



**Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pęknięcia strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi**

Projekt finansowany przez MR i RW w ramach dotacji na pokrycie kosztów wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej zadanie nr 20

**Zadanie realizowane w 2024 r.**

**Kierownik tematu: prof. UPP dr hab. Danuta Kurasiak-Popowska**

**Email:** danuta.kurasiak-popowska@up.poznan.pl

Wykonawcy UPP:

prof. UPP dr hab. Jerzy Nawracała

prof. UPP dr hab. Agnieszka Tomkowiak

dr Wojciech Bielski

dr Ewa Skotarczak

Wykonawca DANKO Hodowla Roślin Sp. z o. o.:

dr Agnieszka Katańska-Kaczmarek

Wykonawcy Hodowla Roślin Strzelce Grupa IHAR:

dr Przemysław Matysik

mgr Piotr Stefański

Wykonawca IGR:

dr hab. Michał Książkiewicz

Wykonawca UP we Wrocławiu:

dr Sandra Rychel-Bielska



# Cel zadania

W ramach zadania realizowano 3 tematy badawcze

## Cel tematu badawczego 1

Celem tematu badawczego było wysokoprzepustowe genotypowanie materiałów kolekcyjnych soi (tych samych, które będą fenotypowane) w celu uzyskania zestawu markerów do mapowania asocjacyjnego – **w trakcie realizacji**

## Cel tematu badawczego 2

Celem tematu było fenotypowanie w warunkach polowych kolekcji genotypów (w 3 lokalizacjach) do genomowego mapowania asocjacyjnego (GWAS) - **cel został osiągnięty**

## Cel tematu badawczego 3

Celem doświadczenia było rozmnożeniem pokolenia Celem planowanych badań było rozmnożenie pokoleń F3, F4 i F5 do otrzymania populacji mapujących do poszukiwania markerów na geny determinacji pędu i pęknięcia strąkówmieszzańców otrzymanych w 2021 i 2022 roku - **cel został osiągnięty**



# Temat badawczy 1

**Material roślinny:** 96 genotypów (linie) soi wybrane z kolekcji KG i HR, z zestawu 280 linii poddanych fenotypowaniu

Izolat DNA uzyskano dla wszystkich badanych genotypów.

Średnie stężenie DNA na poziomie 762 ng/μl (min. 390,7 ng/μl, maks. 1572 ng/μl).

Wartości stosunku absorbancji:

- przy długościach fali 260 nm i 280 nm (A260/A280) wyniosła średnio 2,10 (min. 1,98; maks. 2,20)
- przy długości fali 260 nm i 230 nm (A260/A230) 2,16 (min. 1,93; maks. 2,32).

Podczas przygotowania matrycy do genotypowania stężenie prób wyrównano do wartości 350 ng/μl.

Próby DNA wysłano do firmy wykonującej usługę genotypowania przy użyciu mikromacierzy NJAU 355 K SoySNP Array (Eurofins Genomics Germany GmbH).

Wyniki genotypowania zostaną przedstawione w ostatecznej wersji sprawozdania



## Temat badawczy 2

• **Materiały i metody:** Materiałem do fenotypowania było 280 genotypów soi należących przede wszystkim do „000” lub ”00” grupy dojrzałości (MG) wybranych z kolekcji KG i HR na podstawie obserwacji przeprowadzonych w latach poprzednich również w trakcie realizacji zadań nr 43 i 105. Genotypy te zostały namnożone w RGD Dłoń w roku 2021. Wysiane zostały te same genotypy, które były analizowane polowo w 2022 i 2023 roku.

Doświadczenia zostały założone w trzech lokalizacjach:

- 23.04.2024 w RGD Dłoń,
- 24.04.2024 w Szelejewie,
- 6.05.2024 w Strzelcach.

Układ doświadczeń bloki losowane w dwóch powtórzeniach. Wielkość poletek 10 m<sup>2</sup>. W czasie wegetacji przeprowadzono obserwacje fenologiczne początku kwitnienia i długości okresu wegetacji, morfologiczne: wysokości roślin (średnia 10 typowych roślin z poletka) i wysokości osadzenia pierwszego strąka (średnia 10 typowych roślin z poletka) oraz determinacji pędu, wylegania, pęknięcia strąków. Po zbiorze, na podstawie masy nasion zebranej z poletek, obliczono potencjał plonowania oraz oznaczono MTN (2 próby po 500 nasion). Odnotowano występowanie chorób i szkodników. Przeprowadzono analizy jakościowe nasion: zawartości białka i tłuszczu na posiadanych w hodowlach aparatach (NIRS i FOSS).

Warunki pogodowe w okresie wegetacji soi w trzech lokalizacjach doświadczeń w 2024 r.

