

WYNIKI

z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2017 roku

Badania wewnętrznej struktury genetycznej odmian żyta oraz dziedzicznego podłoża efektu heterozji

Temat badawczy 1

Ocena wewnętrznej struktury genetycznej odmian populacyjnych i mieszańcowych żyta.

Wyniki *(opisać)*

Oceną fenotypową objęto łącznie ponad 2800 kłosów z 900 roślin (po 90 z każdej badanej odmiany). Najefektywniej krzewiącymi się odmianami były trzy mieszańce: Bono F1, Skaltio F1 i Stakatto F1 oraz populacyjne Dańkowskie Granat (tab.1). Wartości współczynnika krzewienia wykazywały bardzo dużą zmienność wewnątrzodmianową (współczynniki zmienności niejednokrotnie przekraczały wartość 50%).

Pod względem wysokości roślin wyróżniała się populacyjna odmiana Bosmo – średnia wysokość ponad 130cm (tab.1). Była to odmiana wyraźnie wyższa od pozostałych badanych odmian. Dość wysokie były też dwie inne populacje: D. Granat i Horyzo. Wszystkie badane odmiany mieszańcowe były stosunkowo niskie (średnie w granicach 111-115cm).

Pod względem długości kłosa wyróżniała się odmiana populacyjna Bosmo – jedyna, której średnia długość kłosa przekraczała 11cm (tab.1). Średnie dla pozostałych odmian populacyjnych i mieszańcowych mieściły się w przedziale 9,9-10,8cm.

Najwyższe wartości przy ocenie liczby kłosek w kłosie odnotowano w odmianach populacyjnych Stanko i Bosmo (powyżej 34 kłosek/kłos), ale zróżnicowanie pomiędzy odmianami nie było duże – żadna z odmian nie miała średnio mniej niż 31 kłosek (tab.1).

Przy ocenie liczby ziaren w kłosie najwyższe wartości, przekraczające średnią 60 ziaren z kłosa zaobserwowano u jednej odmiany mieszańcowej i dwóch populacyjnych: Bono F1, Bosmo i D. Granat (tab.1). Z drugiej strony, średnie poniżej 55 ziaren/kłos pojawiły się również u jednego mieszańca oraz w dwóch populacjach: Konto F1, D. Diament i Horyzo.

Masa ziaren z kłosa charakteryzowała się znaczącą zmiennością w obrębie badanych odmian (tab.1). Wartości współczynników zmienności dla tej cechy były mniejsze niż dla ocen krzewienia, ale wyraźnie wyższe niż dla innych badanych cech fenotypowych. Jednocześnie obserwowane w 2017 roku masy ziaren z kłosa nie wykazywały znaczącego zróżnicowania pomiędzy badanymi odmianami (tab.1). Najmniejszą masę ziaren z kłosa odnotowano u odmiany Konto F1. Wśród odmian charakteryzujących się największą masą ziaren zbieranych z kłosa była jedna odmiana populacyjna – Bosmo i mieszaniec Bono F1.

Współczynniki korelacji między krzewieniem ogólnym i produkcyjnym, a innymi badanymi cechami były w zasadzie nieistotne (tab.2). Oczywiście związek korelacyjny między liczbą ogólną wytworzonych kłosów, a liczbą kłosów produkcyjnych był bardzo silny. Wysokość roślin była skorelowana z parametrami morfologicznymi i produkcyjnymi kłosa w stopniu istotnym statystycznie, ale z praktycznego punktu widzenia związek ten nie był nierozzerwalny (wartości wsp. korelacji ok. 0,5). Cechy morfologiczne kłosa (długość i liczba kłosek w kłosie) wykazywały bardzo silny związek z produktywnością (liczba ziaren w kłosie i masa ziarna z kłosa) – wartości współczynników korelacji od 0,73 do 0,87 (tab.2).

Analizy DArTseq roślin odmiany Konto F1 dostarczyły informacji o 65532 markerach Silico-DArT użytych do oceny zróżnicowania genetycznego. Oszacowane wartości podobieństwa genetycznego pomiędzy badanymi roślinami mieściły się w granicach 0,8-0,99. Dendrogram ilustrujący zróżnicowanie genetyczne wewnątrz odmiany Konto F1 nie pozwolił na zidentyfikowanie wyraźnych grup skupień (ryc.1).

Dla dwóch badanych odmian populacyjnych: Dańkowskie Diament i Bosmo uzyskano tyle samo markerów DArTseq co dla odmiany Konto F1 (65532 markery). Zakres podobieństwa genetycznego roślin należących do odmiany Dańkowskie Diament mieścił się w szerokim zakresie od 0,67 do 0,92 (ryc.2). Na dendrogramie można zauważyć odrębność trzech drobnych, liczących 2-3 rośliny grup skupień dla których gałęzie odchodzą przy poziomie podobieństwa genetycznego równym 0,675, 0,700 i 0,730. Pozostałe genotypy należące do odmiany Dańkowskie Diament nie tworzą wyraźnych grup skupień. W odmianie Bosmo zakres współczynników podobieństwa był nieco węższy niż w Dańkowskim Diamencie – wartości

