

Tytuł zadania nr 34

Określenie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych

Wykonawca

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Ul. C. K. Norwida 25/27, 50-375 Wrocław

Telefon 71 320 50 20; Fax 71 320 54 04; e-mail: rektor@up.wroc.pl

Imię i nazwisko kierownika projektu:

Henryk Bujak, prof. dr hab., Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Plac Grunwaldzki 24a, 50-363 Wrocław

Tel. 71 320 18 29; Fax 71 320 18 28; e-mail: henryk.bujak@up.wroc.pl

Streszczenie zadania

Badania mają na celu znalezienie markerów molekularnych przydatnych do opracowania metody ustania dystansu genetycznego pomiędzy liniami kukurydzy. Wykorzystane zostaną markery RAPD i SSR, które będą wykazywały wysoki stopień polimorfizmu. Na bazie markerów RAPD zostaną wytworzone nowe specyficzne markery SCAR. Uzyskany polimorfizm DNA pozwoli na identyfikację linii pochodzących z różnych pul genetycznych, a przeprowadzona analiza efektów heterozji mieszańców w zależności od dystansu genetycznego linii pozwoli na weryfikację przydatności opracowanych markerów molekularnych do oceny zróżnicowania genetycznego i maksymalnego wykorzystania efektu heterozji. Podział materiałów wyjściowych kukurydzy na grupy heterotyczne na podstawie zidentyfikowanych loci determinujących plon umożliwi także wykazanie relacji, jakie zachodzą pomiędzy podobieństwem molekularnym a pokrewieństwem linii. Zmienności te zostaną ponadto wykorzystane do próby utworzenia modelu opisującego efekt heterozji cech struktury plonu form mieszańcowych. Materiałem badawczym będą linie wsobne wyprowadzone z polskich materiałów genetycznych i mieszańce uzyskane z ich krzyżowań. Poszukiwanie specyficznego produktu reakcji PCR powiązanego głównie z cechami struktury plonu i plonem przebiegać będzie z wykorzystaniem wszystkich typów markerów. Dzięki markerom SSR i SCAR możliwa będzie identyfikacja loci determinujących plon ziarna w odniesieniu do posiadanych materiałów badawczych.

Cel badań

Celem badań jest znalezienie markerów molekularnych, które będą mogły być wykorzystane do opracowania skutecznej metody określania dystansu genetycznego pomiędzy liniami kukurydzy. Wykorzystane zostaną markery RAPD i SSR, które wykazują wysoki stopień polimorfizmu, są wysoce powtarzalne ze względu na budowę starterów, a ich użycie jest stosunkowo niedrogiem. Polimorfizm uzyskany dzięki zastosowaniu metody SSR-PCR pozwoli na rozróżnienie linii pochodzących z różnych pul genetycznych. Analiza efektów heterozji mieszańców w zależności od dystansu genetycznego dzielącego linie biorące udział w krzyżowaniach, pozwoli na weryfikację przydatności opracowanych markerów molekularnych do oceny zróżnicowania genetycznego linii i maksymalnego wykorzystania efektów heterozji u kukurydzy. Dokonany zostanie podział linii kukurydzy na grupy heterotyczne na podstawie zidentyfikowanych loci determinujących plon ziarna i jego podstawowe komponenty. Umożliwi to z kolei wykazanie relacji, jakie zachodzą pomiędzy podobieństwem molekularnym, a pokrewieństwem. Zmienności te ponadto mogą zostać wykorzystane do próby utworzenia modelu opisującego efekt heterozji cech struktury plonu form mieszańcowych.

Planowany okres realizacji zadania: lata 2014-2018.

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej, nie później niż do 15 stycznia następnego roku i wyniki te są dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.