

BŁAŻEJ HERNACKI^{1,2}
IWONA BARTKOWIAK-BRODA¹
ALEKSANDRA PIOTROWSKA¹
TERESA CEGIELSKA-TARAS¹

¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Poznaniu

² Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

Rozważania nad mapowaniem genetycznym QTL odpowiedzialnym za cechę żółtonasienności rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)*

A consideration on genetic mapping of QTL responsible for the yellow-seedness in winter rapeseed (*Brassica napus* L.)

Nasiona rzepaku żółtonasiennego zawierają mniej włókna pokarmowego, a więcej tłuszczu i białka, w porównaniu do ciemnych nasion rzepaku. Wpływa to pozytywnie na podatność nasion na tłoczenie i wartość paszową poekstrakcyjnej śruty oraz wycieków. Jednocześnie jednak pogorszeniu ulegają odporność roślin na patogeny i cechy mechaniczne nasion. Głęboka zmiana genotypu wiąże się również z obniżeniem plenności. Charakterystyka genetyczna uzyskanych w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR podwójnie ulepszonych (00) linii rzepaku ozimego żółtonasiennego pozwoli na usprawnienie i właściwe ukierunkowanie hodowli tego typu odmian. Zastosowanie markerów molekularnych sprzężonych z danymi cechami pozwala na precyzyjną selekcję pożądanych genotypów. W celu opracowania markerów sprzężonych z cechą żółtonasienności utworzono dwie populacje mapujące linii podwojonych haploidów (DH) złożone z potomstwa otrzymanego w wyniku skrzyżowania dwóch linii żółtonasiennych DH z dwoma czarnonasiennymi liniami DH. Rośliny z obu populacji liczących po około sto linii są obecnie poddawane analizom cech fenotypowych oraz mapowaniu genetycznemu. Do tego ostatniego zadania wybrano kilkadziesiąt standardowych starterów RAPD typowych dla rzepaku oraz jedenaście starterów RAPD o sekwencjach projektowanych, generujących opisane w literaturze markery sprzężone z kolorem nasion. Przeprowadzone dotąd badania wykazały iż większość z tych markerów generuje polimorficzne obrazy rozkładu produktów amplifikacji. Oprócz tego w projekcie w dalszej perspektywie planowane jest użycie trzydziestu par starterów AFLP (z czego piętnaście par generuje opisane sprzężenie z kolorem nasion), ponadto mapę genomu uzupełni również analiza za pomocą mikrosatelitów. Opracowana szczegółowa mapa genomu

*Badanie finansowane są przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, z projektu badawczego rozwojowego nr R1204703 „Rzepak żółtonasienny jako źródło białka paszowego” oraz częściowo tematu „Mapowanie genów żółtonasienności u rzepaku ozimego oraz badanie interakcji genotypów żółtonasiennych ze środowiskiem” w problemie „Postęp biologiczny w produkcji roślinnej” 4-2-01-4-02 finansowanego przez MRiRW

linii żółtonasiennych ze sprzężonymi markerami dla genów istotnych z punktu widzenia hodowli zostanie porównana z innymi mapami genetycznymi rzepaku.

Słowa kluczowe: rzepak ozimy (*Brassica napus*), żółtonasiennność, RAPD, AFLP, QTL – loci cech ilościowych, sprzężenie genetyczne, mapowanie

The yellow seeds of rapeseed contain less fibre and are characterized by higher fat and protein content than the dark seeds. These features have a positive influence on seed performance in oil pressing and on feeding value of the meal and mill cake. However, the resistance to pathogens and the values of mechanical traits are comparatively lower. Moreover, the substantial change in genotype effects in the decrease in yielding level of the yellow-seeded plants. Genetic characterization of double low (00) yellow-seeded lines obtained at the Department of Genetics and Breeding of Oilseed Crops of the Plant Breeding and Acclimatization Institute can contribute to improving the strategy of breeding of yellow-seeded varieties. The use of molecular markers linked to specific traits is a simple way to fast and precise selection of desired genotypes. For mapping and searching for markers linked to the yellow-seedness, two populations were developed from two reciprocal crossings of two yellow-seeded doubled haploid (DH) lines and two DH black-seeded lines. Plants from both populations, each consisted of about one hundred individuals, have already been analyzed phenotypically and mapped genetically. For the latter task, several dozen standard Operon RAPD primers and eleven RAPD primers, which are described in literature as generating markers linked to the colour of seeds, were chosen. The results obtained hitherto strongly suggested that the majority of the primers used generate polymorphic products of DNA amplification. In further studies it is planned to use thirty pairs of AFLP primers, fifteen of which have been described to generate markers linked to the colour of seeds. Moreover, the genome map will be supplemented by the data from analysis done using microsatellites. Such a detailed genetic map of the genome of yellow-seeded lines with markers linked to important qualitative genes will be compared with other genetic maps of oilseed rape.