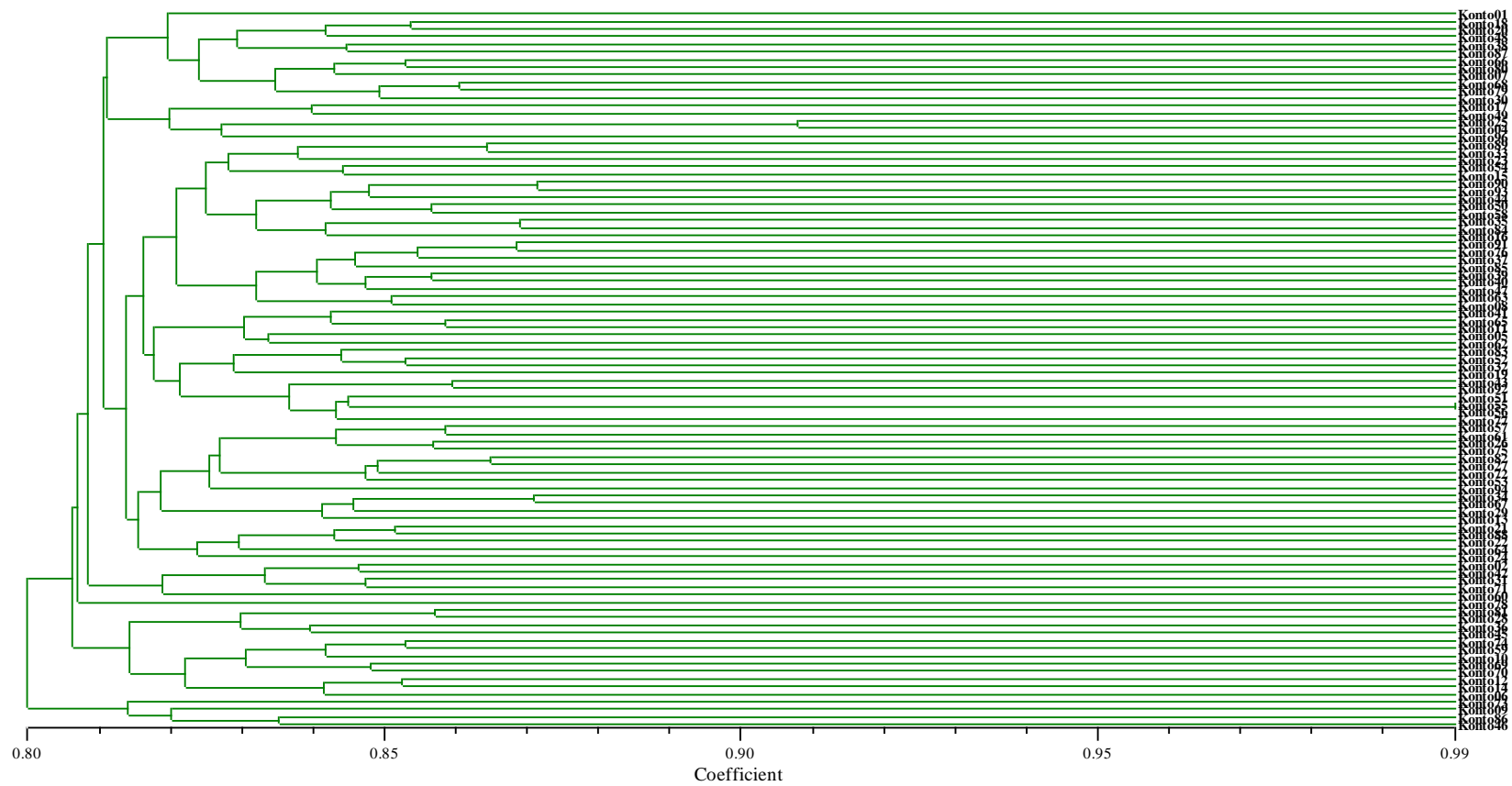
mieściły się w granicach od 0,73 do 0,86 (ryc.3). Nie widać tu na dendrogramie wyraźnie zaznaczonych grup skupień. Obie odmiany populacyjne charakteryzowały się większym poziomem zmienności genetycznej w porównaniu do odmiany Konto F1.

Tabela 1 Wartości średnich, odchylenia standardowego (S) i współczynników zmienności (W) dla badanych cech fenotypowych dziesięciu odmian żyta (Szczecin 2017)

