

ALINA LIERSCH<sup>1</sup>  
JAN BOCIANOWSKI<sup>2</sup>  
WIESŁAWA POPLAWSKA<sup>1</sup>  
KRZYSZTOF MICHAŁSKI<sup>1</sup>  
KRYSTYNA KRÓTKA<sup>1</sup>  
KATARZYNA MIKOŁAJCZYK<sup>1</sup>  
JOANNA NOWAKOWSKA<sup>1</sup>  
MARCIN MATUSZCZAK<sup>1</sup>  
JOANNA WOLKO<sup>1</sup>  
IWONA BARTKOWIAK-BRODA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

<sup>2</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

e-mail: alal@nico.ihar.poznan.pl

## Analiza asocjacji markerów mikrosatelitarnych i AFLP z elementami struktury plonu i plonem kolekcji genotypów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)\*

Markery molekularne stosowane w programach hodowli roślin (marker-assisted selection, MAS) stanowią dogodne narzędzie zwiększające efektywność procesu selekcyjnego, jak również podnoszące skuteczność selekcji fenotypowej, zwłaszcza dla cech dziedziczonych poligenicznie lub o niskim poziomie odziedziczalności.

Celem pracy było określenie asocjacji pomiędzy cechami fenotypowymi związanymi z plonem a genotypem linii i odmian rzepaku ozimego z kolekcji IHAR — PIB, Oddział w Poznaniu. Badana kolekcja obejmowała: polskie i zagraniczne odmiany rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego; mieszańce F<sub>1</sub> CMS *ogura* i ich komponenty rodzicielskie — linie męsko-sterylne i linie restorera (*Rfo*); linie o zmienionych proporcjach kwasów tłuszczowych C:18, jedno- i wielonienasyconych, uzyskane na drodze mutagenyzy chemicznej i ich rekombinanty; linia o jasnej barwie okrywy nasiennej i obniżonej zawartości włókna oraz linia rzepaku otrzymana na drodze resyntezy *de novo* z gatunków podstawowych *B. rapa* i *B. oleracea*.

---

\* Badania zostały wykonane w ramach zadania nr 48 w programie Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej 2014–2020 finansowanym przez MRiRW.

Doświadczenia polowe kolekcji 25 genotypów przeprowadzono w układzie bloków kompletnych losowanych, w czterech powtórzeniach, dwóch miejscowościach i trzech kolejnych sezonach wegetacyjnych. Plon nasion oceniono na podstawie zbioru z całych poletek, a po zbiorze określono masę 1000 nasion (średnia z czterech prób dla każdego badanego obiektu). Pomiary biometryczne struktury plonu wykonano na 100 łuszczynach z każdego genotypu, pobranych 2 tygodnie przed zbiorem ze środkowej części pędu głównego pięciu roślin.

Genotypy charakteryzowano z zastosowaniem 84 *loci* mikrosatelitarnych oraz 10 kombinacji starterów AFLP, jak również przy użyciu allelo-specyficznych markerów CAPS i SNP oraz markerów SCAR dla męsko-sterylnej cytoplazmy typu ogura i genu restorera Rfo. Łącznie analizowano 779 polimorficznych produktów amplifikacji DNA. Analizy asocjacyjne wykonano niezależnie dla wyników doświadczeń w sześciu środowiskach z zastosowaniem pakietu GenStat 18. Markery DNA określające takie cechy fenotypowe jak plon nasion i strukturę plonu na poziomie istotności  $p=0,05$  scharakteryzowano pięcioma parametrami, którymi są: wartość estymatora, błąd standardowy tej oceny, wartość statystyki testowej  $t$ , wartość popęśnienia błędu pierwszego rodzaju oraz zakres zmienności badanej cechy fenotypowej określanej przez dany marker; estymacji dokonano z użyciem analizy regresji.

Zakres zmienności fenotypowej wyjaśnianej przez poszczególne markery wyniósł, odpowiednio: dla plonu nasion 12,1%–45,7%, liczby łuszczyn na roślinie 12,3%–35,6%, długości łuszczyn 12,1%–38,5%, liczby nasion w łuszczynie 12,1%–61,3%, oraz MTN 12,0%–55,1%. Na podstawie uzyskanych wyników wyselekcjonowano markery DNA zasocjowane z plonem, a także najważniejszymi cechami struktury plonu.