

HENRYK BUJAK¹**KAMIŁA NOWOSAD**²**AGNIESZKA ŁĄCKA**¹**JERZY NAWRACAŁA**²**AGNIESZKA TOMKOWIAK**²**DANUTA KURASIAK-POPOWSKA**²**DOROTA WEIGT**²¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli RoślinKierownik Tematu: prof. dr hab. Henryk Bujak Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, 50-363 Wrocław, Plac Grunwaldzki 24A, tel. 71 3201829, e-mail: henryk.bujak@upwr.edu.pl,

Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.14.2018, Zadanie 34.

Określenie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy za pomocą markerów molekularnych

Evaluation of genetic diversity of inbred maize lines using molecular markers

Słowa kluczowe: heterozja, kukurydza, linie wsobne, markery molekularne, podobieństwo genetyczne

Celem zadania było sprawdzenie systemu markerów molekularnych, które pozwolą na efektywne ustalanie dystansu genetycznego pomiędzy liniami kukurydzy. Sprawdzone w tym celu markery RAPD, SSR oraz SNP, które wykazują wysoki stopień polimorfizmu, są powtarzalne ze względu na budowę starterów, a ich użycie jest stosunkowo niedrogi. Polimorfizm uzyskany dzięki zastosowaniu wymienionych systemów molekularnych pozwolił na rozróżnienie linii pochodzących z odmiennych pul genetycznych. Analiza efektów heterozji mieszańców w zależności od dystansu genetycznego dzielącego linie biorące udział w krzyżowaniach, pozwoliła ponadto na weryfikację przydatności markerów molekularnych do oceny zróżnicowania genetycznego linii w celu maksymalizacji efektu heterozji w procesie hodowli kukurydzy.

Dokonano podziału linii wsobnych kukurydzy na grupy heterotyczne na podstawie zidentyfikowanych markerów molekularnych sprzężonych z *loci* determinującymi plon ziarna i jego podstawowe komponenty.

Materiałem badawczym w 2018 roku były wyprowadzone w polskich spółkach hodowlanych 94 linie wsobne kukurydzy. Badane linie charakteryzowały się zróżnicowanym pochodzeniem i zostały uzyskane z materiałów będących w dyspozycji hodowli i cechowały się brakiem pokrewieństwa. Podstawę klasyfikacji tych linii stanowiła budowa ziarniaka i można je było wstępnie podzielić na formy o ziarnie zębokszałtnym (*dent*) oraz szklistym (*flint*). W trakcie trwania zadania przeanalizowano łącznie 476 linii wsobnych kukurydzy pochodzących z polskich hodowli (Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o. Oddział Koberzyce). Analizowane linie wykazywały duże zróżnicowanie pod względem cech morfologicznych, jak i użytkowych, co potwierdzono stosując jedno- i wielocechowe narzędzia statystyczne.

Do analizy zróżnicowania genetycznego wykorzystane zostały początkowo markery molekularne typu RAPD oraz SSR. Markery SSR wybrano z dostępnych baz danych, a przy ich wyborze kierowano się ich powiązaniem z plonem oraz cechami struktury plonu, a następnie dokonywano oceny ich specyficzności i wiarygodności na materiałach hodowlanych. Następnie w trakcie realizacji zadania system markerowy został uzupełniony o badanie polimorfizmu pojedynczych *loci* (SNP), a do genotypowania linii kukurydzy zastosowano metodę KASP (ang. Kompetitive Allele Specific PCR).

W 2018 roku do określenia zróżnicowania genetycznego linii kukurydzy zastosowano dwa różne systemy markerowe (SSR, SNP), które pozwoliły na efektywne grupowanie linii. Wyniki analiz molekularnych wykazały, że linie kukurydzy z polskich hodowli charakteryzowały się podobnym tłem genetycznym, o czym świadczą ich pozycje w układzie składowych głównych oraz umiejscowienie na dendrogramach podobieństwa.

Na podstawie obliczonych dystansów genetycznych wybrano komponenty rodzicielskie do krzyżowań w celu uzyskania mieszańców eksperymentalnych, które umożliwiły określenie związków pomiędzy dystansem linii rodzicielskich a efektem heterozji mieszańców F_1 . Mieszańce testowe kukurydzy wykazały wysoki istotny efekt heterozji względem form rodzicielskich dla plonu i suchej masy ziarna. Nie wykazano natomiast powiązania obliczonych, z wykorzystaniem różnych systemów markerowych, wartości odległości genetycznych pomiędzy formami rodzicielskimi z efektami heterozji mieszańców. Można zatem stwierdzić, że zastosowane systemy markerowe pozwoliły na włączanie linii do grup homogenicznych, natomiast obliczone wyniki odległości genetycznych pomiędzy formami rodzicielskimi nie miały bezpośredniego przełożenia na wielkość efektu heterozji mieszańców dla plonu ziarna i zawartości suchej masy. Podobnie nie wykazano liniowego związku pomiędzy wielocechowym zróżnicowaniem linii, a wielkością efektu heterozji mieszańców.

Zastosowane systemy markerowe pozwoliły natomiast na bardzo efektywne genotypowanie linii kukurydzy i na ich podział na grupy heterogenne, co jest ważnym elementem współczesnej hodowli odmian mieszańcowych kukurydzy. Spośród zastosowanych systemów markerowych najbardziej przydatne do określania zróżnicowania

genetycznego linii kukurydzy wydają się być markery mikrosatelitarne SSR ze względu na dobre grupowanie genotypów, niskie koszty analiz oraz łatwość ich wykonania. Ten system markerowy z wybranymi i zweryfikowanymi w trakcie realizacji zadania starterami do reakcji PCR można polecić do bezpośredniego stosowania w hodowli kukurydzy.

