

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2024 roku
zadanie nr: 9

Precyzyjna fenomika, telemetria modulowanej fluorescencji i temperatury roślin dla modelowania, optymalizacji i przyspieszenia procesu hodowli żyta (*Secale cereale* L.)

Kierownik zadania:

Prof. dr hab. inż. Stanisław M. Karpiński

SGGW w Warszawie, Instytut Biologii,
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Stanislaw_Karpinski@sggw.edu.pl

Prezentuje:

Prof. Stanisław Karpiński

Cele zadania 2024 r.

- Określenie różnic/podobieństw w komponentach żyta użytych do krzyżowań (obiektach) względem stabilnej linii referencyjnej TUR w mierzonych telemetrycznie parametrach fluorescencyjnych chlorofilu liści eksponowanych na absorbcję energii w nadmiarze na wczesnym etapie rozwoju rośliny.
- Zostaną zbadane poziomy kwasu salicylowego, nadtlenu wodoru i pigmentów (chlorofile i karotenoidy). Zostaną określone różnice w ekspresji wybranych markerów molekularnych (APX1, LSD1, EDS) w porównaniu do dwóch genów referencyjnych żyta. Zostanie zmierzona wymiana gazowa i liczba aparatów szparkowych. Na końcu zmierzony zostanie plon nasion w tych zróżnicowanych obiektach.
- Celem tych badań będzie wstępne określenie poziomu korelacji parametrów molekularnych, fizjologicznych z parametrami telemetrycznymi (modulowana fluorescencja chlorofilu a).

Materiały i metody

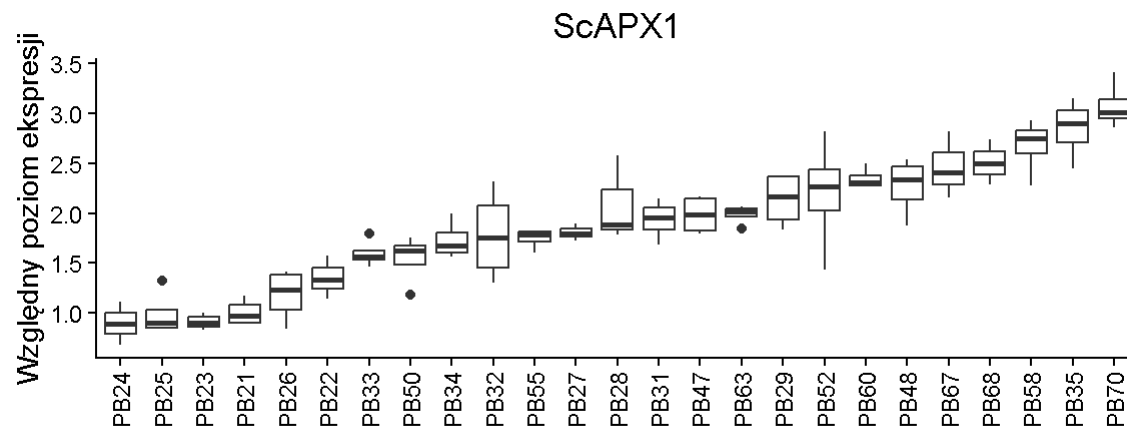
Wykonano pomiary 30 cech na 25 (20 cech dla 29) obiektach żyta

- Pomiary modulowanej fluorescencji chlorofilu
- Biochemiczne pomiary poziomu kwasu salicylowego, nadtlenku wodoru, chlorofili i pigmentów fotosyntetycznych w liściach żyta
- Pomiary masy i liczby ziarniaków, kłosów
- Analiza ekspresji genów APX1, EDS1, LSD1 w odniesieniu do 2 genów referencyjnych (ACT, ADP-RFa) z wykorzystaniem qRT-PCR
- Analiza liczby aparatów szparkowych i pomiary wymiany gazowej
- Statystyczne i matematyczne analizy korelacji cech

