

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE

z realizacji zadania nr 34 na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2017 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 2017 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.

Na podstawie cech morfologicznych i użytkowych stwierdzono wyraźne zróżnicowanie badanych linii wsobnych kukurydzy. Zmienność linii jest większa pod względem cech morfologicznych, o czym świadczą wysokie wartości współczynników zmienności oraz zakresy zmienności cech. Najniższą zmienność badane linie kukurydzy wykazują dla długości kolby, liczby ziaren w rzędzie i kolbie, zawartości suchej masy oraz wczesności mierzonej liczbą dni od siewu do pylenia i znamionowania. Analiza składowych głównych pozwoliła na wskazanie cech, które najbardziej różnicują analizowane linie, do których zaliczono wysokość roślin oraz masę świeżych i suchych nasion z kolby. Wyniki analiza składowych głównych oraz analizy skupień uzupełniają się, dlatego w celu poznania zmienności wielocechowej linii wsobnych kukurydzy dobrze jest stosować je razem.

Genomowe DNA zostało wyizolowane przy użyciu kitów ze złożem krzemionkowym firmy Syngen i posłużyło do analiz molekularnych mających na celu określenie dystansu genetycznego pomiędzy badanymi genotypami kukurydzy. W badaniach wykorzystano 50 markerów KASP oraz 20 par starterów SSR wybranych z publicznie dostępnych baz opracowanych dla kukurydzy.

Podobieństwo genetyczne obliczone na podstawie polimorfizmu pojedynczych nukleotydów (markerów KASP) dla badanych linii kukurydzy z mieściło się w przedziale 0,40 do 0,90, a uzyskane wartości wskazują na występowanie dużego zróżnicowanie badanych linii kukurydzy.

Wykreślony na bazie markerów KASP dendrogram podzielił linie na cztery osobne grupy odgałęzień. Genotypy tworzące poszczególne skupienia dzielą się na kolejne dwie główne podgrupy. Po jednej stronie dendrogramu grupują się linie SM11/17, SM10/17 i SM14/17 tworząc najbardziej odległe skupisko, a po przeciwnej stronie ostatnią grupę tworzą linie SM8/17, SM52/18 oraz LK4. Nie udało się dokonać wyraźnego podziału na materiał pochodzący z Hodowli Roślin Smolice i Małopolskiej Hodowli Roślin, co świadczy o podobnym tle genetycznym materiałów obydwu firm. Przeprowadzona analiza składowych głównych pozwoliła na wyodrębnienie czterech grup skupisk linii tożsamyh z grupami wydzielonymi na dendrogramie. W każdej z wydzielonych grup, niezależnie od metody, zgrupowane są materiały pochodzące zarówno z jednej, jak i drugiej hodowli.

Zastosowane startery SSR także pozwoliły na efektywne zróżnicowanie badanego materiału. Podobieństwo genetyczne uzyskane dla badanych linii mieściło się w przedziale 0,26 do 0,85, a uzyskane wartości podobieństwa genetycznego wskazują na występowanie dużego zróżnicowania w badanym materiale. Wykreślony na podstawie markerów SSR dendrogram podzielił analizowane linie na sześć głównych grup, które dalej się rozdzielały. Najbardziej odrębna od pozostałych jest linia LK1, która utworzyła oddzielną gałąź. Podobnie linie SM16/17, SM42/17 i SM30/17, które tworzą drugie skupisko wykazują mniejsze podobieństwo genetyczne do pozostałych linii. Genotypy tworzące ostatnie skupienie dzielą się na dwie główne podgrupy, ale najbardziej odległe od pozostałych są linie z ostatniej grupy (SM53/17, SM17/17 i SM24/17). Ułożenie linii na dendrogramie nie pozwoliło na oddzielne zgrupowanie materiałów pochodzących z Hodowli Roślin Smolice i Małopolskiej Hodowli Roślin. Świadczy to o podobnym tle genetycznym linii pochodzących z obydwu firm. Przeprowadzona analiza składowych głównych pozwoliła na wyróżnienie czterech grup zawierających linii bez wskazania z której firmy hodowlanej pochodzą. Linie o podobnym tle genetycznym, niezależnie od ich pochodzenia, zaliczone zostały do poszczególnych grup na podstawie wartości podobieństwa genetycznego. Linie z grup 1 i 4 charakteryzują się większym podobieństwem niż linie zaliczone do grup 2 i 3, o czym świadczy ich położenie w układzie składowych głównych.

Kierownik Zadania

Prof. dr hab. Henryk Bujak