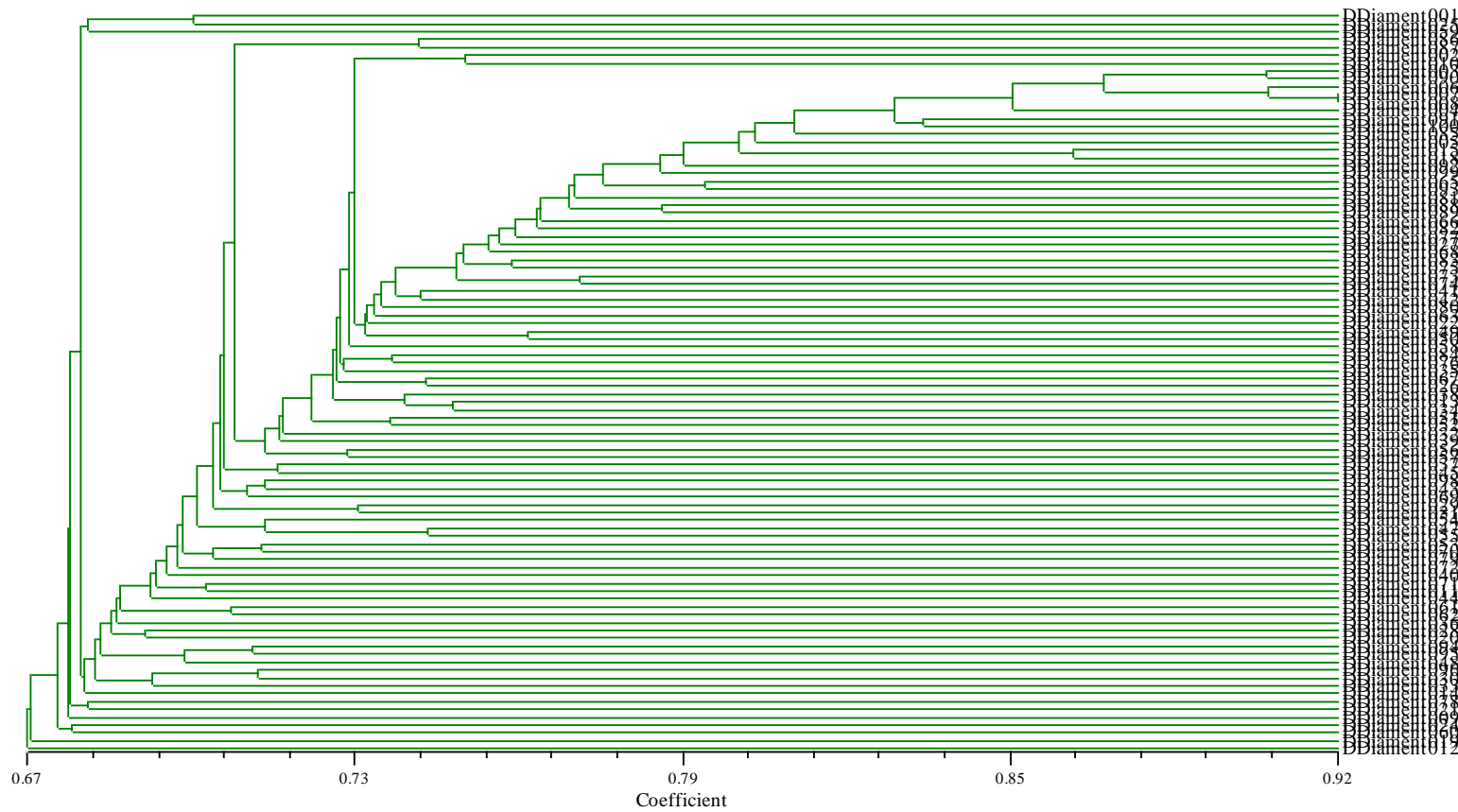
Odmiana	Parametr	Krzewienie produkcyjne	Krzewienie ogólne	Wysokość [cm]	Długość kłosa [cm]	Liczba kłosek w kłosie	liczba ziaren w kłosie	masa ziaren z kłosa [g]
Armand	Średnia	2.50	3.74	116.62	10.42	32.34	56.56	2.56
	Odchylenie stand.	1.72	2.94	15.22	1.77	4.34	9.79	0.60
	W	68.85	78.51	13.05	17.00	13.42	17.30	23.47
Bono F1	Średnia	5.13	7.09	115.31	10.36	33.05	61.05	2.97
	Odchylenie stand.	2.46	3.77	12.45	1.00	2.59	5.50	0.42
	W	47.99	53.17	10.79	9.61	7.85	9.01	14.11
Bosmo	Średnia	2.58	3.82	131.53	11.48	34.68	61.70	2.96
	Odchylenie stand.	1.28	2.15	19.87	1.67	4.22	10.98	0.82
	W	49.62	56.16	15.11	14.58	12.17	17.80	27.80
D. Diament	Średnia	2.31	3.54	120.94	10.45	31.97	54.45	2.59
	Odchylenie stand.	1.32	2.44	20.07	1.97	5.11	12.17	0.72
	W	56.96	69.01	16.59	18.86	15.99	22.36	27.71
D. Granat	Średnia	4.38	5.72	125.46	9.92	33.32	60.92	2.84
	Odchylenie stand.	1.99	3.01	13.55	1.65	4.82	12.30	0.70
	W	45.57	52.55	10.80	16.68	14.47	20.19	24.66
Horyzo	Średnia	2.23	2.90	123.48	9.96	31.33	53.72	2.72
	Odchylenie stand.	1.20	1.81	18.56	2.56	7.28	15.10	0.93
	W	53.91	62.31	15.03	25.71	23.23	28.10	34.23
Konto F1	Średnia	2.54	4.21	114.17	9.93	31.46	51.15	2.23
	Odchylenie stand.	1.84	2.48	17.15	1.70	5.38	12.72	0.66
	W	72.19	58.86	15.02	17.13	17.11	24.86	29.35
Skaltio F1	Średnia	3.62	5.00	113.03	9.93	31.48	56.88	2.86
	Odchylenie stand.	1.92	2.96	16.55	1.38	2.82	5.47	0.52
	W	52.96	59.27	14.65	13.87	8.95	9.61	18.26
Stakatto F1	Średnia	4.60	5.88	111.63	10.09	32.17	59.52	2.78
	Odchylenie stand.	1.89	2.54	11.20	1.66	5.14	12.43	0.77
	W	41.09	43.12	10.04	16.42	15.97	20.88	27.82
Stanko	Średnia	2.59	3.90	118.43	10.76	34.76	58.99	2.75
	Odchylenie stand.	1.52	2.64	17.37	1.38	3.23	9.93	0.50
	W	58.70	67.84	14.67	12.78	9.29	16.84	18.24

Tabela 2 Wartości współczynników korelacji pomiędzy badanymi cechami fenotypowymi

