

WYNIKI

z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2019 roku

Badania wewnętrznej struktury genetycznej odmian żyta oraz dziedzicznego podłoża efektu heterozji

Temat badawczy 1

Ocena przydatności odmian populacyjnych do zasilania heterotycznych pul genetycznych dla przyszłych komponentów matecznych i ojcowskich.

Analiza DArTseq wykonana na genotypach linii rodzicielskich i losowo wybranych roślinach sześciu populacji syntetycznych dostarczyła danych o 99097 markerach SilicoDArT, które wykorzystano do oceny podobieństwa genetycznego.

Uzupełnieniem analiz DArTseq były wyniki otrzymane metodą PCR. Oceniono polimorfizm między liniami rodzicielskimi przy zastosowaniu 20 markerów PCR o znanej lokalizacji chromosomowej:

Chromosom 1

c9696

c8211

c10892

Chromosom 2

c921

c998

c1249

c115

Chromosom 3

c344

c762

c1616

Chromosom 4

c19408

c10140

TC363404

AK252386

c5198

Chromosom 6

c1800

c8386

c7290

Chromosom 7

c19108

c10815

Markery różnicujące linie rodzicielskie danej populacji syntetycznej wykorzystywano do analiz w obrębie 46-47 osobników objętych analizami DArTseq.

Wyniki oceny genetycznej linii rodzicielskich wskazują, że wartości współczynników podobieństwa między każdą parą były na zbliżonym poziomie i mieściły się w granicach od 0,67 do 0,73. Nie zauważono znacząco niższych wartości współczynników podobieństwa dla linii należących do przeciwstawnej puli (non-restorer vs. restorer), nawet w gdy pochodziły z tej samej hodowli. Co prawda dwie linie z puli non-restorer znalazły się na dendrogramie podobieństwa najbliżej siebie, ale mimo to różnice między nimi były znaczące.

Analiza genetyczna populacji syntetycznych była wykonana w celu poznania zakresu zmienności genetycznej w ich obrębie, ale też dla sprawdzenia, czy w tych populacjach znaczącą część stanowią oryginalne linie wsobne, które mogły tworzyć nasiona na drodze samozapylenia. W tym ostatnim przypadku należało oczekiwać obecności w populacjach roślin genetycznie tożsamy z jedną z linii rodzicielskich. Dlatego w analizach dotyczących każdej populacji uwzględniano linie rodzicielskie użyte do ich wytworzenia.

Populacja SYN1 powstała z przekrzyżowania dwóch linii z programu hodowlanego PHR: WM (restorer) i NS (non-restorer). Najniższe wartości współczynnika podobieństwa genetycznego w macierzy danych dotyczącej 46 roślin SYN1 i 2 linii rodzicielskich to 0,67. Jest to wartość występująca czterokrotnie w macierzy i dotyczy podobieństwa między dwiema liniami rodzicielskimi oraz relacji między linią NS a roślinami nr 19, 33 i 35 z populacji SYN1. Najwyższą wartość współczynnika podobieństwa genetycznego równą 1,00 odnotowano dla pary roślin o numerach 37 i 50.

Dendrogram ilustrujący relacje podobieństwa w obrębie populacji SYN1 potwierdza, że najbardziej odrębnymi genetycznie obiektami były linie rodzicielskie. Żadna z 46 badanych roślin populacji nie może być uznana za wynik samozapylenia linii rodzicielskiej. Podobieństwo linii WM do dowolnej rośliny SYN1 mieści się w granicach od 0,80 do 0,96, a linii NS – od 0,67 do 0,71.

Populacja SYN2 to efekt krzyżowania między linią typu restorer z PHR (WM) z linią non-restorer z Danko (S05). Wartości podobieństwa genetycznego w obrębie badanych 46 roślin populacji i dwóch linii rodzicielskich mieściły się między 0,66 (S05 i roślina nr 04) a

0,99 (rośliny 45 i 56). Podobieństwo form rodzicielskich było na relatywnie niskim poziomie – wartość współczynnika należała do najniższych w całej macierzy danych (0,668). Znalazło to odzwierciedlenie na dendrogramie utworzonym metodą UPGMA. Linie rodzicielskie zajmują skrajne pozycje na drzewie podobieństwa genetycznego i żadna z 46 badanych roślin populacji SYN2 nie jest do nich znacząco podobna, co wskazuje że nie powstały w wyniku samozapylenia.