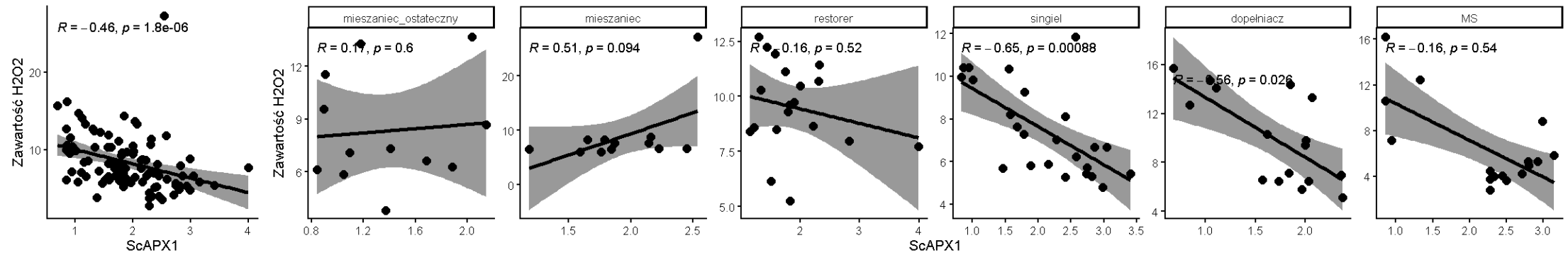
Analiza ekspresji genów

Nazwa genu	Rola	Primer F	Primer R
ScACT	Gen referencyjny	CCCCTTTGAACCCAAAAGCC	GAAAGCACGGCCTGAATAGC
ScADP-RFa	Gen referencyjny	TTCATGGTTGGTCTCGATG	GGATGGTGGTGACGATCTCT
ScLSD1	Gen badany	ATGCATGCACCAAACGGAAT	ACGTTGCTCACCAGTTTTCC
ScAPX1	Gen badany	CTGAGTGGGGAGAAGGAAGG	CCGCAGCATATTTGTCCACA
ScEDS	Gen badany	CATCATGCCACTGGACATCA	ACAAGCGAATTCCCAACAGG

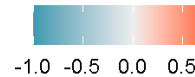
- Poziom ekspresji genów badanych odnieszono do poziomu 2 genów referencyjnych
- qRT-PCR (3 powtórzenia biologiczne, 3 powtórzenia techniczne)
- Ponad 7-krotna różnica poziomu ekspresji ScAPX1 w badanych obiektach żyta



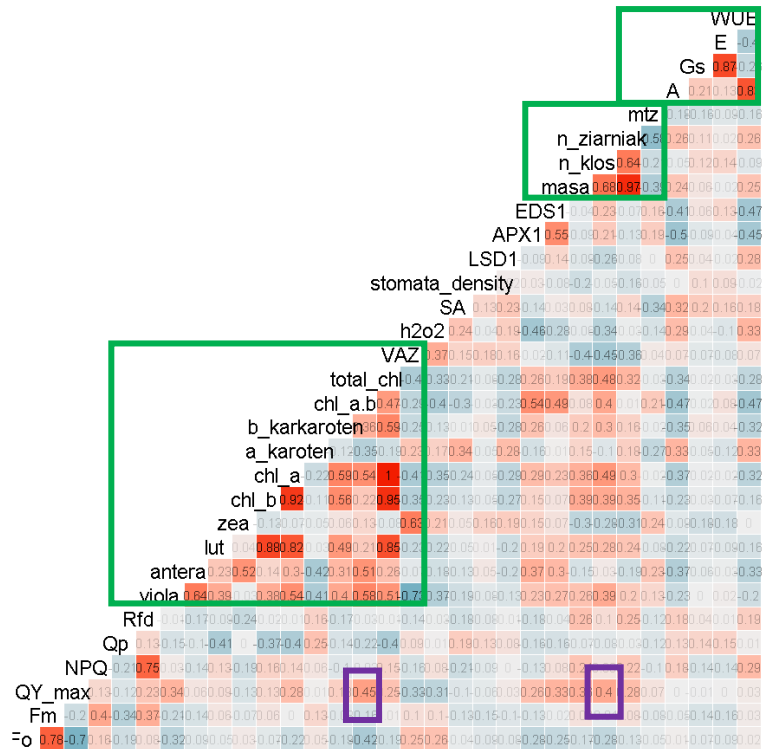
Analiza korelacji zawartości H₂O₂ od ekspresji APX1