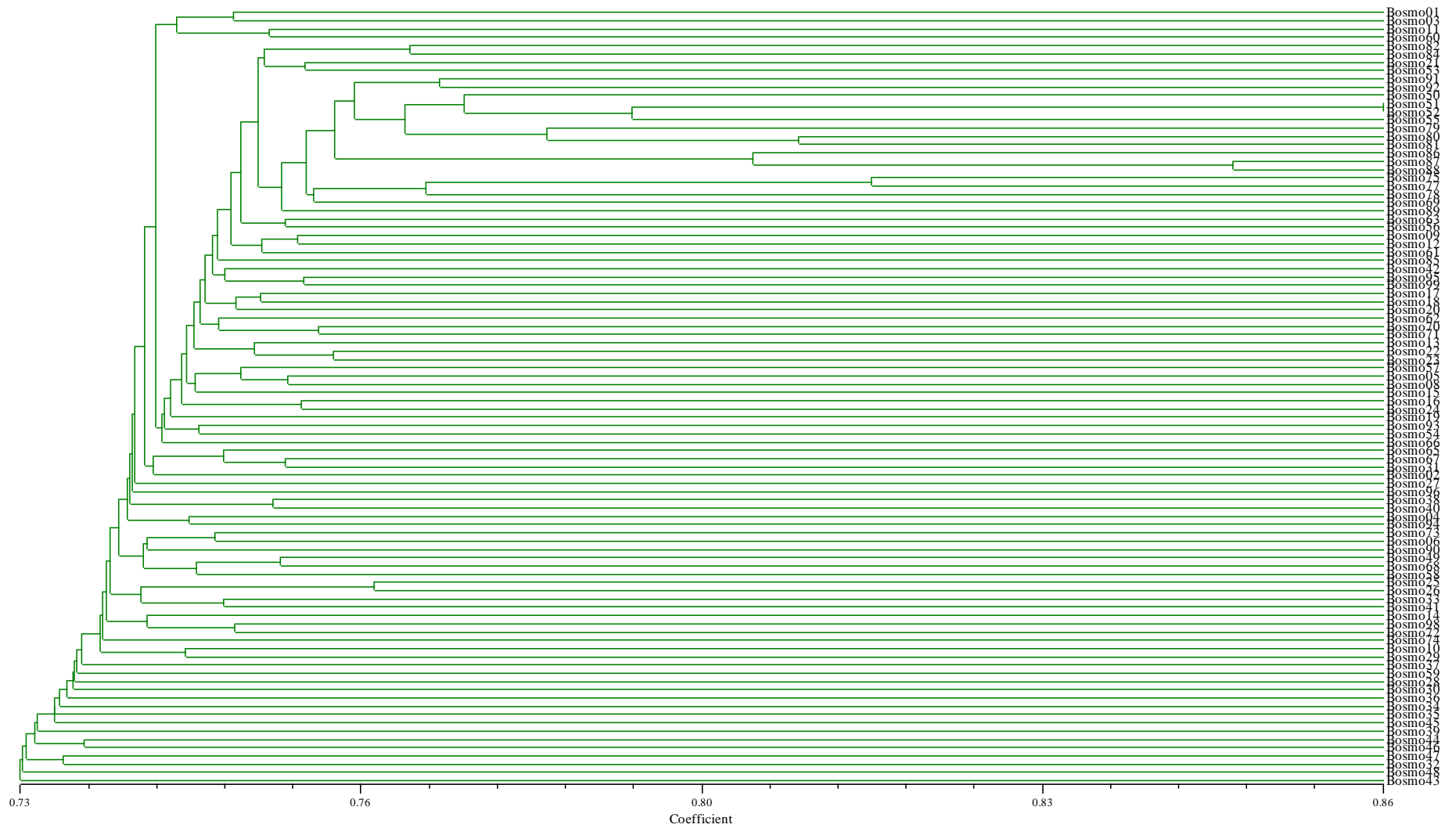
Krzewienie ogólne	0.83					
Wysokość	0.29	0.24				
Długość kłosa [cm]	0.33	0.30	0.54			
Liczba kłosek w kłosie	0.35	0.30	0.58	0.87		
liczba ziaren w kłosie	0.34	0.29	0.51	0.74	0.86	
masa ziaren z kłosa [g]	0.39	0.35	0.55	0.73	0.77	0.87
	Krzewienie produkcyjne	Krzewienie ogólne	Wysokość	Długość kłosa [cm]	Liczba kłosek w kłosie	liczba ziaren w kłosie



Ryc.1 Dendrogram podobieństwa genetycznego roślin z odmiany Konto F1 skonstruowany metodą UPGMA



Ryc.2 Dendrogram podobieństwa genetycznego roślin z odmiany Dańkowskie Diament skonstruowany metodą UPGMA



Ryc.3 Dendrogram podobieństwa genetycznego roślin z odmiany Bosmo skonstruowany metodą UPGMA