Syntetyk SYN3 to efekt krzyżowań między dwiema liniami restorerowymi WM i SR. Pomimo przynależności do tej samej puli heterotycznej (pula genetyczna komponentów ojcowskich), podobieństwo genetyczne między liniami rodzicielskimi wynosiło tylko 0,69 i należało do najniższych w całej macierzy danych. Wartości współczynników podobieństwa między roślinami tworzącymi populację syntetyczną mieściły się w granicach od 0,68 do 0,98. Żadna z roślin wchodzących w skład populacji nie wykazywała podobieństwa do linii rodzicielskich na poziomie sugerującym, że pochodzi z samozapylenia (wartości współczynników podobieństwa 46 roślin z populacji do linii rodzicielskich mieściły się w granicach od 0,68 do 0,76). Dendrogram ilustrujący relacje genetyczne w obrębie SYN3 potwierdza odrębność linii rodzicielskich od genotypów tworzących populację. Wewnątrz samej populacji SYN3 niektóre z genotypów wykazują bardzo duże podobieństwo (np. rośliny nr 14 i 16 oraz rośliny nr 12 i 23) przekraczające 98%, ale są to przypadki nieliczne.

Populacja SYN4 powstała na bazie dwóch linii typu non-restorer: NS i S05. Współczynnik podobieństwa między tymi liniami był najwyższy ze wszystkich par badanych w doświadczeniu i wynosił 0,73. W wytworzonej populacji syntetycznej znaleziono 3 rośliny wykazujące bardzo duże podobieństwo do jednej z linii rodzicielskich (S05) – były to rośliny o numerach 43, 48 i 49. Poziom podobieństwa wynosił 99%, co przy uwzględnieniu możliwych błędów technicznych w analizie DArTseq należy interpretować jako obecność w populacji roślin będących wynikiem samozapylenia rodzicielskiej linii wsobnej. Trzy rośliny tego typu wśród 46 losowo wybranych z populacji SYN4 stanowią ok. 6,5%, co nie powinno w sposób znaczący wpływać na wartość gospodarczą syntetyka. Dendrogram ukazujący relacje podobieństwa genetycznego potwierdza odrębność linii rodzicielskich od siebie (są co prawda umieszczone na dendrogramie obok siebie, ale ramiona je łączące należą do najdłuższych na schemacie). Widoczne jest też silne podobieństwo trzech roślin z populacji oraz linii S05.

Populacja SYN5 jest syntetykiem trójliniowym, do wytworzenia którego wykorzystano linie WM, NS i S05. Żadna z 47 badanych roślin populacji nie była identyczna genetycznie z którąkolwiek linią rodzicielską – współczynniki podobieństwa roślin SYN5 z rodzicami mieściły się w granicach od 0,67 do 0,86. Zmienność genetyczna wewnątrz populacji była na podobnym poziomie jak w syntetykach dwuliniowych (wartości współczynników podobieństwa mieściły się w granicach od 0,67 do 0,99). Na dendrogramie każda z linii

rodzicielskich występuje samodzielnie. Najbardziej odrębną pozycję zajmuje NS. Rośliny o numerach 71 i 72 oraz 34 i 69 były niemal identyczne genetycznie.

Populacja SYN6 to syntetyk czteroliniowy otrzymany przy wykorzystaniu wszystkich czterech linii rodzicielskich. Wśród 47 badanych roślin populacji żadna nie była genetycznie tożsama z którąkolwiek linią rodzicielską (współczynniki podobieństwa genetycznego mieściły się w granicach od 0,67 do 0,86). Na dendrogramie każda z linii rodzicielskich występuje na oddzielnej gałęzi, w czterech różnych grupach skupień, w których obecne są dodatkowo rośliny populacji SYN6.

Analizy DArTseq w wariacie SNP dostarczają informacji o obecności heterozygot w badanym materiale. Ogółem otrzymano dane dla 47517 markerów SNP. Dla każdego genotypu analizowanego metodami masowymi takimi jak DArTseq, część oznaczeń nie daje jednoznacznego wyniku. W przypadku linii rodzicielskich liczebności takich brakujących wyników były dość zróżnicowane – od niespełna siedmiu tysięcy (WM) do niemal osiemnastu i pół tysiąca (S05). Pozostałe dane użyto do oszacowania częstotliwości występowania heterozygot w liniach.

