonego układu alleli – haplotypów na ostateczny fenotyp rośliny.

Dwie międzygatunkowe populacje mapujące *A. sterilis* x *A. sativa* i *A. fatua* x *A. sativa* są wykorzystywane w projekcie finansowanym przez BBSRC: **Oat domestication - understanding the origin of a European cereal**. BBSRC Biotechnology and Biological Sciences Research Council, Wielka Brytania (BB/S008195/1). Okres realizacji: 12.2018 - 05.2021. Edyta Paczos-Grzęda – wykonawca projektu.



DONIESIENIA KONFERENCYJNE

1. Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., Koroluk A., Róg S., Bednarek P.T. 2014 Identification of potential markers for dwarfing Dw6 gene from oat. W: Genetics and genomics in improving plants: from model plant to new variety: III National Conference, Poznań, 5-7 November 2014, s. 88.
2. Paczos-Grzęda E., Bednarek P.T. 2014. Association mapping in oats. W: Genetics and genomics in improving plants : from model plant to new variety : III National Conference, Poznań, 5-7 November 2014, s. 87.
3. Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., Koroluk A., Róg S., Chrzęstek M., Bednarek P.T., Kowalczyk K. 2015 Putative markers towards Dw6 dwarfing gene in oats. W: EWAC - The European Cereals Genetics Co-operative : EUCARPIA Cereals Section : EWAC 2015 International Conference, Lublin, Poland, 24-29 May 2015 s. 44.
4. Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., Koroluk A., Róg S., Chrzęstek M., Bednarek P.T. 2015 Poszukiwanie uniwersalnych markerów dla genu Dw6 w owsie. W: Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych : XII Ogólnopolska Konferencja Naukowa, 2-6 lutego 2015 r., Zakopane, s.208.
5. Paczos-Grzęda E., Róg S., Ostrowska A., Bednarek P.T. 2015 DARtseq markers towards Dw6 dwarfing gene in oats. [AUT.] W: Oats 2020, 23-25 listopada 2015 r., Solihull, Birmingham, Wielka Brytania. s. 67.
6. Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., Sowa S. 2016. Identyfikacja markerów molekularnych dla genu Dw7 warunkującego karłowatość owsa. W: Nowe osiągnięcia polskich zespołów badawczych w dziedzinie genetyki, hodowli i biotechnologii roślin: Konferencja Naukowa z okazji 60-lecia Katedry Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin na Wydziale Kształtowania Środowiska i Rolnictwa Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie. Międzyzdroje, 8-10 czerwca 2016 s. 58.
7. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Ostrowska A., Bednarek P.T. 2016. DARtseq markers towards Dw7 dwarfing gene in oats. W: The 10th International Oat Conference 11-15 July 2016, St. Petersburg, Russia : Innovation for Food and Health, s. 141-142.
8. Paczos-Grzęda E., Bisaga, M., Langdon, T., Tinker N. 2017. Fine Mapping of the Dw7 Dwarfing Gene in Oat. Plant and Animal Genome XXV Conference, January 14-18, 2017, San Diego, California. P0915. <https://pag.confex.com/pag/xxv/meetingapp.cgi/Paper/25966>
9. Bisaga, M., Griffiths, I., Vickerstaff, R., Paczos-Grzęda E., Abugalieva, A., Dumlupinar, Z., Huang, Y-F , Giorgi, D. , Lucretti, S., Langdon, T. 2017. Genomics tools for oat breeding. 4th International Scientific Conference "Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics And Biotechnology" Kazakhstan, Almaty, May 29 - June 2, 2017.
10. Paczos-Grzęda E., Bednarek P.T. 2018. Mapowanie asocjacyjne wysokości roślin owsa. W: Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin - osiągnięcia, wyzwania i perspektywy : Ogólnopolska Konferencja Naukowa. Streszczenia. Lublin, 2018 s. 43.
11. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Bednarek P., Koroluk A., Toporowska J., Marek E., Jędra K., Sadurski J. 2019. Identyfikacja markerów zasocjowanych z MTZw owsie zwyczajnym. IV Ogólnopolska Konferencja Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany 5-7.11.2019, Poznań, str. 63.
12. Sowa S., Paczos-Grzęda E., Bednarek P., Koroluk A., Toporowska J., Marek E., Jędra K. Identyfikacja QTL dla wysokości w populacji RIL *Avena fatua* L. × *Avena sativa* L. 'Sam' IV Ogólnopolska Konferencja Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany, 5-7.11.2019, Poznań, str. 67.

PUBLIKACJE NAUKOWE

1. Tinker N.A., Jackson E.W., Snyder S., Tiede T., Azar C., Babiker E., Beuch S., Bjørnstad A., Ceplitis A., Chao S., Cowan S, Dumlupinar Z., Esvelt Klos K., Fetch T., Harrison S., Howarth C., Hu G., Huang Y.F., Isidro Sanchez J., Jellen R., Kolb F., Langdon T., Ma B., Maughan J., McCartney C., McMullen M., Miller S., Mitchell Fetch J., Paczos-Grzęda E., Peng Y., Prats E., Ren C., Singh J., Sorrells M.E., Tumino G., Vallenback P., Wight C.P., Winkler L., Zwer P. 2016. Achievements and impact of the Collaborative Oat Research Enterprise (CORE). Oat Newsletter 53(18). MNiSW₂₀₁₈ – 5.
2. Paczos-Grzęda E.*, Bednarek P.T., Koroluk A. 2014. Zastosowanie markerów silicoDART do oceny polimorfizmu międzyodmianowego *Avena sativa* L. Folia Pomeranae Universitatis Technologiae Stetinensis. Agricultura, Alimentaria, Piscaria et Zootechnica 30, 75-84. MNiSW₂₀₁₄ – 5 pkt.
3. Paczos-Grzęda E.*, Nowak M. 2017. Analiza elementów plonu mieszańców międzyodmianowych owsa o zredukowanej długości źdźbła. Agronomy Science (Annales UMCS sec. E, Agricultura) VOL. LXXII (3),117-127. MNiSW₂₀₁₈ – 9 pkt.
4. Paczos-Grzęda E.*, Sowa S., Koroluk A., Toporowska J., Marek E., Bednarek P. 2019. Mapowanie sprzężeniowe i asocjacyjne owsa zwyczajnego. Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl. 2019 Nr 286 s. 169-172, il. bibliogr. sum. DOI: 10.37317/biul-2019-0037 MNiSW₂₀₁₉ – 20 pkt.