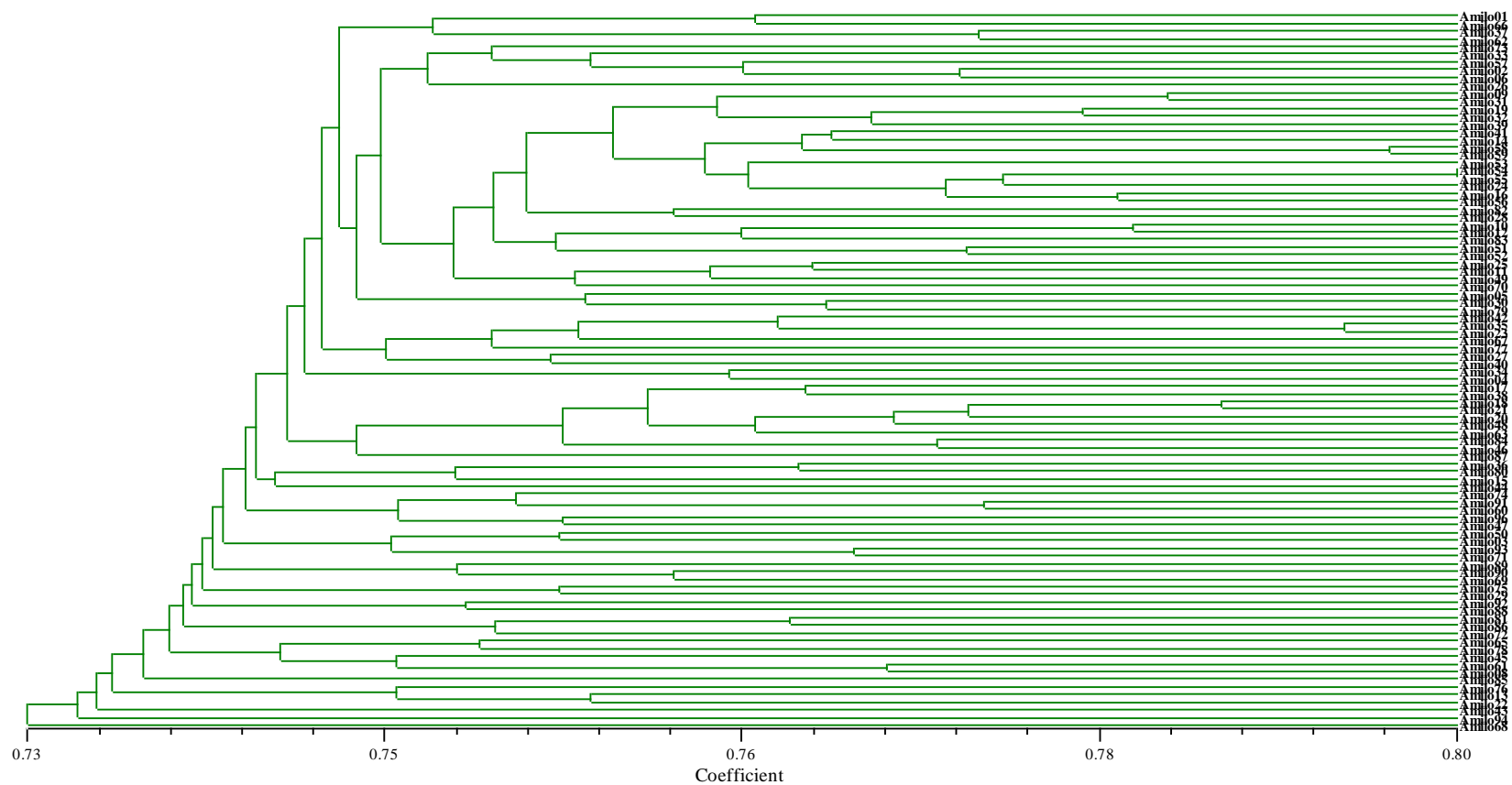
Temat badawczy 2

Ocena przydatności odmian populacyjnych do zasilania heterotycznych pul genetycznych dla przyszłych komponentów matecznych i ojcowskich.