W populacjach syntetycznych oszacowano poziom heterozygotyczności zawężając liczbę stosowanych loci SNP wyłącznie do tych, które w liniach rodzicielskich jednoznacznie identyfikowały homozygoty. Dzięki temu identyfikowano tylko te heterozygoty, które pochodziły z przekrzyżowania linii rodzicielskich. Populacje syntetyczne były tworzone w otwartej przestrzeni przy zastosowaniu izolacji przestrzennej, która z natury rzeczy nie jest stuprocentowo skuteczna – możliwe było pojawienie się niekontrolowanych przepyleń. Liczebności markerów (określonych jako informatywne) użytych do obliczeń mieściły się między 3 a 4 tysiące, z wyjątkiem syntetyka czteroliniowego SYN6. U tego ostatniego, ze względu na obecność aż 4 komponentów rodzicielskich branych pod uwagę przy wyborze markerów, liczba markerów informatywnych była mniejsza niż 3 tysiące.

Najwyższy poziom heterozygotyczności (ponad 31%) odnotowano w populacji SYN4. W pozostałych populacjach wartości te były o około 10% niższe. Wydaje się, że może to być związane z tym, że rodzicami populacji SYN4 były linie o względnie najwyższym poziomie homozygotyczności (S05 i NS).

Ocena fenotypowa mieszańców między czterema liniami hodowlanymi, a pojedynczymi roślinami z odmian populacyjnych żyta (w tym dwóch odmian historycznych) została wykonana dla 82 obiektów doświadczalnych. Wśród nich były 4 linie rodzicielskie (pełniące jednocześnie rolę wzorców przy określaniu efektu heterozji) oraz 78 mieszańców. Po 19 mieszańców miało w rodowodzie linie S237N/16 i SR, a po 20 mieszańców pochodziło z krzyżowań linii SE76N/12 i SR81.

Pierwsza z ocenionych cech to termin początku kwitnienia rośliny, który określano liczbą dni od 1 maja. Rośliny zakwitały na przełomie maja i czerwca 2019. Zakwitanie roślin w obrębie tego samego genotypu było względnie równomiernie o czym świadczą relatywnie niskie współczynniki zmienności (W%). Heterozja roślin mieszańcowych zasadniczo objawiała się wcześniejszym kwitnieniem, ale w kilku kombinacjach mieszańcowych z udziałem linii SR zaobserwowano opóźnienie terminu zakwitania (pomimo, że rośliny wykazywały wigor i miały silnie wysunięte kłosa, nie wyrzucały pylników) – w tabeli 5 pojawiły się w ostatniej kolumnie wartości przekraczające 100%. Dotyczyło to głównie mieszańców z udziałem roślin pochodzących ze starej rosyjskiej odmiany Vjatka. W kombinacjach z innymi liniami wsobnymi mieszańce tych samych roślin też zakwitały późno, ale nie później niż linia wsobna. Prawdopodobnie wpływ na wynik miał względnie wczesny termin kwitnienia linii SR w porównaniu do pozostałych linii wsobnych.

Wysokość roślin była mocno zróżnicowana. Generalnie wszystkie mieszańce F1 były wysokie, znacząco wyższe niż linie wsobne. W obrębie pojedynczych genotypów zmienność fenotypowa najczęściej nie była duża i wartości współczynnika zmienności w nielicznych przypadkach przekraczały 10%. Wśród linii rodzicielskich SR81 miała najniższą wysokość, ale mieszańce z jej udziałem były porównywalne do pozostałych obiektów doświadczenia. Mieszańce wszystkich czterech linii wsobnych z roślinami pochodzącymi z odmiany Vjatka należały do najwyższych obiektów doświadczenia.

Krzewienie ogólne i produkcyjne charakteryzowało się bardzo dużą zmiennością o charakterze losowym. Żaden z badanych obiektów nie był pod względem tej cechy wyrównany, nawet rodzicielskie linie wsobne. Wysokie wartości współczynników zmienności potwierdzają, że krzewienie jest cechą o niskim poziomie odziedziczalności. Wśród linii rodzicielskich dość silnie krzewiła się SR81, co przełożyło się na brak wyraźnego efektu heterozji krzewienia u jej mieszańców.