Analiza korelacji badanych cech



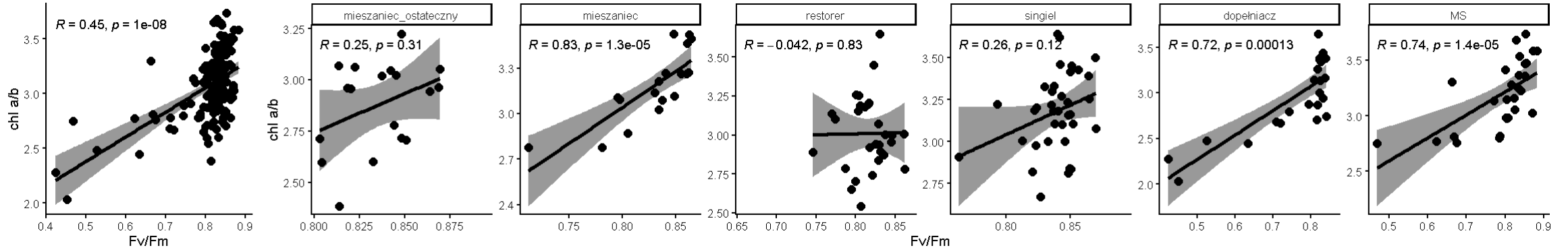
All data, Spearman



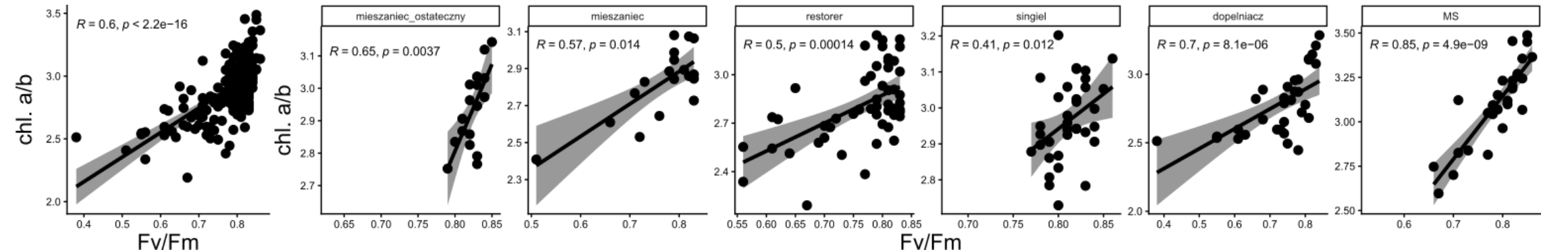
- Wykonano analizę korelacji między wszystkimi badanymi cechami.
- Największe korelacje występują w obrębie grup badanych cech (np. barwniki fotosyntetyczne, plonowanie czy WUE, wymiana gazowa)
- Występują również korelacje między cechami z różnych grup (Fv/Fm i chl. a/b czy mtz)