Miesiąc	Temperatura (°C)			Opady (mm)		
	Dłoń	Szelejewo	Strzelce	Dłoń	Szelejewo	Strzelce
<b>Kwiecień</b>	11,7	11,6	11,0	29,2	28,6	32,6
<b>Maj</b>	17,2	17,6	17,2	37,6	52,4	20,9
<b>Czerwiec</b>	19,1	18,9	19,4	88,0	59,6	46,7
<b>Lipiec</b>	20,2	20,7	21,8	111,3	61,2	74,7
<b>Sierpień</b>	20,9	21,0	20,7	240,5	154,8	78,1
<b>Wrzesień</b>	16,9	16,9	17,3	116,8	78,7	63,6
<b>Październik</b>	10,9	11,1	9,8	29,0	17,3	22,8
<b>Średnia/suma</b>	<b>16,7</b>	<b>16,8</b>	<b>16,7</b>	<b>624,4</b>	<b>452,6</b>	<b>339,4</b>

Charakterystyka przebiegu faz fenologicznych 280 genotypów soi w 2024 roku w doświadczeniach w trzech lokalizacjach

Lp.	Genotyp	Dłoń		Szelejewo		Strzelce	
		Długość okresu od siewu do kwitnienia (dni)	Długość okresu wegetacji (dni)	Długość okresu od siewu do kwitnienia (dni)	Długość okresu wegetacji (dni)	Długość okresu od siewu do kwitnienia (dni)	Długość okresu wegetacji (dni)
<b>Minimum</b>		45,0	122,0	46,0	115,0	47,0	120,0
<b>Średnia</b>		52,5	150,8	53,1	144,3	59,7	140,5
<b>Maximum</b>		69,0	182,0	73,5	174,5	76,0	154,0

## Charakterystyka cech morfologicznych i cech struktury plonu 280 genotypów soi w 2024

Lp.	Genotyp	Wysokość rośliny (cm)	Wysokość osadzenia 1 strąka (cm)	Wyleganie	Pęknięcie strąków	Potencjał plonowania (dt/ha)	MTN (g)
<b>RGD Dłoń</b>	Minimum	34,9	5,1	3,5	3,5	15,0	111,0
	Średnia	75,2	13,1	7,3	8,9	36,3	209,8
	Maximum	139,5	24,15	9,0	9,0	65,0	292,0
<b>Szelejewo</b>	Minimum	40,9	6,0	2,0	4,0	15,43	119,6
	Średnia	70,14	10,68	7,08	8,96	38,05	212,1
	Maximum	106,8	20,6	9,0	9,0	74,7	296,3
<b>Strzelce</b>	Minimum	55,0	3,0	1,0	9,0	16,3	111,8
	Średnia	88,62	9,51	6,16	9,0	45,16	175,85
	Maximum	140,0	18,0	9,0	9,0	63,0	230,1

### Wnioski:

1. Różnice w przebiegu faz fenologicznych oraz wartości prawie wszystkich obserwowanych cech pomiędzy lokalizacjami doświadczeń potwierdzają konieczność prowadzenia fenotypowania badanych genotypów przynajmniej w następnych dwóch latach.
2. Olbrzymie zróżnicowanie wszystkich badanych cech 280 genotypów soi dowodzi, że jest to materiał odpowiedni do zaplanowanych analiz molekularnych.

## Temat badawczy 3

**Materiał roślinny:** W 2024 r. przeprowadzono rozmnożenie nasion mieszańców zebrane z roślin pokolenia F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub> oraz F<sub>5</sub> uzyskane z krzyżowań z roku 2021 i 2022 genotypów soi

Wyniki namnożeń nasion z ustalonych kombinacji w poszczególnych pokoleniach w 2024

Kombinacja		Pokolenie F4		Pokolenie F5		Pokolenie F5		Pokolenie F6	
		Wysiew	Zbiór	Wysiew	Zbiór	Wysiew	Zbiór	Wysiew	Zbiór
1	Z X S	-	-	-	-	860	821	821	640
2	S X N	-	-	-	-	440	424	424	310
3	S X Z	1660	1504	1504	1200	-	-	-	-
4	N X S	420	381	381	300	390	373	373	280
5	Nie X P	1140	1028	1028	820	-	-	-	-
6	P X Nie	-	-	-	-	420	374	374	275
7	S X S	480	408	408	320	-	-	-	-
8	Z X N	1160	1046	1046	830	540	479	479	380
9	N X Z	600	531	531	420	540	501	501	400

S – semizdeterminowany, Z – zdeterminowany, N – niezdeterminowany,  
P – strąki pękające, Nie – strąki niepękające

## Wnioski:

1. Rozmnożenie roślin wszystkich pokoleń \w warunkach szklarniowych pozwoliło na otrzymanie wystarczającej liczby nasion do dalszego wyprowadzenia linii populacji mapującej z każdej kombinacji krzyżowania.