Średnia długość kłosa badanych obiektów doświadczenia mieściła się w granicach od niespełna 8 cm (linia SE76N/12) do ponad 12 cm u niektórych mieszańców. Przekładało się to na ponad 50% wzrost długości kłosa mieszańców względem wyjściowej linii matecznej. Zmienność fenotypowa w obrębie genetycznie tożsamy obiektów była na ogół niewielka (współczynniki zmienności poniżej 10%), ale zdarzały się wyjątki – głównie było to następstwo obecności pojedynczych roślin o bardzo słabo wykształconych kłosach.

Liczba kłosków z kłosie jest ściśle związana z długością kłosa, stąd wyniki oceny obu cech są w dużym stopniu zgodne. W obrębie badanych obiektów liczba kłosków w kłosie na ogół była dość wyrównana, ale zdarzały się odstępstwa. Wśród linii rodzicielskich, na uwagę zasługuje linia SR, która charakteryzowała się względnie dużą liczbą kłosków, co

spowodowało że u części mieszańców z jej udziałem w ogóle nie odnotowano efektu heterozji względem tej cechy.

Zawiązywanie ziaren u mieszańców było wyraźnie lepsze niż u linii rodzicielskich. Jeszcze większe różnice między mieszańcami, a matecznymi liniami wsobnymi były widoczne przy ocenie masy ziaren z kłosa. Część z badanych mieszańców F1 wykazywała objawy częściowej lub pełnej męskiej sterylności. Cecha ta nie była szczegółowo oceniana, ale ze względu na fakt jej zaobserwowania w polu w czasie kwitnienia, do analiz liczby ziaren w kłosie i masy ziarna z kłosa wzięto pod uwagę wyłącznie kłosy nieizolowane. Zmienność fenotypowa w obrębie badanych obiektów (niewynikająca z genotypu) była na ogół dość znaczna dla obu cech.

Temat badawczy 2

Ocena plonowania populacji syntetycznych o zróżnicowanej strukturze genetycznej.

Dwie wzorcowe odmiany mieszańcowe (KWS Binnto F1 i KWS Serafino F1) plonowały najlepiej ze wszystkich obiektów w doświadczeniu, zarówno w roku 2018, jak i 2019. Ich przewaga nad pozostałymi obiektami doświadczalnymi była wyraźna w każdej lokalizacji, a stabilność plonowania potwierdzają wartości współczynników zmienności nie przekraczające 11%. Odmiana populacyjna Antonińskie plonowała wyraźnie gorzej od mieszańców, ale lepiej od wszystkich sześciu badanych populacji syntetycznych. Najlepiej plonujące syntetyki to SYN4, SYN5 i SYN2. Ich plony wykazywały dużą zmienność w zależności od środowiska – współczynniki zmienności we wszystkich trzech przypadkach przekraczały 20%. Najslabiej plonującym obiektem doświadczenia był syntetyk SYN3. Jego plon był o ponad połowę mniejszy niż plony dwóch wzorcowych odmian mieszańcowych.

W 2018 roku wyższe plony uzyskiwano w doświadczeniu założonym w Wiatrowie, gdyż Nagradowice bardzo silnie dotknęła susza. W 2019 roku plonowanie żyta w obu lokalizacjach było na podobnym poziomie.

Badane populacje syntetyczne charakteryzowały się średnią wysokością w granicach od 127 do 132 cm. Nie odbiegały pod tym względem znacząco od dwóch wzorcowych odmian mieszańcowych (średnio ok. 127 cm wysokości). Najwyższą odmianą była populacja Antonińskie, której wysokość była o ok. 10cm większa niż pozostałych badanych obiektów doświadczenia. Wysokość roślin badanych genotypów była porównywalna w różnych warunkach środowiska (względnie niskie wartości współczynników zmienności).

Różnice w wysokości roślin nie miały większego znaczenia dla poziomu wylegania. Warunki pogodowe nie prowokowały wylegania żyta w żadnej z lokalizacji. W Wiatrowie w

2018 roku wyleganie w ogóle nie wystąpiło, w pozostałych lokalizacjach odnotowano co najwyżej lekkie pochylenie roślin, które nie różnicowało badanych obiektów doświadczenia.

