

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE

z realizacji zadania nr 34 na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2016 roku

Temat zadania: Określenie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych

Celem zadania badawczego było określenie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych. W tym celu przeprowadzono ocenę fenotypową linii wsobnych kukurydzy oraz zastosowano dwa typy markerów molekularnych KASP i SSR. Materiał badawczy w 2016 roku stanowiły 94 linie wsobne kukurydzy, które pochodziły z polskich firm hodowlanych. Wysiano je w doświadczeniu polowym, a następnie prowadzono obserwacje 22 cech morfologicznych i ilościowych. Wyniki pomiarów i obserwacji zostały opracowane statystycznie z zastosowaniem jedno i wielowymiarowych metod. Uzyskane wyniki wskazują na duże zróżnicowanie badanej kolekcji. Największą zmienność badane linie kukurydzy wykazują dla cech morfologicznych, ale wykazano także statystycznie istotne ich zróżnicowanie względem wartości cech ilościowych. Analiza składowych głównych pozwoliła na wydzielenie cech, które najbardziej różnicują analizowane linie. Do cech najsilniej dyskredytujących linie kukurydzy należą masa świeżych ziaren z kolby, masa ziaren po wysuszeniu, średnica kolby, liczba ziaren z kolby, długość kolby, typ ziaren oraz wczesność określana przez liczbę dni do pylenia i znamionowania. Zawartość suchej masy działa przeciwnie do wcześniejszych cech, o czym świadczy ujemna korelacja z pierwszą składową główną. Analiza składowych głównych uzupełniona analizą skupień dała komplementarne wyniki, dlatego dobrze jest aby były stosowane razem do poznania zmienności wielocechowej linii wsobnych kukurydzy. Wykreślono dendrogramy obrazujące podobieństwo badanych linii kukurydzy. Pierwszy z nich uzyskano na podstawie oceny cech morfologicznych, który obrazuje zarówno podobieństwo i różnice fenotypowe, natomiast dwa kolejne uzyskano na podstawie markerów molekularnych KASP i SSR obrazujących wykryty polimorfizm DNA linii. Podstawowa trudność w stosowaniu markerów molekularnych to odpowiedni ich dobór, do wykazania polimorfizmu badanych genotypów. W przeprowadzonych badaniach to się udało, a zastosowane markery KASP oraz SSR charakteryzowały się dużą specyficnością w określaniu polimorfizmu DNA badanych linii kukurydzy, a uzyskane wyniki są wiarygodne i powtarzalne. Pozwoliło to na skonstruowanie na ich drzewa podobieństw genetycznych linii. Użyte markery SSR były specyficznymi dla

kukurydzy sekwencjami mikrosatelitarnymi, a informacje o nich pochodziły z bazy danych MaizeDB. Uzyskane markery obrazują polimorfizm genetyczny linii kukurydzy. Startery do reakcji PCR były dopierane zgodnie z prowadzonymi obserwacjami morfologicznymi, stąd też podobieństwo wykreślonego na podstawie markerów SSR dendrogramu jest bardziej zbliżone do dendrogramu uzyskanego na podstawie cech morfologicznych. Markery KASP zostały wybrane tak, aby reprezentowały wszystkie 10 chromosomów kukurydzy, a ponadto przy ich wyborze wzięta została ich pozycja w genomie tak, aby reprezentowały cały genom i były równo od siebie oddalone. Występujące różnice pomiędzy dendrogramami podobieństw, spowodowane może być tym, że dla cech mierzalnych trudno jest wybrać arbitralny marker, ponieważ cechy te są poligeniczne, warunkowane wieloma genami o małych efektach. Włączenie większej liczby markerów do analiz, a zwłaszcza markerów sprzężonych z cechami ilościowymi może dać jeszcze bardziej zgodne wyniki analiz podobieństwa na podstawie zmienności fenotypowej i genetycznej linii kukurydzy. Niezależnie od zastosowanej metody wykazano duże zróżnicowanie badanych linii i podobny typ aglomeracji linii w dendrogramach. Stwarza to możliwość wykorzystania badanych obiektów w programach hodowlanych i uzyskanie potomstwa o nowych kombinacjach cech. Dendrogramy podzielił badane genotypy na dwie główne gałęzie, z których jedna zawierała jeden genotyp, druga dzieliła się na 3 kolejne podgrupy. Linie SM2/14(1) i SM50/14 (22) były najbardziej oddalone genetycznie od pozostałych analizowanych. Wykonana analiza składowych głównych nie pozwoliła na wyróżnienie grup z genotypami pochodzącymi wyłącznie z jednej lub drugiej firmy hodowlanej. Brak podziału w badanej kolekcji na genotypy pochodzące z Hodowli Roślin Smolice i Małopolskiej Hodowli Roślin świadczy o podobnym tle genetycznym polskich materiałów hodowlanych.

Prof. dr hab. Henryk Bujak