Key words: winter rapeseed (*Brassica napus*), yellow-seedness, RAPD, AFLP, QTL — quantitative trait loci, genetic linkage, mapping

WSTĘP

Rzepak jest rośliną przemysłową o wzrastającym znaczeniu gospodarczym w Unii Europejskiej i świecie. Olej rzepakowy jest uznawany za jeden z najzdrowszych olejów jadalnych, a biokomponenty do oleju napędowego produkowane obecnie w krajach UE są oparte prawie wyłącznie na oleju rzepakowym. Produkty uboczne jakimi są poekstrakcyjna śruta i wytloki mogą być wykorzystane jako wartościowa pasza wysokobiałkowa o korzystnym składzie aminokwasów. Wartość nasion rzepaku dla celów spożywczych, paszowych i przemysłowych może być w dalszym ciągu poprawiana, poprzez zmniejszenie zawartości w nich włókna pokarmowego i związków polifenolowych z czym wiąże się zwiększenie zawartości tłuszczu i białka. Duża zawartość włókna i polimerów utrudnia przyswajanie białka oraz obniża wartość energetyczną śruty i wytlóków (Rashid, Rakow, 1999; Piotrowska i in., 2003; Potapov, Osipova, 2003).

Osiągnięcie tych celów może zapewnić wyhodowanie odmian żółtonasiennych, zachowujących pozytywne cechy odmian podwójnie ulepszonych („00”). Nasiona rzepaku żółtonasiennego posiadają znacznie cieńszą okrywę nasienną, z czym związana jest niższa zawartość włókna pokarmowego oraz barwników fenylopropanoidowych. Aminokwasy wykorzystywane do syntezy tych związków (szlak szikimofenyloalaninowy) kierowane są na inne drogi metaboliczne. Znacząca ilość włókna skoncentrowana jest w warstwie

palisadowej, która w przypadku nasion żółtych jest zredukowana od około połowy do dwóch trzecich swej naturalnej grubości, odpowiednio zmniejszona jest też zawartość związków polifenolowych i lignin (Rahman i in., 2001). Przez cienką, wręcz przezroczystą okrywę nasienną widoczne są liścienie zarodka, co daje efekt żółtych nasion. Redukcja grubości okrywy wpływa pozytywnie na podatność nasion na tłoczenie i wartość paszową wyłoków oraz śrutę poekstrakcyjnej. Jednocześnie jednak pogorszeniu ulegają odporność na patogeny i cechy mechaniczne nasion. Głęboka zmiana genotypu wiąże się również z obniżeniem plenności (Neubert i in., 2003; Ochodzki i in., 2003).

Formy żółtonasienne rzepaku nie występują naturalnie w przyrodzie. Jednak w obrębie rodzaju *Brassica* żółtonasienne formy występują u gatunków *B. rapa* i *B. oleracea* — uważanych za prekursorowe dla allotetraploida jakim jest rzepak. Wysoka homologia, czy wręcz identyczność poszczególnych genomów stwarza możliwość resyntezy rzepaku wydającego nasiona żółte z innych żółtonasiennych gatunków z rodzaju *Brassica* (Lydiate i in., 1999). Proste podejścia nie zawsze jednak gwarantują stabilność i wysoki stopień odziedziczalności cechy żółtonasienności. Resyntetyzowane z gatunków podstawowych linie rzepaku odbiegają jednak zazwyczaj od norm jakościowych rzepaku podwójnie ulepszanego (Rahman, 2001). Uzyskane linie celem ustabilizowania i poprawienia cechy często są poddawane dalszym krzyżowaniom z innymi żółtonasiennymi liniami lub gatunkami oraz z czarnonasiennymi formami rzepaku o wysokiej wartości cech użytkowych, aby przenieść cechę żółtonasienności do linii hodowlanych.