Spośród istotnych chorób żyta w obu latach zaobserwowano tylko obecność rdzy brunatnej. Mączniak nie pojawił się w żadnej lokalizacji. Nasilenie rdzy na liściach było dość duże, najsilniejsze w Wiatrowie w 2019 roku, najsłabsze w tym samym roku, ale w Nagrałowicach. Wśród badanych obiektów doświadczenia nie zaobserwowano znaczącego zróżnicowania pod względem odporności na tę chorobę, chociaż średnio najniższe wartości oceny zdrowotności (poniżej 4) dotyczyły najlepiej plonujących syntetyków (SYN2, SYN4 i SYN5)

Temat badawczy 3

Wytworzenie i ocena zestawu linii introgressyjnych.

U badanych linii zauważalne jest pogłębianie się depresji wsobnej. Pojawiła się ona już w trakcie otrzymywania kolejnych pokoleń krzyżowań wstecznych, a ścisły chów wsobny pogłębił ten trend. Żywotność roślin, a co za tym idzie - liczba zbieranych ziaren z kłosów była w niektórych liniach wyraźnie mniejsza niż we wcześniejszych pokoleniach. Zabiegiem, który pozwolił na zatrzymanie trendu malejącego w liczebności linii było sięgnięcie po rezerwy nasion otrzymane z kłosów siostrzanych do wypadających linii. Dzięki temu w reprodukcji pozostaje aktualnie około 190 linii (wysiane jesienią 2019). W tym jest 90 linii B3S4, reszta na niższym poziomie chowu wsobnego. Nieco więcej linii stanowiły te, które wywodziły się z krzyżowań, w których rolę powracającego partnera stanowiła linia hodowlana WM18R (seria linii oznaczona jako InB). Wykorzystanie linii 541 (linia wyhodowana w ZUT Szczecin do celów badawczych) w krzyżowaniach wypierających wpłynęło na mniejszy wigor tworzonych linii introgressyjnych (linie oznaczone jako InA).

Z siewek wszystkich linii pobrano próby liści i wyizolowano DNA. Próby DNA z 90 najbardziej zaawansowanych w hodowli linii wykorzystano do analiz DArTseq, natomiast wszystkie linie poddano analizom PCR. Celem prowadzonych badań genetycznych było określenie zróżnicowania genetycznego w obrębie tworzonego zestawu linii introgressyjnych.

Dwadzieścia markerów PCR zlokalizowanych na wszystkich siedmiu chromosomach żyta zostało użytych do oceny linii rodzicielskich:

Chromosom 1:

c9696

c8211

c10892

Chromosom 2:

c1249

c921

c115

Chromosom 3:

c344

c1616

C762

Chromosom 4:

AK358008

AK252386

MtrA22

d508318

c10140

TC363434

Chromosom 6:

c7290

c1800

c8386

Chromosom 7:

c19108

c6154

Spośród nich sześć markerów wykazujących kodominujący charakter dziedziczenia zostało użytych do analiz w pełnym zestawie linii introgresyjnych. Były to markery:

c10140 [4R]

AK358008 [4R]

AK252386 [4R]

c1249 [2R]

c8211 [1R]

c9696 [1R]

Dzięki możliwości identyfikacji heterozygot wytypowano linie, które posiadają introgresje lub pozostają w stanie heterozygotycznym w danym locus. Udział heterozygot w badanym materiale był stosunkowo niewielki (uzyskano w tym zakresie znaczący postęp w porównaniu do podobnych analiz wykonanych na wcześniejszym etapie badań). Wyniki zebrano w matryce danych będące narzędziem pomocnym przy kontynuowaniu prac hodowlanych nad wytworzeniem zestawu w pełni homozygotycznych linii.

Analizy DArTseq dostarczyły danych o ponad 50 tysiącach markerów (37721 dominujących SilicoDArT i 13736 kodominujących SNP). Uzyskane dane wykorzystano do oceny zróżnicowania genetycznego między badanymi obiektami. Zgodnie z oczekiwaniami wszystkie linie serii InA wykazywały duże podobieństwo do siebie i do linii 541. Seria linii InB zawierała również genotypy podobne do siebie i jednocześnie zbliżone do linii WM18R. W tym drugim jednak przypadku poziom genetycznego podobieństwa linii introgresyjnych do formy użytej jako powracający rodzic w krzyżowaniach wstecznych okazał się znacząco niższy niż to jest widoczne w przypadku linii 541 i serii InA. Może to wskazywać na konieczność wykonania dodatkowej serii krzyżowań wstecznych między liniami InB a linią WM18R, gdyż celem prac nad liniami introgresyjnymi jest stworzenie zestawu linii blisko-izogenicznych. W przypadku serii InA też identyfikowano linie wykazujące nieco mniejsze podobieństwo do linii rodzicielskiej 541, ale spora część linii jest już wysoce podobna genetycznie do formy rodzicielskiej.

