

IDENTYFIKACJA POLIMORFIZMÓW ASOCJOWANYCH Z TENDENCJĄ DO POŚPIECHOWATOŚCI W TRANSKRYPTOMIE BURAKA CUKROWEGO

Michał Nowak¹, Kamila Kozak², Adam Sitarski², Tomasz Ociepa¹, Karolina Różaniecka¹, Justyna Leśniowska-Nowak¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin

² Kutnowska Hodowla Buraka Cukrowego Sp. z o.o., Straszów 12, 62-650 Kłodawa

michal.nowak@up.lublin.pl

Cel badań

Pośpiechowość, czyli kwitnienie w pierwszym roku uprawy jest w przypadku uprawy buraka cukrowego zjawiskiem skrajnie niekorzystnym. W przypadku form pośpiechowatych obserwuje się znaczne obniżenie masy korzeni i zawartości cukru, co skutkuje znacznym obniżeniem produktywności plantacji. Szacuje się, że pojawienie się form pośpiechowatych w ilości 1 szt./m² powoduje spadek dochodu sięgający nawet 20%.

Dotychczasowe badania genetyczne dotyczące indukcji kwitnienia i zagadnienia pośpiechowości w przypadku buraka ograniczają się do analiz strukturalnych. W literaturze naukowej brak jest informacji na temat funkcjonalnych aspektów tego zagadnienia. Z tego względu celem badań była analiza sekwencji transkryptomów uzyskanych dla 12 form buraka cukrowego o zróżnicowanej tendencji do pośpiechowości, a następnie identyfikacja w obrębie transkryptów polimorfizmów pojedynczych nukleotydów (SNP), które wykazują asocjację z tą cechą.



Rys. 1. Fenotypowanie roślin buraka cukrowego w warunkach doświadczenia polowego na poletkach KHBC Sp. z o.o. w Celbowie.