Korelacja pomiędzy Fv/Fm a chl. a/b

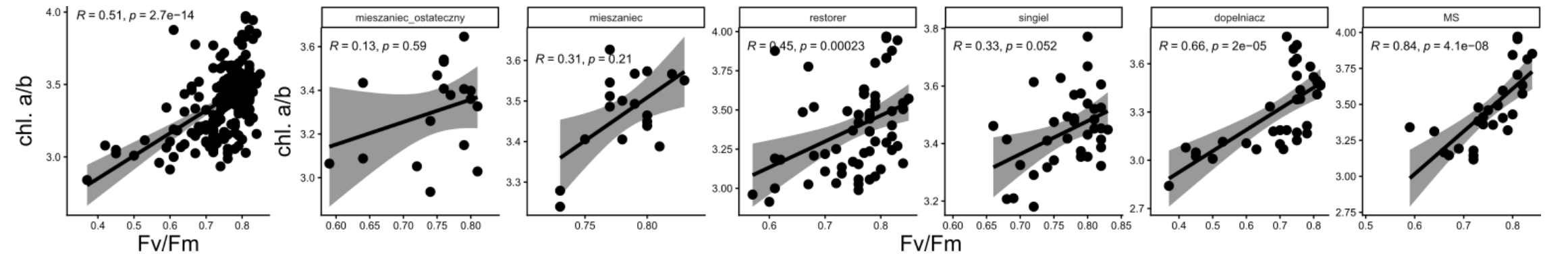
2024



2023



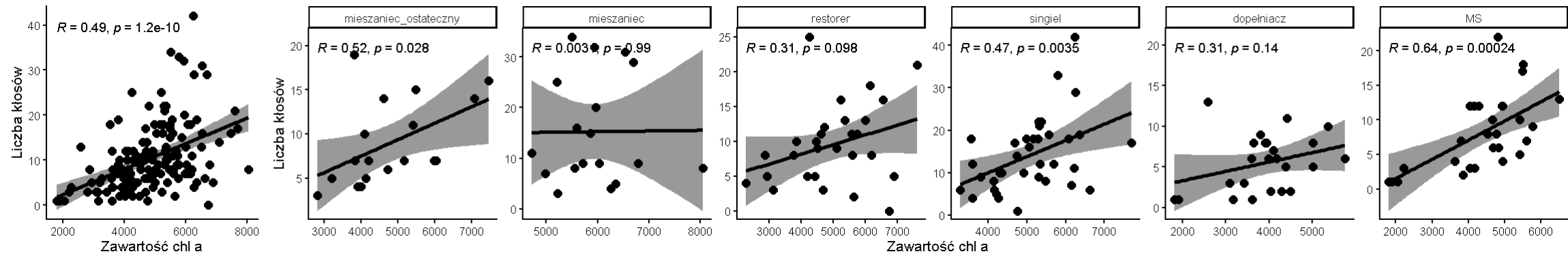
2022



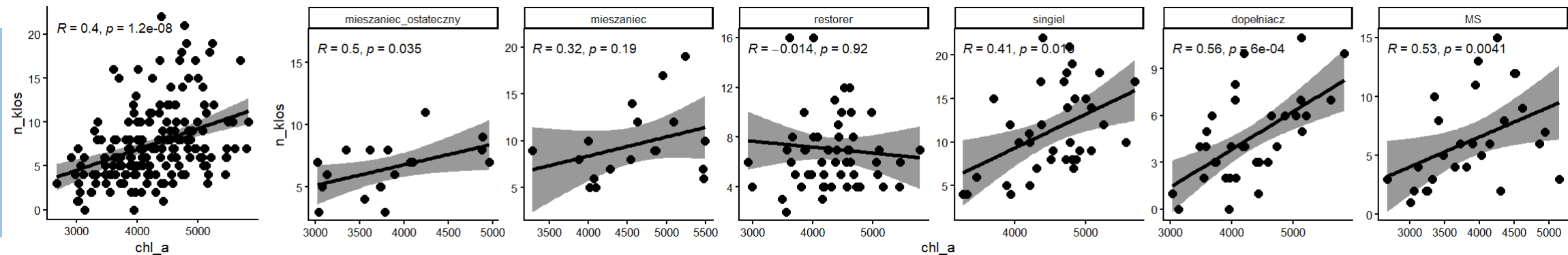
Korelacja między Fv/Fm a chl. a/b jest zachowana między trzema latami eksperymentu

Korelacja pomiędzy liczbą kłosów a chl. a

2024



2022



Korelacja między liczbą kłosów a chl. a jest istotnie zachowana między dwoma latami eksperymentu

Podsumowanie

- Analiza korelacji niektórych badanych cech jest mocno powtarzalna między latami
- Sugeruje się zwiększenie liczby powtórzeń biologicznych w eksperymencie qRT-PCR oraz wymiany gazowej w celu zwiększenia siły statystycznej prowadzonych analiz