Opublikowane streszczenia:

Stojałowski S., Orłowska M., Sobczyk M., 2019. Wykorzystanie markerów DArTseq do analizy struktury genetycznej wybranych odmian żyta ozimego. IV Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany” Poznań, 5-7 listopada 2019: 75

Wykorzystanie markerów DArTseq do analizy struktury genetycznej wybranych odmian żyta ozimego.



Stefan Stojalowski, Marta Orłowska, Martyna Sobczyk
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie



WSTĘP I CEL BADAŃ

Rejestracja pierwszej odmiany mieszańcowej żyta w Polsce miała miejsce niemal ćwierć wieku temu. Od tego czasu znaczenie odmian mieszańcowych systematycznie rośnie, wzrasta też wyraźnie ich przewaga użytkowa nad tradycyjnymi odmianami populacyjnymi. O plenności odmian żyta decyduje przede wszystkim efekt heterozji. Ze względu na obcopytelność w każdej odmianie żyta obserwowana jest zmienność genetyczna, a więc każda odmiana składa się z genotypów lepszych i gorszych pod względem przydatności rolniczej. Logicznym wnioskiem wynikającym z tego faktu jest stwierdzenie, że odmiany mieszańcowe jako plenniejsze od odmian populacyjnych muszą zawierać więcej genotypów lepszych. W prezentowanej pracy podjęto próbę scharakteryzowania genotypów kilkunastu odmian żyta pod względem ich struktury genetycznej.

MATERIAŁ I METODY

Badaniami objęto 8 odmian populacyjnych (w tym odmiany historyczne): Amilo, Armand, Bosmo, Dańkowskie Diament, Dańkowskie Granat, Horyzo, Stanko, Vjaska, a także 5 odmian populacyjnych: Bono F1, Konto F1, Palazzo F1, Skallio F1 i Skakkato F1. Trzy odmiany mieszańcowe (Bono F1, Konto F1 i Skallio F1) analizowano w dwóch niezależnie pobranych próbach roślin (replikacje). Z każdej odmiany (próby) badaniami objęto od 93 do 94 losowo wybranych pojedynczych roślin tworzących odrębną próbę poddaną genotypowaniu. Analiza genetyczna została wykonana metodą DArTseq generującą dwa rodzaje markerów: SilicoDArT (markery o charakterze dominującym) oraz SNP (markery kodominujące, pozwalające na identyfikację heterozygot). Frekwencje heterozygotycznych loci wyliczono dla markerów SNP, dla których uzyskano minimum 50 informatywnych danych. Współczynniki podobieństwa genetycznego oraz dendrogramy ilustrujące relacje pomiędzy roślinami wewnątrz odmiany uzyskano metodą UPGMA w programie NTSys 2.2 wykorzystując markery SilicoDArT.

Tabela 1. Wartości współczynników podobieństwa genetycznego między roślinami wchodzącymi w skład trzynastu odmian żyta

Odmiana	Min	Max	Średnia	
			Populacyjne	Odm. Stand.
Amilo	0,73	0,78	0,74	0,011
Armand	0,68	0,84	0,72	0,018
Bosmo	0,70	0,84	0,73	0,011
D. Diament	0,68	0,84	0,76	0,032
D. Granat	0,69	0,82	0,73	0,017
Horyzo	0,73	0,79	0,73	0,009
Stanko	0,68	0,79	0,71	0,019
Vjaska	0,64	0,91	0,74	0,031
Mieszańcowe:				
Bono F1	0,78	0,99	0,85	0,017
Bono F1 (Próba 2)	0,77	0,94	0,84	0,018
Konto F1	0,75	0,99	0,81	0,018
Konto F1 (Próba 2)	0,76	0,99	0,81	0,018
Palazzo F1	0,76	0,99	0,84	0,029
Skallio F1	0,68	0,91	0,84	0,023
Skallio F1 (Próba 2)	0,71	0,99	0,84	0,031
Skakkato F1	0,67	0,91	0,83	0,038

