

SPRAWOZDANIE O STANIE REALIZACJI ZADANIA

z wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w **2012 roku**

1. Nr decyzji MRiRW:
HOR hn 801-1/12 zadanie nr 47
2. Nazwa tematu:
Profilowanie molekularne metodą DArT odmian i linii owsa zwyczajnego wykorzystywanych w hodowli twórczej oraz wyprowadzenie populacji mapujących
3. Podmiot realizujący temat:
**Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,
ul. Akademicka 13,
20-950 Lublin**
4. Wydział/Pracownia/ Pracownie:
**Wydział Agrobioinżynierii,
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin**
5. Kierownik tematu (zgodnie z kartą tematu):
Edyta Paczos-Grzęda, dr
Wykonawcy:
Piotr Tomasz Bednarek, dr hab., prof. IHAR

Znaczenie owsa w żywieniu człowieka stale rośnie z uwagi na jego właściwości odżywcze, takie jak wysoka zawartość rozpuszczalnego błonnika, dobrej jakości białko czy wysoka zawartość tłuszczu. Ważne jest więc wykorzystanie możliwości biologii molekularnej w celu wspomagania programów hodowlanych w tym gatunku. Niewielkie zróżnicowanie genetyczne owsa zwyczajnego wymusza konieczność zastosowania do analiz systemu markerowego identyfikującego wysoki poziom polimorfizmu na jak największym obszarze genomu.

Celem badań prowadzonych w niniejszym projekcie było określenie zróżnicowania genetycznego w obrębie odmian i linii hodowlanych wykorzystywanych w hodowli twórczej owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) na poziomie molekularnym przy użyciu metody analizy polimorfizmu DNA – DArT (*Diversity Array Technologies*) oraz ustalenie fenotypów wszystkich analizowanych obiektów.

Materiał badawczy stanowiły polskie i zagraniczne odmiany oraz wyrównane, perspektywiczne linie owsa zwyczajnego wytypowane do analiz przez spółki: DANKO, Małopolska Hodowla Roślin i HR Strzelce. Ponadto do badań włączono odmiany wyhodowane w Polsce po roku 1977. Wszystkie materiały w roku 2011 zostały poddane analizie polimorfizmu w systemie DArT, stąd dla każdej z form dysponowano danymi genotypowymi, czyli profilami markerów DArT. Ocenę fenotypów

wykonano w oparciu o doświadczenie polowe przeprowadzone na poletkach Gospodarstwa Doświadczalnego Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, w Czesławicach koło Nałęczowa. W trakcie wegetacji przeprowadzono obserwacje: wiechowania, porażenia przez rdzę koronową (nie stwierdzono porażenia mączniakiem), owłosienia liścia podflagowego, owłosienia kolanka, wylegania i wysokości. W fazie dojrzałości pełnej zebrano po 10 wiech z każdego poletka. W warunkach laboratoryjnych przeprowadzono pomiar długości wiechy, liczby kłosek i ziarniaków z wiechy, masy ziarniaków, % zawartości łuski w ziarnie. Obliczono również płodność kłoska i MTZ. Dla wszystkich analizowanych cech uzyskano średnie. Fenotypowanie w dużej mierze zależy od warunków środowiska dlatego też doświadczenie powinno zostać powtórzone w roku przyszłym.

Kolejny cel projektu to wyprowadzanie populacji mapujących. W roku bieżącym uzyskano kolejne kombinacje mieszańcowe wyprowadzone zgodnie z zasadami uzyskiwania populacji mapujących. Po raz pierwszy uzyskano mapy genetyczne owsa z udziałem polskich materiałów hodowlanych. Są to mapy oparte na segregacjach kodominujących markerów DArTseq oraz obserwacjach fenotypowych pokolenia F₂. Mapowanie interwałowe wykonano w programie Join Map 4.0. Przy wytyczaniu grup sprzężeń zastosowano grupowanie z wykorzystaniem niezależnej wartości funkcji LOD. Każdą z grup sprzężeń dopasowywano do możliwie minimalnej wartości parametrów N.N. Fit i N.N. Fit (cM). Tak utworzone grupy sprzężeń wykorzystano do mapowania kompozytowego. Mapowanie kompozytowe wykonano w programie WinQTL Cartographer. Wyprowadzone w ramach niniejszego projektu populacje mapujące umożliwią poszukiwanie markerów dla genów warunkujących pożądane cechy oraz identyfikację linii posiadających jak największą liczbę korzystnych alleli lub locus QTL.