

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE**z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2015 roku****A. INFORMACJE OGÓLNE**

Tytuł zadania: Efekty plejotropowe genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2* a podatność roślin jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn

Numer zadania: 88

Planowany okres realizacji zadania: **2015 r.**

Planowane nakłady w zł: 190 000,00

B. DANE WNIOSKODAWCY

Bogdan Wolko, prof. dr hab., Dyrektor Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk,

ul. Strzeszyńska 34, 60479 Poznań

Tel. 61 6550 255

Email – office@igr.poznan.pl

C. INFORMACJA O WYKONAWCACH

1. Zespół badawczy

kierownik zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Anetta Kuczyńska	dr hab.	Instytut Genetyki Roślin PAN, Zakład Biotechnologii, Poznań
Wykonawcy zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Tadeusz Adamski	prof. dr hab.	IGR PAN
Maria Surma	prof. dr hab.	IGR PAN
Halina Wiśniewska	prof. dr hab.	IGR PAN
Karolina Krystkowiak	dr	IGR PAN
Krzysztof Mikołajczak	dr	IGR PAN
Piotr Ogrodowicz	dr	IGR PAN
Renata Trzeciak	mgr	IGR PAN
Renata Holewińska	prac. techniczny	IGR PAN
Alina Anioła	prac. techniczny	IGR PAN

2. Kierownik zadania

Anetta Kuczyńska, Instytut Genetyki Roślin PAN, ul Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail : akuc@igr.poznan.pl, telefon 61- 6550224

W razie nieobecności kierownika:

Maria Surma, Instytut Genetyki Roślin PAN, ul Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
e-mail : msur@igr.poznan.pl, telefon 61- 6550241

D. OPIS ZADANIA

1. Cele zadania

Lp.	Cel	Czy cel został zrealizowany (tak/nie ¹ /częściowo ¹)
1.	Przygotowanie podłoża do uprawy roślin jęczmienia w warunkach szklarniowych; zapewnienie optymalnego składu jask i wilgotności podłoża do wysiewu materiału roślinnego.	tak
2.	Wysianie materiału roślinnego obejmującego populację RIL (składającej się ze 100 linii) wraz z formami rodzicielskimi.	tak
3.	Zebranie materiału roślinnego do izolacji DNA z 14-dniowych siewek i przygotowanie go do przechowania w temperaturze -70°C.	tak
4.	Ekstrakcja DNA z wykorzystaniem zestawu Wizard Genomic DNA Purification Kit firmy Promega.	tak
5.	Pomiar stężenia DNA w izolatach przy użyciu spektrometru NanoDrop 2000 (Thermo Scientific) i rozcieńczenie do uzyskania stężenia końcowego 50 ng/μl.	tak
6.	Przygotowanie prób do genotypowania z wykorzystaniem markerów SNP; umieszczenie prób do genotypowania na płytach służących do przechowywania i transportu DNA.	tak
7.	Genotypowanie prób będących materiałem badawczym w TraitGenetics GmbH, Am Schwabeplan 1b, 06466 Stadt Seeland OT Gatersleben, Niemcy.	tak

¹ Jeśli dotyczy – proszę opisać pod tabelą, w jakim stopniu cel został osiągnięty i podać przyczyny

2. Harmonogram realizacji zadania

Lp.	Nazwa tematu badawczego	Termin rozpoczęcia – zakończenia realizacji tematu badawczego w miesiącach od rozpoczęcia realizacji zadania *	Przewidywane koszty realizacji tematu badawczego
1	Konstrukcja zagęszczonej mapy genetycznej populacji RIL jęczmienia jarego opartej na wynikach genotypowania 100 linii z wykorzystaniem markerów SNP na platformie Illumina iSelect	12 miesięcy (1.01.2015- 30.12.2015)	190 000,00
Razem			190 000,00

* Temat badawczy, zgodnie z rozszerzonym opisem projektu, realizowany będzie również w 2016 roku. Aktualnie odbywa się genotypowanie prób DNA z wykorzystaniem markerów SNP na platformie Illumina iSelect. W 2016 roku przeprowadzone zostaną analizy statystyczne i bioinformatyczne, na podstawie których skonstruowana będzie mapa genetyczna wysycona markerami SNP, a następnie zlokalizowane zostaną QTL-e dla obserwowanych cech.

