L.p. w zał. do rozporządzenia MRiRW: **26**

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: dr hab. Alina Liersch

**Temat badawczy 1**: Wytworzenie genotypów rzepaku ozimego odpornych na wirusa żółtaczki rzepy (TuYV).

Materiał roślinny do krzyżowań stanowiły trzy odmiany z odpornością na TuYV: Amalie, Aspire, Kepler i pięć linii wsobnych rzepaku ozimego. Nasiona otrzymane w wyniku krzyżowań poddano analizie chemicznej co stanowiło podstawę wyboru linii rekombinacyjnej do dalszych badań (mieszaniec F1 – PB3).

Z dwóch wcześniej wytypowanych mieszańców wyprowadzono rośliny dawców, a następnie wykonano trzy serie izolacji mikrospor. Zaobserwowano wysoką zdolność do embriogenezy u obu dawców mikrospor PB1 i PB2. Wstępny pomiar zawartości jądrowego DNA metodą cytometrii przepływowej wskazuje na zadowalający poziom diploidyzacji u badanych androgenicznych roślin.

**Temat badawczy 2**: Badanie genotypów rzepaku ozimego pod względem odporności łuszczyn na pękanie.

Jednoczynnikowe doświadczenie w 2 powtórzeniach przeprowadzono w Poznaniu na polu doświadczalnym IHAR-PIB. Materiałem badawczym była populacja 150 genotypów rzepaku ozimego o różnym pochodzeniu (mieszańce międzygatunkowe, genotypy podwójnie ulepszone) i zróżnicowanym składzie chemicznym nasion (HO, HOLL, HO&LGLS, CANOLA). Analizowane genotypy charakteryzowały się znaczącym zróżnicowaniem odporności na osypywanie. 8 genotypów odznaczało się mniejszą liczbą osypanych nasion na jednostce powierzchni od odmiany Gemini, która wśród odmian o deklarowanej odporności na osypywanie charakteryzowała się największą odpornością. Przeprowadzone doświadczenie wykazało również, że odporność na osypywanie nie była związana z typem hodowlanym, do którego należał genotyp, ani z tempem rozwoju genotypu. Wykazano także możliwość oceny podatności genotypów na osypywanie przy wykorzystaniu pomiarów spektralnych. Korelacja ilości osypanych nasion z wynikami pomiarów była zależna od terminu ich przeprowadzenia. Najwyższą korelację uzyskano, gdy pomiary przeprowadzono w fazie dojrzewania - BBCH 81.

**Temat badawczy 3**: Badanie determinacji genetycznej odporności rzepaku na kiłę kapusty i porażenie przez różne patotypy *Plasmodiophora brassicae* Wor.

Materiał roślinny stanowiła populacja 180 genotypów typu HO, LL, HOLL i CANOLA&LGLS o zróżnicowanych cechach jakościowych otrzymane w wyniku krzyżowania linii hodowlanych ze źródłem odporności na infekcję powodowaną przez *Plasmodiophora brassicae* Wor. Materiał roślinny fenotypowano na poletkach doświadczalnych, a po zbiorze nasiona poddano szczegółowej ocenie na zawartość białka, tłuszczu, kwasów tłuszczowych i glukozynolanów. Po 7 tygodniach od siewu, w teście szklarniowym przeprowadzono ocenę reakcji fenotypowej każdego obiektu określając stopień porażenia korzeni roślin wg. 4-stopniowej skali, a następnie obliczając indeks porażenia (ID). W wyniku analizy wytypowano pulę 75 linii typu HO, LL, HOLL i CANOLA&LGLS o większej odporności na porażenie przez *Plasmodiophora brassicae*.

**Temat badawczy 4**: Badanie genotypów z wykorzystaniem markerów DNA

Badano zróżnicowanie genetyczne z zastosowaniem markerów mikrosatelitarnych, SSR, w trzech populacjach genotypów, jednej populacji wytworzonej w Oddziale IHAR - PIB w Poznaniu oraz dwóch - HR Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR. Określono dystans genetyczny w obrębie badanych populacji i przedstawiono graficznie w formie dendrogramów kołowych. Zdefiniowanie struktury populacji ułatwi dobór komponentów rodzicielskich do dalszych krzyżowań w hodowli twórczej rzepaku.

Analizowano 110 genotypów rekombinantów rzepaku wytworzonych w wyniku krzyżowania z odporną na infekcję kiłą kapusty odmianą Tosca, badanych w Tematach 2. i 3., przy użyciu allelo-specyficznego markera SCAR opracowanego w wyniku realizacji projektu NCN Harmonia 2016/22/M/NZ9/00604 (2017-2020) (Kopeć et al., 2021). Genotypy te poddano także testom odpornościowym. Określono potencjalnie różnicujące produkty amplifikacji PCR, zasocjowane z odpornością na infekcję kiłą kapusty. Wykazano, że obecność produktu o długości 577 pz stanowi najlepszy wskaźnik odporności. Zwiększenie liczby analizowanych genotypów umożliwi precyzyjne określenie efektów poszczególnych produktów.

Monitorowano formy homo- i heterozygotyczne niezmutowanych i zmutowanych alleli desaturazy FAD3 w genomach A i C rzepaku w obrębie 25 genotypów rekombinantów badanych w Tematach 2. i 3, z zastosowaniem testu SNaPshot (Mikołajczyk et al., 2010). Zidentyfikowano genotypy homozygotyczne, które zostaną wykorzystane do dalszych badań oraz wytwarzania materiałów wyjściowych dla nowych form rzepaku ozimego.

Przeprowadzono implementację bazy danych, platformy BMS Pro, dla genotypów rzepaku badanych w Oddziale IHAR – PIB w Poznaniu. Rozpoczęto tworzenie listy wszystkich cech badanych w doświadczeniach, a także wprowadzanie do platformy linii, odmian i genotypów. Dla doświadczeń, które posiadają już wprowadzone wyniki analiz (np. biochemicznych), zaczęto wykonywać wstępne analizy statystyczne.