Podwójnie ulepszone linie żółtonasienne rzepaku ozimego uzyskane w Zakładzie Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR wykazują stabilną ekspresję genów warunkujących żółtonasienność, są oryginalnym źródłem tej cechy w stosunku do innych uzyskanych w różnych ośrodkach na świecie.

Najlepszym sposobem poznania genów i ich alleli warunkujących cechę żółtonasienności wydaje się być znalezienie odpowiednich markerów genetycznych, sprzężonych z fenotypową cechą koloru nasion dla możliwie jak największej liczby linii. W tym celu tworzy się mapy genetyczne poprzez analizę tzw. populacji mapujących — roślin potomnych w stosunku do wysoce homozygotycznych linii różniących się kolorem nasion. Trwają również prace mające na celu zmapowanie genów odpowiedzialnych za negatywne cechy związane z żółtonasiennością (Nguyen i in., 2007).

Dla poprawienia cech agronomicznych linii żółtonasiennych planuje się także tworzenie odmian mieszańcowych, w których występujący efekt heterozji zapewniłby zwiększenie plenności, a także wyprowadzenie genotypów odporniejszych na patogeny. Charakterystyka genetyczna posiadanych linii pozwoli na opracowanie schematu hodowli wspomaganą markerami molekularnymi. Wytworzenie materiałów wyjściowych do hodowli rzepaku ozimego żółtonasienności, o najbardziej pożądanym składzie biochemicznym oraz korzystnych cechach agronomicznych zostanie usprawnione i właściwie ukierunkowane, dzięki znajomości genetyki posiadanego źródła żółtonasienności oraz precyzyjnej selekcji, jaką oferuje zastosowanie sprzężonych z danymi cechami markerów molekularnych — (ang. Marker Assisted Selection — MAS).

POCHODZENIE I CHARAKTERYSTYKA ŹRÓDŁA ŻÓŁTONASIENNOŚCI

Różne gatunki z rodzaju *Brassica* posiadają różne geny determinujące cechę żółtonasienności. Doniesienia różnych autorów świadczą nie tylko o niejednorodności genetycznych źródeł żółtego koloru nasion, ale także o ilościowym i addytywnym charakterze tej cechy. Poszczególne źródła żółtonasienności są determinowane przez różną liczbę genów. Na ogół istnieje jeden lub kilka *loci* silnie ją determinujących oraz geny o mniejszym znaczeniu. Krytyczną wydaje się być konieczna obecność genów żółtonasienności na obu podwójnych genomach — przynajmniej jednego recesywnego homozygotycznego genu ze szlaku syntezy pigmentu wyłączającego ten szlak na każdym genomie (Rashid i in., 1994); w przypadku rzepaku genotypu oznaczonego jako: $A^yA^yC^yC^y$.

Badane w niniejszej pracy linie pochodzą z krzyżowań spontanicznego mutanta, znalezione w materiałach hodowlanych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego, o jaśniejszej okrywie nasiennej (prawdopodobnie z zaburzeniem biosyntezy flawonoidów), z linią jarą pochodzącą z krzyżowania *B. napus* × *B. rapa*, otrzymaną z Kanady, a pochodzącą ze Szwecji — z badań przeprowadzonych przez Olssona (linia z żółtym nakrapianiem, segregowała w silnej zależności od warunków środowiskowych — dane niepublikowane). W wyniku chowu wsobnego i selekcji otrzymano linie żółtonasienne (Piotrowska i in., 2003).

Tabela 1

Charakterystyka otrzymanych linii żółtonasiennych. Skala zabarwienia 5-żółte; 1-czarne. Średnie dla 142 linii wyselekcjonowanych w pokoleniach F₄ i F₅ mieszańców uzyskanych z krzyżowań między liniami żółto- oraz odmianami czarnonasiennymi
Characteristics of the obtained yellow-seeded lines. The colour scale: 5-yellow; 1-black. Average for 142 lines selected from F₄ and F₅ generations of hybrids between yellow-seeded lines and black-seeded varieties