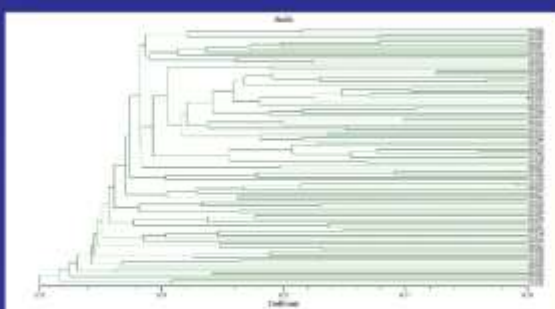
Tabela 2. Frekwencje heterozygotycznych loci w badanych odmianach żyta

Odmiana	Liczba roślin	Odsetek heterozygot w populacji			Ogólna liczba markerów
		Średnia	Odch. Stand.	Min	
Populacyjne					
Amilo	93	18,06	1,38	16,02	39334
Armand	94	18,35	2,30	16,02	3338
Bosmo	94	18,34	3,47	15,71	3636
D. Diament	94	25,77	8,46	15,66	5505
D. Granat	94	18,52	2,47	15,39	2734
Horyzo	94	18,39	0,99	17,44	4702
Stanko	94	19,07	2,01	14,25	2837
Vjaska	94	16,40	1,28	0,94	3533
Mieszańcowe					
Bono F1 (Próba 2)	94	13,39	2,56	12,22	2932
Bono F1	94	16,07	0,64	11,68	1727
Konto F1 (Próba 2)	94	16,78	1,61	14,06	2713
Konto F1	93	16,86	1,73	15,21	2587
Palazzo F1	94	17,21	1,80	14,41	2442
Skallio F1 (Próba 2)	94	17,37	1,88	11,09	2483
Skallio F1	94	14,77	1,32	9,13	2054
Skakkato F1	94	15,44	2,24	6,10	2372

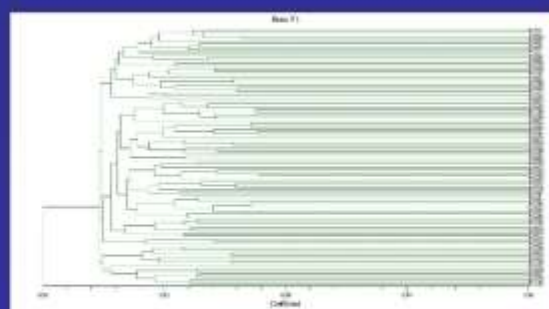
WYNIKI

W zależności od badanej próby uzyskano od 84446 do 114366 markerów SilicoDArT, które użyto do określenia współczynników podobieństwa genetycznego między roślinami wchodzącymi w skład poszczególnych odmian (tab.1). Podobieństwo genetyczne roślin tworzących odmiany populacyjne mieściło się w granicach od 0,64 do 0,94 i było nieco mniejsze od zaobserwowanego w odmianach mieszańcowych (współczynniki podobieństwa od 0,68 do 0,99). Przykładowe dendrogramy dla jednej z odmian populacyjnych i jednej mieszańcowej zaprezentowano na rysunkach 1-2.

Markery SNP posłużyły do oceny stopnia heterozygotyczności w obrębie odmian. W analizie wykorzystano wyłącznie markery, dla których liczba informatywnych danych wynosiła powyżej 50 (w zależności od badanej próby było ich od 35539 do 56477). Średni udział heterozygot w badanych odmianach mieścił się w granicach od ok. 14% do ponad 25%. Wbrew oczekiwaniom nie stwierdzono zwiększonej frekwencji heterozygot w odmianach mieszańcowych żyta w porównaniu do odmian populacyjnych. Odsetek heterozygotycznych loci dla siedmiu z ośmiu badanych odmian populacyjnych przekraczał 18%. Wszystkie odmiany mieszańcowe miały ten wskaźnik mniejszy niż 18% (tab.2).



Rys. 1 Genetyczne podobieństwo roślin odmiany Amilo ocenione przy użyciu markerów SilicoDArT



Rys. 2 Genetyczne podobieństwo roślin odmiany Bono F1 ocenione przy użyciu markerów SilicoDArT

Badania realizowane w ramach programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji rolnej (zadanie nr 87) dofinansowanego przez MRRP