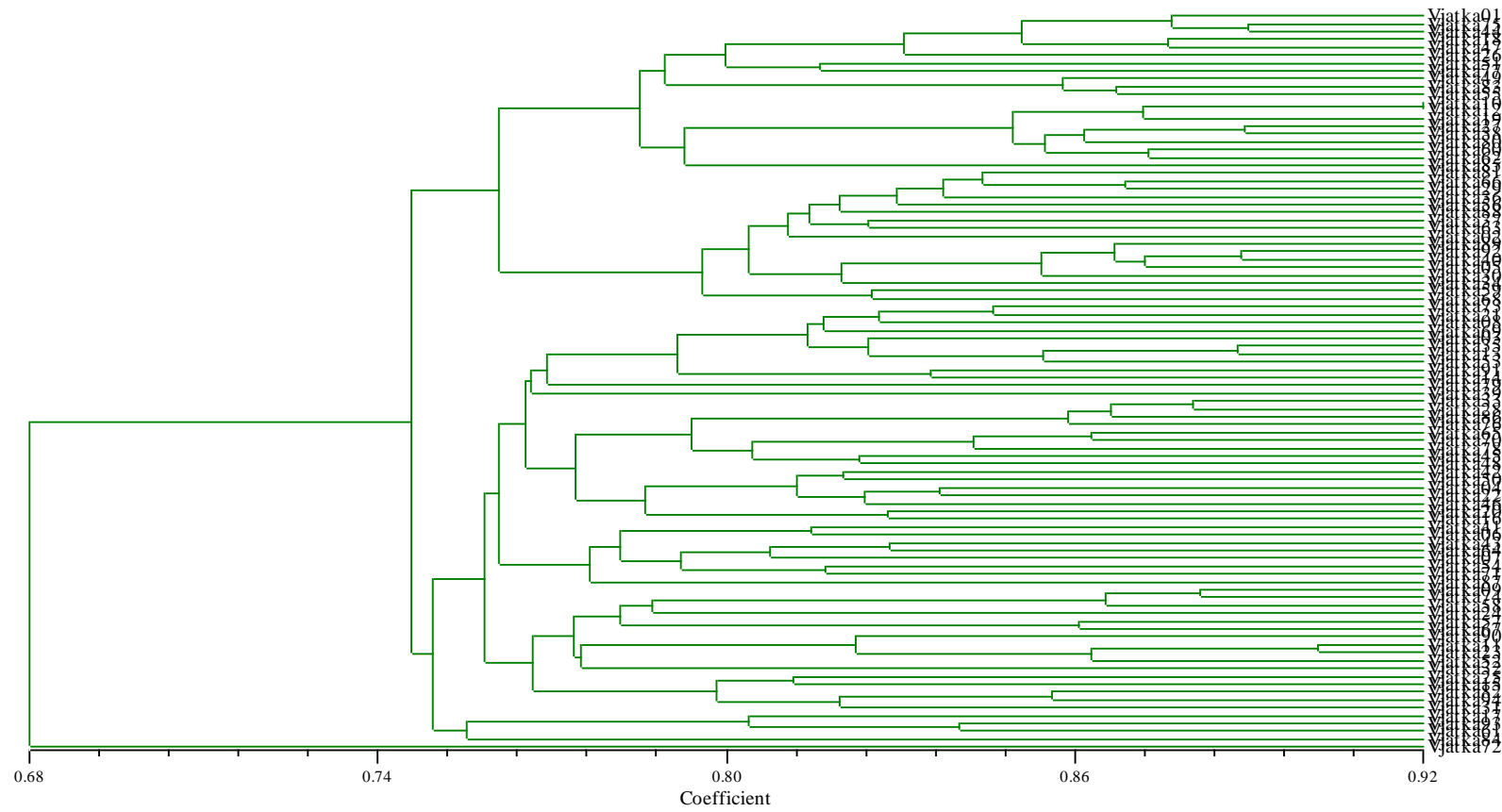
Wyniki *(opisać)*

Analiza DArTseq wykonana w obrębie odmiany Amilo dostarczyła danych o 65533 markerach Silico-DArT oraz 49090 markerów SNP. Analiza zróżnicowania genetycznego w obrębie badanej odmiany wykazała wyższy poziom zróżnicowania genetycznego niż w odmianie Konto F1, ale zbliżony do odmian Dańkowskie Diament oraz Bosmo (por. opis do zadania 1). Wartości współczynników podobieństwa genetycznego pomiędzy pojedynczymi roślinami mieściły się w granicach od 0,73 do 0,80. Utworzony dendrogram ilustrujący relacje podobieństwa pomiędzy analizowanymi pojedynkami wskazuje na istnienie wielu drobnych grup skupień bez możliwości wyróżnienia grupy dominującej (ryc.4).

Podobny zestaw markerów DArTseq dla odmiany Vjatka pozwolił na skonstruowanie dendrogramu (ryc.5), w którym gałąź na poziomie 0,745 dzieli populację na dwie stosunkowo liczne grupy skupień obejmujące prawie wszystkie genotypy z wyjątkiem jednej rośliny. Ta roślina (Vjatka 92) wyraźnie różniła się od pozostałych co spowodowało, że zakres współczynników podobieństwa genetycznego wewnątrz odmiany miał minimalną wartość 0,68. Rośliny najbardziej podobne genetycznie w odmianie Vjatka miały współczynnik podobieństwa równy 0,92 (ryc.5)



Ryc.4 Dendrogram podobieństwa genetycznego roślin z odmiany Amilo, skonstruowany metodą UPGMA



Ryc.5 Dendrogram podobieństwa genetycznego roślin z odmiany Vjatka, skonstruowany metodą UPGMA

Temat badawczy 3

Ocena plonowania populacji syntetycznych o zróżnicowanej strukturze genetycznej.

Wyniki (opisać)

Ilości nasion zebranych z poszczególnych szkółek były bardzo zróżnicowane (tab.4). Ponad 3,5kg ziarna uzyskano ze szkółki z populacją SYN1. Duże ilości nasion otrzymano również ze szkółek z syntetykami zawierającymi 3 i 4 komponenty rodzicielskie. Bardzo słabe zawiązanie ziaren odnotowano w populacji SYN3.

Tabela 4 Kombinacje linii wsobnych wybrane do wytworzenia populacji syntetycznych.

Nazwa	Kombinacja krzyżowania	Masa zebranych ziaren
SYN1	WM 34R x NS 55N/09	3,6 kg
SYN2	WM 34R x S 210N/05	1,8 kg
SYN3	WM 34R x SR 13	0,8 kg
SYN4	NS 55N/09 x S 210N/05	2,2 kg
SYN5	WM 34R x NS 55N/09 x S 210N/05	2,7 kg
SYN6	WM 34R x NS 55N/09 x S 210N/05 x SR 13	2,9 kg

Przy planowaniu doświadczenia polowego limitującą wartością była ilość nasion populacji SYN3. Jesienią 2017 wysiano uzyskane ze szkółek nasiona w dwóch lokalizacjach w doświadczeniu polowym scharakteryzowanym w metodyce do zadania.

Temat badawczy 4

Wytworzenie i ocena zestawu linii introgresyjnych.

Wyniki (opisać)

U badanych linii zauważalne jest występowanie depresji wsobnej. Pojawiła się ona już w trakcie otrzymywania kolejnych pokoleń krzyżowań wstecznych, a zapoczątkowany w poprzednim sezonie wegetacyjnym chów wsobny pogłębił ten trend. Żywotność roślin i ilość zbieranych ziaren z kłosów jest wyraźnie mniejsza niż we wcześniejszych pokoleniach. Stąd, pomimo wysiewania 10 ziaren, u niektórych linii roślin nadających się do pobrania liści było mniej niż 5. Z niektórych linii (w poprzednim sezonie wegetacyjnym w badaniach uczestniczyło ok. 200 linii) nie uzyskano nasion. W roku 2017 wstępnymi analizami genetycznymi objęto 90 linii o względnie dobrej żywotności.

Do badań użyto 50 markerów otrzymywanych przy zastosowaniu metody PCR: 42 markery SCAR/STS (tab.5) oraz 8 markerów COS (tab.6). Ponad połowa markerów SCAR i STS nie wykrywała polimorfizmu w badanym zestawie linii (tab.5). Markery ujawniające polimorfizm wykazywały, z jednym wyjątkiem, dominujący charakter dziedziczenia, tj. różnice pomiędzy genotypami ujawniane były w postaci obecności lub braku produktu amplifikacji. Jedynym wyjątkiem był marker Xscsz670L900 generujący produkty amplifikacji różniące się o ok. 30 nt w zależności od pochodzenia fragmentu DNA od linii rodzicielskiej 541 lub WM18R. Polimorficzne markery typu SCAR i STS pochodziły z chromosomów: 2R, 3R, 4R i 6R, a dwa markery nie mają określonej lokalizacji chromosomowej (tab.5).