Cecha Traits	Średnia Mean		Minimum linii żółtonasiennych Min. of yellow- seeded lines	Maksimum linii żółtonasiennych Max. of yellow- seed lines	Współczynnik zmienności Coefficient of variability
	wzorzec v. Lisek standard	linie lines			
Zawartość tłuszczu — Fat content (%)	45,8	50,9	44,6	54,6	4,6
Zawartość białka — Protein content (%)	17,1	19,4	16,9	22,4	6,2
Glukozynolany — Glucosinolates [µM/g nasion; seeds]	9,0	7,9	3,1	14,9	29,3
ADF — Acid detergent fibre (%)	22,1	13,0	10,3	17,7	13,1
NDF — Neutral detergent fibre (%)	28,8	19,4	16,6	25,6	9,6
Plon nasion — Yield of seeds (dt/ha)	36,8	25,5	13,3	35,7	19,7
Plon tłuszczu — Yield of oil(dt/ha)	16,8	13,1	5,9	19,3	22,5
Zabarwienie nasion Colour of seeds	czarne black	4,0	1,7	5,0	20,9
Masa 1000 nasion — 1000 seeds weight (g)	4,0	4,4	3,5	5,2	8,2

Uzyskane formy charakteryzowały się zmniejszoną plennością i zimotrwałością, przejawiały skłonność do porastania nasion w łuszczynach, ale równocześnie charaktery-

zowały się wysoką zawartością tłuszczu i białka, a niską glukozyolanów oraz nie mniejszą niż odmiany czarnonasienne podatnością na patogeny (tab. 1).

DETERMINACJA GENETYCZNA

Analiza pokoleń segregujących, uzyskanych w wyniku krzyżowania linii podwojonych haploidów (DH) żółtonasiennych i DH czarnonasiennych w układzie diallelicznym kompletnym, dała podstawę (segregacja koloru nasion) do określenia sposobu dziedziczenia cechy żółtej w analizowanych liniach. O cesze tej decyduje genotyp rośliny matecznej (kolor nasion F_1), dwie pary alleli z prawdopodobnym występowaniem zjawiska epistazy, przy czym czarny fenotyp jest dominujący (pośrednie zabarwienie nasion F_2 , stosunek 1:15 — żółte do żółto brązowych, brązowych i czarnych — w nasionach pokolenia F_3 (tab. 2). Wyjątek stanowiły dwie kombinacje (spośród 70), gdzie o żółtym zabarwieniu decydował jeden gen recesywny (Piotrowska, Krótka 2004). W obu przypadkach rodzicem czarnonasiennym były linie DH wyprowadzone z odmiany Wotan, co wobec jednorodności źródła linii żółtonasiennych, sugeruje odmienność genetyczną odmiany. Prawdopodobnie, w jednym z genomów odmiany — A, lub C występuje polimorfizm dotyczący alleli determinujących żółtonasiennosc (w postaci nie ujawniających się alleli recesywnych).

Tabela 2

Segregacja zabarwienia nasion w pokoleniu F_3 ; testowanie zgodności rozszepień dla stosunku 15:1
Skala zabarwienia 5-żółte; 1-czarne
Segregation of seed colour in F_3 generation; testing the conformity of splits for 15:1 proportion. A scale of colours: 5-yellow; 1-black

Poz. Item	Kombinacje Combinations	Zabarwienie nasion Seed colour						Suma Total	χ^2_{obl} $\chi^2_{calc.}$
		5	4	3	2	1	cz		
1	DHż 38 × DHcz	3	8	7	21	9	6	54	0,0049
2	DHż 114 × DHcz	4	3	8	15	11	11	52	0,0205
3	DHż 129 × DHcz	0	0	3	12	5	16	36	1,4519
4	DHż 134A × DHcz	2	1	3	10	2	19	37	0,0162
Suma pozycji 1-4 Total of 1-4 items		9	12	21	58	27	52	179	0,2715
5	DH H ₆ -105 × DHż	8	12	10	15	0	24	69	2,513
6	DH W-40 × DHż	0	3	0	7	15	30	55	2,6776
7	DH O-120 × DHż	6	6	17	22	0	14	65	0,5426
Suma pozycji 5-7 Total of 5-7 items		14	21	27	44	15	68	189	0,2571
Suma pozycji 1-7 Total of 1-7 items		23	33	48	102	42	120	368	0,0116