3. Opis tematów badawczych

3. 1. Temat badawczy 1

Cel tematu badawczego 1

Celem tematu jest konstrukcja mapy genetycznej jęczmienia jarego dla populacji uzyskanej z odległych genetycznie form o zróżnicowanych cechach rozwojowych oraz odporności na stresy. W pierwszym roku trwania projektu zostanie wykonana izolacja DNA populacji RIL składającej się ze 100 linii wraz z formami rodzicielskimi i właściwe przygotowanie materiału do genotypowania z wykorzystaniem markerów SNP na platformie Illumina iSelect. Badania zaplanowane na pierwszy rok trwania tematu badawczego zostały w pełni wykonane.

Materiały i metody

W projekcie materiałem badawczym są linie rekombinacyjne (RIL) jęczmienia jarego stanowiące półrodzeństwo: Lubuski \times Cam/B1/CI08887//CI0576 oraz Maresi \times Cam/B1/CI08887//CI0576 oraz około 60 odmian i rodów. Dobór komponentów do krzyżowań został oparty na wcześniejszych pracach prowadzonych przez Górnego i współautorów, w których badano tolerancję na stresy abiotyczne odmian i linii jęczmienia pochodzących z różnych rejonów geograficznych (Górny 2001, Krzemińska i Górny 2003, Górny i Ratajczak 2008).

Materiał roślinny do izolacji DNA pozyskiwany był z 14-dniowych siewek. Zebrany materiał przechowywano w temperaturze -70°C . Zamrożone fragmenty liści (ok. 40 mg) umieszczano w ciekłym azocie w moździerzu i rozcierano na proszek, a następnie przenoszono do probówek 1,5 ml. Ekstrakcja DNA odbywała się z wykorzystaniem zestawu Wizard Genomic DNA Purification Kit firmy Promega według protokołu producenta.

Celem przygotowania prób do genotypowania z wykorzystaniem markerów SNP dokonany został pomiar stężenia i analizy jakościowej DNA w izolatach przy użyciu spektrometru NanoDrop 2000 (Thermo Scientific). Próby DNA zostały następnie rozcieńczone do uzyskania stężenia końcowego 50 ng/ μl wymaganego do analiz na platformie Illumina iSelect. Analiza jakościowa ekstraktów została oprta o stopień czystości kwasów nukleinowych wynikającego ze stosunku absorbancji A260/230 oraz A260/280. Próby w objętości ≥ 20 μl umieszczono na płytkach służących do przechowywania i transportu DNA.

Genotypowanie prób, będących materiałem badawczym, wykonywane jest z wykorzystaniem 7842 markerów SNP korzystając z usługi wysokoprzepustowego genotypowania na platformie Illumina iSelect.

Wyniki

2015 rok zakończony został dostarczeniem wyników z genotypowania na platformie Illumina iSelect przez firmę wykonującą zleconą usługę. Wyniki te w kolejnym roku podlegać będą analizom bioinformatycznym.

Mierniki dla tematu badawczego 1:

Lp.	miernik ²	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1.	Izolacja DNA i przygotowanie materiału do genotypowania z wykorzystaniem markerów SNP na platformie Illumina iSelect	100 linii	100 linii

4. Mierniki dla zadania - planowana prezentacja wyników badań

Prezentacja wyników na konferencjach				
lp.	konferencja	miernik ³	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
	Nie brano udziału w konferencjach w 2015 r.			
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych				
lp.	monografia/czasopismo	miernik ⁴	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
	Brak publikacji w 2015 r.			

5. Adres, pod którym wyniki badań są dostępne na stronie internetowej wnioskodawcy:

<http://www.igr.poznan.pl/pl/dzialalnosc-naukowa/projekty-badawcze/krajowe-projekty-badawcze/ministry-of-agriculture-grants-pl/2014-2020>

² Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc.

³ Podać, czy chodzi o wykład plenarny, doniesienie konferencyjne czy poster.

⁴ Podać, czy chodzi o publikację oryginalną, czy np. polemika, list do edytora, rozdział w monografi etc.