Markery COS też w większości nie ujawniały polimorfizmu po amplifikacji metodą PCR – tylko 3 markery z ośmiu badanych ujawniły różnice genetyczne między badanymi liniami (tab.6). W przypadku monomorficznych markerów COS, dzięki dokładnej znajomości ich konserwatywnych sekwencji DNA istnieje możliwość wykrywania różnic mutacyjnych wewnątrz amplifikowanego produktu poprzez zastosowanie dedykowanego zestawu enzymów restrykcyjnych. Dzięki temu, w przypadku niektórych markerów COS, które amplifikowały fragmenty DNA o identycznej wielkości, otrzymano zróżnicowane produkty restrykcyjne (tab. 6).

Tabela 5 Markery SCAR i STS użyte do oceny polimorfizmu wśród tworzonych linii introgressyjnych

Lp.	Marker	Wielkość produktu PCR	Wynik oceny polimorfizmu (lokalizacja chromosomowa)
1	Xscsz1000L700A	781	brak polimorfizmu
2	Xscsz1000L700B	723	brak polimorfizmu
3	Xscsz1059L260A	228	brak polimorfizmu
4	Xscsz1059L260D	250	brak polimorfizmu
5	Xscsz1059L630	562	brak polimorfizmu
6	Xscsz1067L900	886	brak polimorfizmu
7	Xscsz1139L850	853	polimorfizm 4R
8	Xscsz1140L480B	443	polimorfizm
9	Xscsz1173L670	638	brak polimorfizmu
10	Xscsz1182L1300	1300	polimorfizm 6R
11	Xscsz1185L800B	774	brak polimorfizmu
12	Xscsz1185L800C	766	polimorfizm 5R
13	Xscsz1187L530F	518	brak polimorfizmu
14	Xscsz1193L450	456	brak polimorfizmu
15	Xscsz1194L750	749	polimorfizm 6R
16	Xscsz1196L600	594	polimorfizm 4R
17	Xscsz1207L750	748	brak polimorfizmu
18	Xscsz1218L650	650	brak polimorfizmu
19	Xscsz124L650	651	brak polimorfizmu
20	Xscsz1251L820	823	brak polimorfizmu
21	Xscsz1255L680	624	brak polimorfizmu
22	Xscsz131L400	407	polimorfizm 2R
23	Xscsz139L720	725	polimorfizm 6R
24	Xscsz23L500	506	polimorfizm 4R
25	Xscsz2L450	449	polimorfizm 4R
26	Xscsz319L550	555	brak polimorfizmu
27	Xscsz334L700	737	polimorfizm 4R
28	Xscsz360L390A	378	polimorfizm
29	Xscsz360L390B	402	brak polimorfizmu
30	Xscsz369L1050	1050	polimorfizm
31	Xscsz429L950	970	brak polimorfizmu
32	Xscsz530L350	337	brak polimorfizmu
33	Xscsz605L430	417	brak polimorfizmu
34	Xscsz605L870	858	brak polimorfizmu
35	Xscsz670L900	901/932	polimorfizm - kodominacja 4R
36	Xscsz677L800	817	polimorfizm 3R
37	Xscsz728L950	959	brak polimorfizmu
38	Xscsz743L750	758	brak polimorfizmu
39	Xscsz777L600	600	polimorfizm 6R
40	Xscsz794L800	784	brak polimorfizmu
41	Xscsz877L950	1009	brak polimorfizmu
42	Xscsz980L650B	661	polimorfizm 6R

Tabela 6 Zestawienie markerów COS użytych do oceny polimorfizmu w obrębie linii introgressyjnych

Lp.	Marker	Wielkość produktu		Wynik oceny polimorfizmu	Enzym restr.	Wielkość produktów po restrykcji	
		541	WM18R			541	WM18R
1	TCX63404	680	680	brak polimorfizmu	H + E	420, 250	400, 260
2	tcosX93	680	700	polimorfizm 4R			
3	TCX81179	400	400	brak polimorfizmu	Taq	400	300 (drugi produkt niewidoczny)
4	cX7559	1950	1950	brak polimorfizmu	Taq	750, 600	750, 600
5	cX765_2	2000	2000	brak polimorfizmu	H + H	700, 500, 250 i inne	750, 450, 250 i inne
6	AKX52386	1100	800	polimorfizm 4R			
7	AKX72685	1500	1500	brak polimorfizmu	Taq	1500	750, 440, 250
8	cX10579	200	200	brak polimorfizmu	brak		

Zgodnie z oczekiwaniami, analizy wykonane przy pomocy markerów molekularnych ujawniały przewagę obecności tych wariantów allelicznych, które były obecne u formy rodzicielskiej używanej do krzyżowań wstecznych.

Opublikowane streszczenia:

Stojałowski S., Orłowska M., Sobczyk M., Skurko E., 2017. Ocena wybranych cech morfologicznych u roślin pochodzących z odmian mieszańcowych i populacyjnych żyta. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych” – Streszczenia, Zakopane, 30 stycznia - 3 lutego 2017, ISBN 83-891172-87-9: 294

Marta Orłowska, Stefan Stojałowski PRELIMINARY DATA ON GENETIC DIVERSITY WITHIN CHOSEN COMMERCIAL RYE CULTIVARS, „Biologia, Chemia i Środowisko – spojrzenie młodych naukowców”, Kraków 9 grudnia 2017 – Streszczenia wystąpień, s. 69

Ocena wybranych cech morfologicznych u roślin pochodzących z odmian mieszańcowych i populacyjnych żyta