POPULACJE MAPUJĄCE

W celu opracowania markerów sprzężonych z cechą żółtonasiennosci utworzono dwie populacje mapujące linii podwojonych haploidów, złożone z potomstwa jakie otrzymano krzyżując dwie linie żółtonasienne (DHż 114, DHż 129I) z dwoma czarnonasiennymi

liniami DH H₅ 105 („00”), DH W-40 (odmiana „00” Wotan). Rośliny z obu populacji liczących po około sto linii są obecnie poddawane analizom cech fenotypowych oraz mapowaniu genetycznemu. Łącznie jest to 195 linii DH zróżnicowanych pod względem koloru nasion. Ocenione w 5-cio stopniowej skali rozłożenie koloru nasion wydawanych przez poszczególne linie jest następujące: linie o nasionach czarnych (1) do ciemnobrązowych (2) do brązowych (3) do brązowożółtych (4) do żółtych (5), jak: 60 : 48 : 37 : 32 : 18; tj. w przybliżeniu: 10 : 8 : 6 : 5 : 3.

Oprócz wizualnej oceny barwy nasion, mierzona jest ona fotometrycznie za pomocą aparatu typu colorflex. Ponadto badany jest skład biochemiczny nasion (zawartość składników pokarmowych – białka, tłuszczu i włókna) oraz mierzone są takie cechy jak: zawartość chlorofilu, masa 1000 nasion, liczba łuszczyń na roślinie i nasion w łuszczyńce, zdolność kiełkowania nasion i inne cechy, którymi różnią się poszczególne linie w obrębie populacji mapujących.

CHARAKTERYSTYKA MOLEKULARNA POPULACJI MAPUJĄCYCH

Izolację DNA za pomocą metody Doyle & Doyle (1990) przeprowadzono z materiału pobranego w podobnym stadium rozwojowym roślin (pierwszy młody listek). Po izolacji próby oceniano wstępnie na żelu agarozowym, natomiast dokładną gęstość i czystość DNA spektrofotometrycznie za pomocą nanodropu.

Tabela 3

Podsumowanie starterów RAPD sprzężonych z kolorem nasion (UBC – startery Somersa i in., 2001, Y-N90-1016, GH01, Yellow 350, 360 - linie żółtonasienne rzepaku; Apollo - odmiana czarnonasienne, Ziejie odmiana *B.juncea* - czarnonasienne)

Summary for RAPD primers linked to seed colour (UBC primers of Somers et al., 2001 primers, Y-N90-1016, GH01, Yellow 350, 360 – yellow-seeded lines; Apollo - blackseeded variety, Ziejie – blackseeded variety of *B.juncea*)

UBC primer Starter UBC	Sekwencja 5' - 3' 5' - 3' sequence	Allele Alleles
486	CCAGCATCAG	YN90-1016
365	TAGACAGAGG	Apollo
89a	GGGGGCTTGG	YN90-1016
335	TGGACCACCC	YN90-1016
88	CGGGGGATGG	Apollo
282	GGGAAAGCAG	YN90-1016
89b	GGGGGCTTGG	YN90-1016
555	GTGAACAGCA	YN90-1016
Inne specyficzne markery RAPD Other specific RAPD markers		
Li i in., 2003	ATTCGGTAGG	GH01
Yan i in., 2007	ACCCGGAAAC	Ziejie
S1129	GGGGGAGATG	Yellow 350
S1130	CTGTGTGCTC	Yellow 360

Gęstość wszystkich prób została doprowadzona do 5 ng/μl. Na tak przygotowanych ekstraktach przeprowadza się obecnie reakcje RAPD-PCR, w celu wygenerowania markerów różnicujących linie w populacjach, a jednocześnie sprzężonych z wyżej

wymienionymi cechami. Wytypowano kilkadziesiąt starterów typu Operon, powszechnie używanych w analizach genetycznych rzepaku oraz jedenaście niestandardowych, które generują markery sprzężone z żółtym kolorem nasion rzepaku. Ich przydatność została potwierdzona we wcześniejszych publikacjach (tab. 3).

Oprócz tego w projekcie w dalszej perspektywie planowane jest użycie trzydziestu par starterów AFLP, z czego kilkanaście par generuje opisane w literaturze markery sprzężone z kolorem nasion. Te ostatnie prezentuje tabela 4 (zachowane zostały powtórzenia by pokazać oryginalny zestaw użyty przez autorów). Ponadto mapę genomu uzupełni również analiza za pomocą markerów mikrosatelitarnych.

