

Sprawozdanie z realizacji zadania badawczego nr 34 za 2018 rok

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

Kierownik zadania: **prof. dr hab. Henryk Bujak**

Celem zadania było sprawdzenie systemu markerów molekularnych, które pozwolą na efektywne ustalanie dystansu genetycznego pomiędzy liniami kukurydzy. Sprawdzono w tym celu markery RAPD, SSR oraz SNP, które wykazują wysoki stopień polimorfizmu, są wysoce powtarzalne ze względu na budowę starterów, a ich użycie jest stosunkowo niedrogie. Polimorfizm uzyskany dzięki zastosowaniu tych systemów molekularnych pozwolił na rozróżnienie linii pochodzących z różnych pul genetycznych. Analiza efektów heterozji mieszańców w zależności od dystansu genetycznego dzielącego linie biorące udział w krzyżowaniach, pozwoliła ponadto na weryfikację przydatności markerów molekularnych do oceny zróżnicowania genetycznego linii w celu otrzymania maksymalnego efektu heterozji w procesie hodowli kukurydzy. Dokonano podziału linii wsobnych kukurydzy na grupy heterotyczne na podstawie zidentyfikowanych markerów molekularnych sprzężonych z loci determinującymi plon ziarna i jego podstawowe komponenty.

Materiałem badawczym w 2018 roku były wyprowadzone w polskich spółkach hodowlanych 94 linie wsobne kukurydzy. Badane linie charakteryzowały się zróżnicowanym pochodzeniem i zostały wyprowadzone z materiałów będących w dyspozycji hodowlin i nie były ze sobą spokrewnione. Podstawę klasyfikacji tych linii stanowiła budowa ziarniaka i można je było wstępnie podzielić na formy o ziarnie zębokształtnym (dent) oraz szklistym (flint). W trakcie trwania zadania przeanalizowano łącznie 476 linii wsobnych kukurydzy wyprowadzonych w polskich hodowlach (Hodowla Roślin Smolice, Małopolska Hodowla Roślin Oddział Kobierzyce). Analizowane linie wykazywały duże zróżnicowanie pod względem cech morfologicznych, jak i użytkowych, co potwierdzono stosując jedno- i wielocechowe narzędzia statystyczne.

Do analizy zróżnicowania genetycznego wykorzystane zostały początkowo markery molekularne typu SSR oraz KASP. Markery SSR wybrano z dostępnych baz danych, a przy ich wyborze kierowano się ich powiązaniem z plonem oraz cechami struktury plonu, a następnie dokonywano oceny ich specyficzności i wiarygodności na materiałach hodowlanych. Na tym etapie realizacji zadania system markerowy został uzupełniony o badanie polimorfizmu pojedynczych loci (SNP), a do genotypowania linii kukurydzy zastosowano metodę KASP (ang. Kompetitive Allele Specific PCR).

W 2018 roku do określenia zróżnicowania genetycznego linii kukurydzy zastosowano dwa różne systemy markerowe (SSR, SNP), które pozwoliły na efektywne grupowanie linii. Wyniki analiz molekularnych wykazały, że linie kukurydzy z polskich hodowli charakteryzowały się podobnym tłem genetycznym, o czym świadczą ich pozycje w układzie składowych głównych oraz umiejscowienie na dendrogramach podobieństwa.

Następnie na podstawie obliczonych dystansów genetycznych wybrano komponenty rodzicielskie do krzyżowań w celu uzyskania mieszańców eksperymentalnych, które pozwoliły na określenie związku pomiędzy efektem heterozji mieszańców F_1 a dystansem linii rodzicielskich. Uzyskane mieszańce testowe kukurydzy wykazały wysoki istotny efekt heterozji względem form rodzicielskich dla plonu i suchej masy ziarna. Nie wykazano natomiast powiązania obliczonych, z wykorzystaniem różnych systemów markerowych, wartości odległości genetycznych pomiędzy formami rodzicielskimi z efektami heterozji mieszańców. Można zatem stwierdzić, że zastosowane systemy markerowe pozwoliły na włączanie linii do grup homogenicznych, natomiast obliczone wyniki odległości genetycznych pomiędzy formami rodzicielskimi nie miały bezpośredniego przełożenia na wielkość efektu heterozji mieszańców dla plonu ziarna i zawartości suchej masy. Podobnie nie wykazano liniowego związku pomiędzy wielo cechowym zróżnicowaniem linii a wielkością efektu heterozji mieszańców.

Zastosowane systemy markerowe pozwoliły natomiast na bardzo efektywne genotypowanie linii kukurydzy i na ich podział na grupy heterogenne, co jest ważnym elementem współczesnej hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy. Spośród zastosowanych systemów markerowych najbardziej przydatne do określania zróżnicowania genetycznego linii kukurydzy wydają się być markery mikrosatelitarne SSR ze względu na dobre grupowanie genotypów oraz niskie koszty analiz i łatwość ich wykonania. Ten system markerowy z wybranymi i zweryfikowanymi w trakcie realizacji zadania starterami do reakcji PCR można polecić do bezpośredniego stosowania w hodowli kukurydzy.

Kierownik zadania

Prof. dr hab. Henryk Bujak