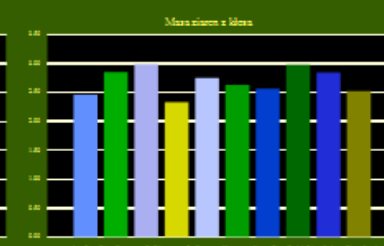
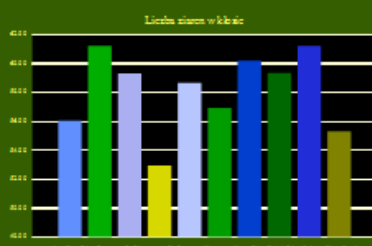
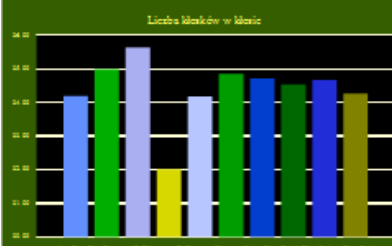
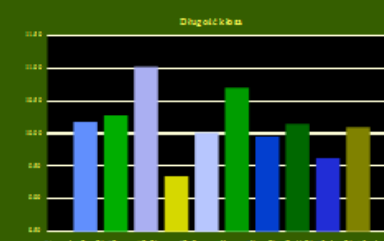
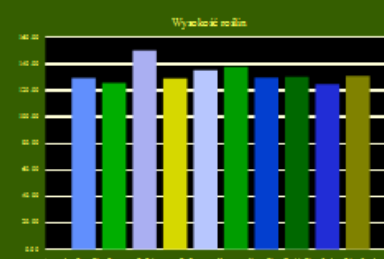
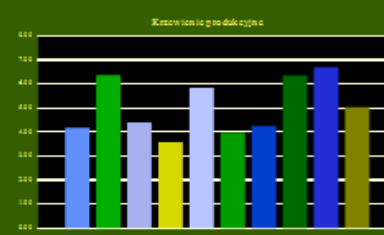
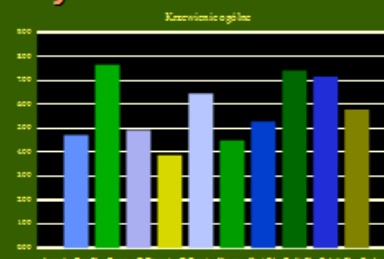
Stefan Stojalowski, Marta Orłowska, Martyna Sobczyk, Ewa Skurko
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Pierwsze odmiany mieszańcowe żyta zostały zarejestrowane w Niemczech w połowie lat 80-tych XX wieku. Ich wyhodowanie stało się możliwe dzięki odkryciu cytoplazmy sterylizującej typu Pampa (Geiger i Schnell 1970). Postęp hodowlany uzyskiwany w obrębie odmian mieszańcowych jest znacząco większy od tego co udaje się osiągnąć w hodowli tradycyjnych odmian populacyjnych (Geiger 2007). Aktualnie zarejestrowane odmiany mieszańcowe żyta plonują co najmniej o kilkanaście procent lepiej niż odmiany populacyjne (Lista Opisowa Odmian COBORU 2015).

Celem badań była ocena fenotypowa pojedynczych roślin wchodzących w skład wybranych odmian mieszańcowych i populacyjnych.

W opisywanych badaniach wykonano obserwacje i pomiary tysiąca pojedynków pochodzących z 10 odmian uprawnych żyta, wśród których były 4 odmiany mieszańcowe (Bono F1, Konto F1, Skaltio F1, Stakatto F1) i sześć populacyjnych (Armand, Bosmo, D. Diament, D. Granat, Horyzo, Stanko). Ocena fenotypowa obejmowała następujące cechy użytkowe: krzewienie ogólne, krzewienie produkcyjne, wysokość roślin, długość kłosa, liczba kłosek w kłosie, liczba ziaren w kłosie, masa ziaren z kłosa. Wartości współczynnika krzewienia wykazywały bardzo dużą zmienność wewnątrz-odmianową (współczynniki zmienności niejednokrotnie przekraczały wartość 40%). Wysoki poziom przypadkowej zmienności obserwowano też przy ocenie masy ziaren z kłosa.

Pod względem wysokości roślin wyróżniała się populacyjna odmiana Bosmo, która była wyraźnie wyższa od pozostałych badanych obiektów. Wszystkie badane odmiany mieszańcowe były stosunkowo niskie, w szczególności dotyczyło to dwóch niemieckich odmian: Bono F1 i Stakatto F1. Pod względem długości kłosa wyróżniały się dwie odmiany populacyjne – Bosmo i Horyzo. Najkrótsze kłosa zaobserwowano w odmianie Dańkowskie Diament. Pozostałe odmiany populacyjne i wszystkie odmiany mieszańcowe charakteryzowały się przeciętnymi wartościami tej cechy. Najwyższe wartości przy ocenie liczby kłosek w kłosie odnotowano w odmianie Bosmo, ale druga pod tym względem była odmiana mieszańcowa Bono F1, której kłosa nie należały do najdłuższych. Zgodnie z oczekiwaniami – najmniejsze wartości pod względem liczby kłosek w kłosie odnotowano w odmianie Dańkowskie Diament, której kłosa były stosunkowo krótkie. Ocena liczby ziaren w kłosie wskazywała na przewagę odmian mieszańcowych – wszystkie cztery badane odmiany miały najwyższe wartości tej cechy. Najmniejsze ilości ziaren z kłosek uzyskano z odmian populacyjnych Dańkowskie Diament i Stanko.



Literatura:

1. Geiger H.H., Schnell F.W., 1970. Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). *Crop Sci.* 10: 590-593.
2. Geiger H.H., 2007. Strategies of hybrid rye breeding. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 71: 1-5.
3. Lista Opisowa Odmian 2015. *Rośliny Rolnicze. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka*

Temat realizowany w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej (zadanie nr 87) dotowanego przez MRiRW

Poster: Stojalowski S., Orłowska M., Sobczyk M., Skurko E., 2017. Ocena wybranych cech morfologicznych u roślin pochodzących z odmian mieszańcowych i populacyjnych żyta. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla Hodowli i Nasiennictwa Roślin Uprawnych”, Zakopane, 30 stycznia - 3 lutego 2017