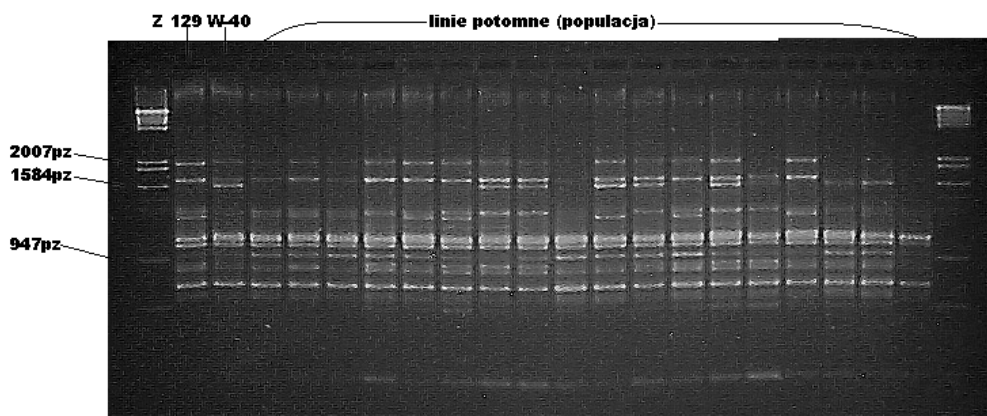
Tabela 4

Podsumowanie zestawów markerów AFLP sprzężonych z kolorem nasion
Summary for the sets of AFLP markers linked to seed colour

Yan i in., 2007	Sabharwal i in., 2004	Negi i in., 2000
1E E-AAC+M-CTA AFLP-2 350 Yellow	E-ACA _ M-CTG350 0.69 Yellow	1E E-AAC+M-CTA AFLP-2 350 Yellow
1E E-AAC+M-CTA AFLP-5 250 Brown	E-AAC _ M-CTC235 0.834 Brown	1E E-AAC+M-CTA AFLP-5 250 Brown
1F E-AAC+M-CTC AFLP-8 235 Brown	E-AAC _ M-CTA250 0.892 Brown	1F E-AAC+M-CTC AFLP-8 235 Brown
4A E-ACC+M-CAA AFLP-10 150 Yellow	E-ACA _ M-CTG200 0.925 Yellow	4A E-ACC+M-CAA AFLP-10 150 Yellow
4A E-ACC+M-CAA AFLP-14 300 Brown	E-ACC _ M-CAT200 0.942 Brown	4A E-ACC+M-CAA AFLP-14 300 Brown
4D E-ACC+M-CAT AFLP-22 250 Brown	E-ACC _ M-CTA300 0.955 Yellow	4D E-ACC+M-CAT AFLP-22 250 Brown
4E E-ACC+M-CTA AFLP-29 150 Brown	E-AAC _ M-CAC250 0.983 Yellow	4E E-ACC+M-CTA AFLP-29 150 Brown
	E-ACC _ M-CAT300 0.985 Yellow	
	E-ACC _ M-CTA150 0.987 Brown	
	E-ACC _ M-CAT150 0.99 Brown	
	E-AAC _ M-CAC200 0.991 Brown	
	E-ACC _ M-CAT180 0.991 Brown	
	E-AGC _ M-CTA180 0.992 Yellow	
	E-ACC _ M-CAT250 0.993 Brown	
	E-AGG _ M-CTA300 0.995 Brown	

OCZEKIWANE WYNIKI I DYSKUSJA

Dotychczas przeprowadzone badania z użyciem starterów RAPD ukazują w większości przypadków polimorfizm produktów amplifikacji DNA na elektroforegramach w populacjach. Tak było w przypadku sześciu z ośmiu przebadanych starterów specyficznych i dwóch z trzech starterów standardowych. Jednak zadowalającego wyniku nie udało się uzyskać przy użyciu *UBC282* postulowanego przez Somersa i wsp. (2001) jako marker o najściślejszym sprzężeniu. Nie udało się również wykazać polimorfizmu genetycznego przy użyciu markera *OPA-07*. Natomiast ewidentne sprzężenie z kolorem nasion wykazują markery generowane przez statery opracowane dla linii *GH01* (Li i in., 2003) i dla żółtonasiennej gorczyicy (*B. juncea*) — odmiany *Ziejie* (Yan i in., 2007; rys. 1). Jednak te dane wymagają jeszcze dokładnej analizy statystycznej oraz uzupełnienia danymi dotyczącymi kolejnych markerów. Następnie opracowana szczegółowa mapa genomów żółtonasiennych ze sprzężonymi markerami dla genów istotnych z punktu widzenia hodowli zostanie porównana z innymi mapami genetycznymi rzepaku.