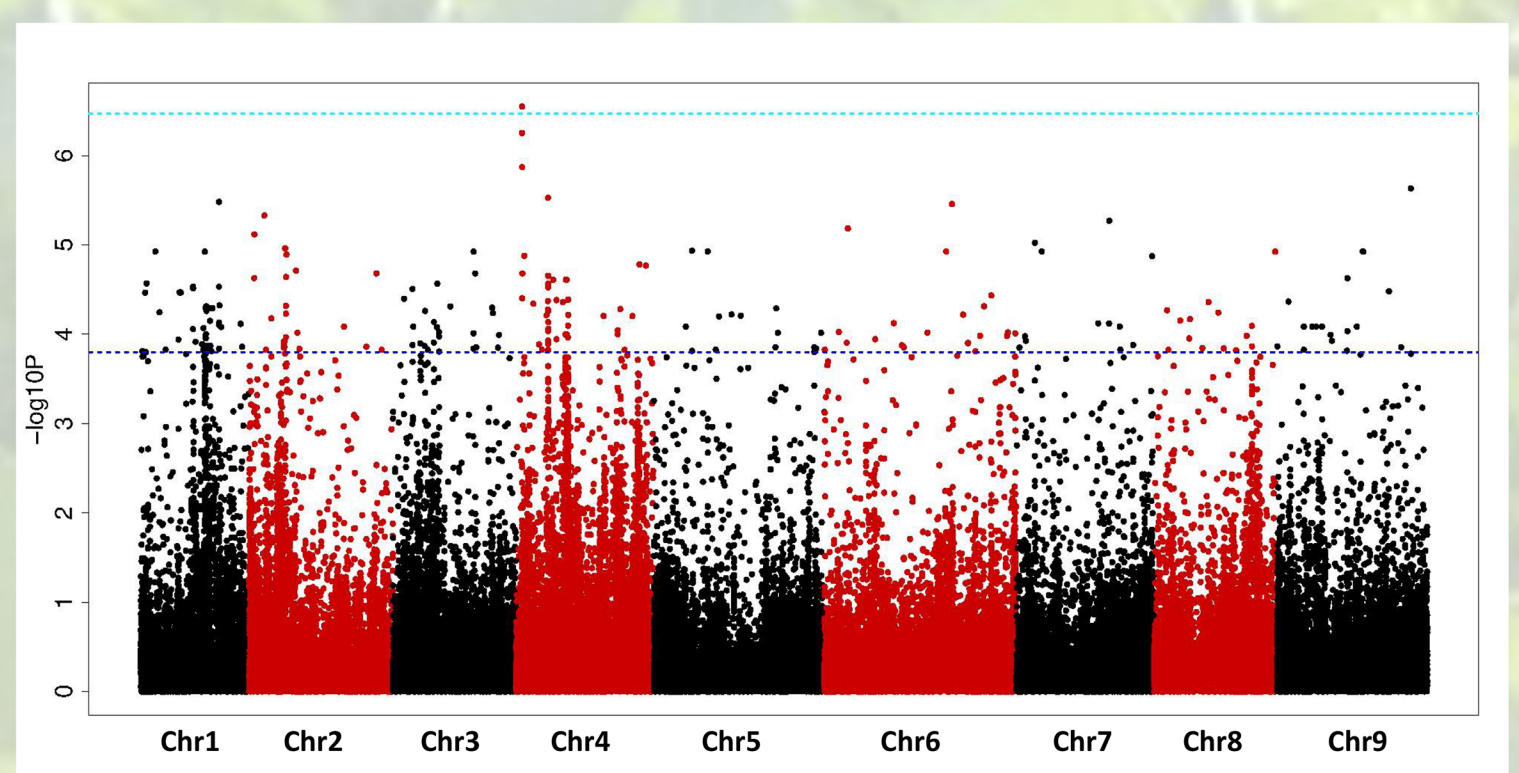
Materiał i metody

W pracach wykorzystane zostały dane obejmujące sekwencje transkryptomów 12 linii hodowlanych buraka cukrowego pochodzących z kolekcji KHBC Sp. z o.o. Linie te zostały wcześniej scharakteryzowane pod względem tendencji do uzyskiwania roślin pośpiechowatych na podstawie wieloletnich obserwacji w warunkach doświadczenia polowego. Odsetek roślin pośpiechowatych dla badanych materiałów wahał się w granicach od 0 do 100%. Z roślin badanych linii wyizolowano RNA, a następnie wykonano sekwencjonowanie transkryptomu techniką RNAseq. Uzyskane sekwencje zmapowane zostały do genomu referencyjnego buraka cukrowego Beta_vulgaris.RefBeet-1.2.2.48.

W kolejnym etapie prac dokonano analizy i oceny polimorfizmów typu SNP obecnych w transkryptomach wszystkich analizowanych w panelu linii w oparciu o model CDS. Następnie dokonano określenia asocjacji zidentyfikowanych SNPs z tendencją do pośpiechowości techniką Associative Transcriptomics.

Wyniki

Uzyskane wyniki pozwoliły na identyfikację licznych polimorfizmów typu SNP asocjowanych z tendencją roślin buraka do kwitnienia w pierwszym roku uprawy. Najsilniejszą asocjację z cechą wykazały w badaniach SNPs zlokalizowane w obrębie sekwencji transkryptu genu kodującego białko zawierające bromodomenę położonego na chromosomie 4 buraka cukrowego (Rys. 2.). W obrębie tej sekwencji kodującej zidentyfikowano 3 polimorfizmy pojedynczych nukleotydów (Tab. 1.).



Rys. 2. Wykres Manhattan plot asocjacji analizowanych transkryptów z tendencją buraka cukrowego do pośpiechowości.

Tab. 1. SNPs w obrębie sekwencji transkryptu genu białka zawierającego bromodomenę zlokalizowanego na chromosomie 4.

Pozycja	Allel referencyjny	log10P
479	T	6,25
1557	C	5,87
1942	G	6,55

Białka zawierające bromodomenę pełnią rolę czynników regulatorowych związanych z kontrolą struktury chromatyny, które wiążą się z acetylowanymi ogonami histonów. Najnowsze badania wykazały, że u *Arabidopsis thaliana* mutacje powodujące utratę aktywności przez białka tego rodzaju skutkują m.in. przyspieszeniem kwitnienia roślin [DOI: 10.1016/j.xplc.2021.100174].

Wnioski

Poznanie mechanizmów regulujących kwitnienie jest w przypadku roślin dwuletnich jednym z kluczowych zagadnień badawczych. Umożliwia to opracowanie metodyki identyfikacji na wczesnym etapie hodowli roślin, których termin kwitnienia odbiega od oczekiwanego i ich eliminację. Dotychczas najważniejszym opisanym genetycznym regulatorem kwitnienia buraka cukrowego jest gen *BvBTC1*, który zmapowany został na chromosomie 2.

Uzyskane wyniki wskazywać mogą na potencjalnie nowe genetyczne źródło kontroli kwitnienia u *Beta vulgaris* funkcjonujące w oparciu o wyposażony w bromodomenę białkowy regulator ekspresji genów.

Prezentowane wyniki uzyskane zostały w ramach realizacji projektu pt: „Opracowanie nowych narzędzi biotechnologicznych pozwalających na skuteczną ocenę odporności buraka cukrowego na pośpiechowość oraz wybór form rodzicielskich do hodowli heterozyjnej tego gatunku” finansowanego przez MRiRW w ramach Programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej [zadanie nr 24].