

Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej, Zadanie 26, 2024 rok

**Tytuł zadania: Badania nad zwiększeniem zdolności do plonowania odmian rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) poprzez wykorzystanie źródeł odporności na stresy biotyczne i abiotyczne oraz poszerzenie zmienności genetycznej**

Kierownik zadania: do 30.09.2024r.: dr hab. Katarzyna Mikołajczyk; od 1.10.2024r.: dr Marcin Matuszczak

**S T R E S Z C Z E N I E**

**Celem projektu jest:** 1) Wprowadzanie wybranych cech odpornościowych do rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) na drodze resyntezy, 2) Opracowanie metody pozwalającej na ocenę odporności genotypów na osypywanie w warunkach kontrolowanych, 3) Identyfikacja markerów DNA specyficznych dla różnych źródeł odporności na infekcję kiłą kapusty powodowaną przez pasożytniczego pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* Wor., 4) Opracowanie markerów funkcjonalnych dla cech istotnych w hodowli nowych odmian rzepaku ozimego.

W 2024 roku wykonano następujące prace:

**Temat badawczy 1:** Diploidalne formy rodzicielskie użyte do resyntezy rzepaku *de novo* stwarzają możliwości zwiększenia zróżnicowania genetycznego oraz stanowią źródło poszukiwania odporności na choroby i stres abiotyczny. Wykonano krzyżowanie dla 24 kombinacji krzyżówkowych i dla 7 genotypów: między *B. rapa*, *B. oleracea* i mieszańcami międzygatunkowymi z odpornością na choroby (18) oraz między *B. rapa*, *B. oleracea* i rzepakiem Valerian F1 (6). Uzyskano 25 mieszańców: *B. rapa* (ECD 4) × *B. oleracea* (Boma) (9) i *B. rapa* (Siloga) × rzepak Valerian F1 (16). Potwierdzono mieszańcowość uzyskanych form za pomocą cytometrii przepływowej. Podjęto kolejną próbę sprowadzenia odmian *B. rapa* i *B. oleracea* charakteryzujących się odpornością na choroby i stres abiotyczny, ale nie udało się uzyskać nasion.

**Temat badawczy 2:** Badano odporność rzepaku ozimego na pęknięcie łuszczyń za pomocą dwóch metod. Stosując metodę polegającą na ocenie siły potrzebnej do pęknięcia łuszczyzny przebadano 96 genotypów oraz 4 odmiany wzorcowe. Wykonano 6000 testów. W spółce HR Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR wykonywano dla tych samych genotypów analizy przy użyciu metody polegającej na ocenie czasu potrzebnego do pęknięcia łuszczyzny. Poddany ocenie materiał roślinny charakteryzował się wysoką odpornością na pęknięcie łuszczyń. Większą odpornością odznaczały się odmiany mieszańcowe – LG Arnold, DK Excited, niż odmiany populacyjne – Kuba i Derrick. Dokonano porównania dwóch stosowanych metod oceny odporności na pęknięcie łuszczyń. Wykazano wysoce istotny ale niski - 0,27 ( $\alpha=0,01$ ) związek korelacyjny pomiędzy wynikami uzyskanymi różnymi metodami. Wskazuje to na potrzebę kontynuowania badań nad optymalizacją metody oceny wytrzymałości łuszczyń na pęknięcie.

**Temat badawczy 3:** Analizowano specyficzność markera SCAR ‘Tosca’ dla odporności na kiłę kapusty. Badano 150 rekombinantów po krzyżowaniu form podatnych i odpornych typu Tosca (HR Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, O/Borowo). Wśród badanych linii znaleziono 54 linie z markerem 577 pz, specyficznym dla form odpornych. W celu potwierdzenia skuteczności markera SCAR ‘Tosca’ do identyfikacji genotypów odpornych na infekcję kiłą kapustnych należałoby przeanalizować te genotypy z zastosowaniem testów fitopatologicznych. Fenotypowano także populację mapującą złożoną ze 100 linii DH (HR Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, O/Małyszyn) ze skrzyżowania odmiany odpornej LG Anarion (ID=0%) i linii podatnej 353D (ID=42,6%). Odporność LG Anarion jest inna niż typu Tosca. W badanej populacji zakres wartości indeksu porażenia (ID) wyniósł od 0 do 93,8%. Należałoby przeprowadzić genotypowanie 100 linii DH populacji w celu badania determinacji genetycznej odporności na infekcję kiłą kapusty innego typu niż ‘Tosca’.

**Temat badawczy 4:** Wykonano mapowanie asocjacyjne (GWAS) dla kolekcji złożonej z 350 genotypów rzepaku ozimego otrzymanej z HR Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR. Wykorzystano dane fenotypowe uzyskane metodą NIRS po zbiorze w 2023r. (zawartość glukozyzolanów, tłuszczu, białka, i włókna – ADF+NDF) oraz dane genotypowe (markery SNP) uzyskane za pomocą mikromacierzy *Brassica* 19K Illumina. Analiza GWAS pozwoliła na zidentyfikowanie 120 unikalnych markerów, które były istotnie powiązane z analizowanymi cechami w przynajmniej jednym modelu. Dla cechy sumy zawartości glukozyzolanów w nasionach, wykorzystując model BLINK, zidentyfikowano 4 markery wykazujące istotną asocjację z tą cechą dla badanej kolekcji (Bn-A03-p14473296: chr. A03, poz. 14979384; Bn-A03-p23609934: chr. A03, poz. 24170605; Bn-scaff\_26877\_1-p5835: chr. A05, poz. 450831; Bn-A01-p26767819: chr. A09, poz.1361662). Wskazane jest wykonywanie filtracji danych oraz wykonanie dla tych samych linii z kolekcji kolejnych analiz z wykorzystaniem danych fenotypowych z wielu sezonów wegetacyjnych.