# Podsumowanie realizacji badań w 2024 r.

## Miernik zadania – stopień realizacji

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana	stopień realizacji zadania
1	2	3	4	5
temat badawczy 1				
1.	Liczba linii soi poddanych genotypowaniu	96	W trakcie realizacji	
temat badawczy 2				
2.1	Liczba obserwowanych genotypów	280	280	1,00
2.2	Liczba obserwowanych cech: długość okresu od siewu do kwitnienia, długość okresu wegetacji, wysokość roślin, wysokość osadzenia I strąka typ kończenia wzrostu pędu, wyleganie, pęknięcie strąków, MTN, potencjał plonowania, zawartość białka i zawartość tłuszczu w nasionach	11	11	1,00
temat badawczy 3				
3	liczba kombinacji krzyżowania	9	9	1,00
Średnia				1,00
% realizacji zadania				100

D. Kurasiak-Popowska \*, A. Katańska-Kaczmarek, P. Matysik, P. Stefański, P. Przybył, E. Skotarczak, J. Nawracała  
Stability of early maturing soybean genotypes in Poland. *Agriculture* 2024, 14

W publikacji wykorzystano wyniki badań polowych z 280 genotypami soi przeprowadzone w roku 2022 (temat badawczy 3, strony 31-60 w sprawozdaniu z 2022) i 2023 (temat badawczy 2, strony 13-44 w sprawozdaniu z 2023).

Article

## Stability of Early Maturing Soybean Genotypes in Poland

Danuta Kurasiak-Popowska <sup>1,\*</sup>, Agnieszka Katańska-Kaczmarek <sup>2</sup>, Przemysław Matysik <sup>3</sup>, Piotr Stefański <sup>3</sup>, Patrycja Przybył <sup>2</sup>, Ewa Skotarczak <sup>4</sup> and Jerzy Nawracała <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Genetics and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznan University of Life Sciences, Dojazd 11, 60-632 Poznan, Poland; danuta.kurasiak-popowska@up.poznan.pl (D.K.-P.); jerzy.nawracała@up.poznan.pl (J.N.)

<sup>2</sup> DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. z/s w Choryni, Choryń 27, 64-000 Kościan, Poland; agnieszka.kaczmarek@danko.pl (A.K.-K.); patrycja.przybył@danko.pl (P.P.)

<sup>3</sup> Plant Breeding Strzelce Ltd., Co., ul. Główna 20, 99-307 Strzelce, Poland; p\_matysik@hr-strzelce.pl (P.M.); p\_stefanski@hr-strzelce.pl (P.S.)

<sup>4</sup> Department of Mathematical and Statistical Methods, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznan University of Life Sciences, Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznan, Poland; ewa.skotarczak@up.poznan.pl

\* Correspondence: danuta.kurasiak-popowska@up.poznan.pl

**Abstract:** Poland is one of the northernmost countries in the world where soybean breeding is actively conducted. A large collection of soybean genotypes was analyzed in three locations in Poland during the 2022–2023 growing seasons. The objective of this research was to determine the stability of yield, as well as the protein and fat content in the seeds of 280 genotypes. The phenotypic correlations across genotypes and environments were assessed using the Spearman coefficient. The statistical analysis was provided using the additive main effects and multiplicative interaction model. The stability of genotypes was assessed using the weighted average of absolute scores. The main factor differentiating the results between locations was the variation in weather conditions. The variety Karok, which ranks among the top 10% in genotype selection indices for yield and thousand-seed weight, is recommended based on studies conducted within the Post-Registration Variety Testing System in three voivodeships in Poland. Among the most stable genotypes, in terms of the traits analyzed in this paper, are many registered and currently grown soybean varieties such as Obelix Pompei, Coraline, Kapral, ES Mentor, NS Mercury, Pepita, Pollux, Silesia, and Heihe 45. The yield stability of soybean genotypes during the development of new varieties should be one of the factors analyzed by breeders.

**Keywords:** vegetation period; weather conditions; yield

Citation: Kurasiak-Popowska, D.; Katańska-Kaczmarek, A.; Matysik, P.; Stefański, P.; Przybył, P.; Skotarczak, E.; Nawracała, J. Stability of Early Maturing Soybean Genotypes in Poland. *Agriculture* 2024, 14, x. <https://doi.org/10.3390/xxxxx>

Academic Editor(s) Name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2024 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

### 1. Introduction

Soybean is one of the most important crops in the world [1]. Its great importance stems from the unique chemical composition of its seeds, which contain two highly valuable components, i.e., 18–22% oil that is rich in unsaturated fatty acids and 33–45% protein with an excellent amino acid profile [2]. Soybean cultivation holds the highest global significance among leguminous crops, accounting for as much as 75% in this group, and its cultivation area and production continue to grow [3]. The USDA prediction from October 2024 for the 2024/25 season estimates the global soybean cultivation area at 145.8 million hectares, with production projected at 428.9 million tons (<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf> accessed on 23.10.2024).

Soybean cultivation is widespread in countries with varying climatic conditions. Poland is one of the northernmost countries in the world where soybean breeding is actively conducted (49°00' N–54°50' N latitude), which presents several challenges [4,5]. Among these are the need to identify genotypes tolerant to changes in day length and capable of