Rys. 1. Elektroforetyczny rozdział produktów reakcji RAPD. Starter *Ziejie* (Yan i in., 2007). Zaznaczone linie rodzicielskie populacji i linie potomne. Wielkość markerów różnicujących populacje wynosi ok. 1600pz

Fig. 1. Electrophoretic distribution of RAPD reaction products. Primer *Ziejie* (Yan et al., 2007). Parental and progeny lines are indicated. The markers for differentiation among populations are about 1600 bp in length

Praca jest częścią większego projektu badawczego mającego na celu charakterystykę genetyczną linii żółtonasiennych, ocenę ich wartości użytkowej i wyprowadzenie materiałów wyjściowych do hodowli odmian komercyjnych. Uzyskane linie żółtonasienne mają wspólne pochodzenie, jednak dla zróżnicowania materiału i podniesienia plenności, a także uwolnienia od cech negatywnych, krzyżowane są z różnymi liniami czarnonasiennymi. Krzyżowanie możliwie odległych genetycznie genotypów pozwala na uzyskanie efektu heterozji (Liersch, 2006). Dokonano już analizy segregacji i dziedziczenia cechy. Charakterystyka molekularna linii i identyfikacja podstawowych genów i QTL za pomocą markerów molekularnych sprzężonych z kolorem nasion/zawartością włókna pozwoli na przeprowadzanie selekcji wspomaganą markerami molekularnymi (MAS) w dalszej hodowli i udoskonalaniu materiału. To samo dotyczy innych pożądaných genów, którym uda się przypisać sprzężenie z markerami molekularnymi. MAS wydaje się być pewną i szybką metodą w nowoczesnej hodowli, dającą możliwość wczesnego typowania roślin o pożądanym fenotypie, bez potrzeby pełnego cyklu hodowlanego. To z kolei umożliwi koncentrację wysiłków na odpowiednich obiektach.

LITERATURA

- Doyle J. J., Doyle J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13 — 15.
- Li J., Chen L., Liang Y., Ye X., Liu, L. 2003. Research and commercial application of the complete dominance yellow seeded gene in *Brassica napus* L. Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress, 6–10 July, Copenhagen, Denmark, 1: 202 — 204.
- Liersch A. 2006. Wpływ zmienności genetycznej na efekt heterozji u rzepaku ozimego (*Brassica napus* var. *oleifera*). Praca Doktorska IHAR Poznań.

- Liu Z., Fu T., Wang Y., Tu J., Chen B., Zhou Y., Ma Ch., Shan L. 2006. Development of SCAR and CAPS markers for a partially dominant yellow seed coat gene in *Brassica napus* L. *Euphytica* 149: 381 — 385.
- Lydiate D. J., Sharpe A. G., Parkin I. 1999. Collinearity and homoeologous recombination between the A and C genomes of *Brassica napus*. Proceedings of the 10th International Rapeseed Congress, 26–29 September, Canberra, Australia, 4: 1122 — 1124; CD ROM.
- Negi M. S., Devic M., Delseny M., Lakshmikumaran M. 2000. Identification of AFLP fragments linked to seed coat colour in *Brassica juncea* and conversion to a SCAR marker for rapid selection. *Theor. Appl. Genet.* 101: 146 — 152.
- Neubert A. B., Lühs W., Baetzel R., Friedt W. 2003. Influence of seed colour on seed vigour in *Brassica napus*. Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress, 6–10 July, Copenhagen, Denmark, 1: 253 — 256.
- Nguyen T., Friedt W., Snowdon R. 2007. Cloning and mapping a candidate gene for germination and seedling vigour in yellow-seeded oilseed rape. Proceedings of the 12th International Rapeseed Congress, 26–30 March, Wuhan, China, t. 2: 301 — 303.
- Ochodzki P., Piotrowska A., Soerensen J. Ch. Bjerregaard Ch., Soerensen H. 2003. Physical properties and chemical composition of whole seeds, hulls and meals of yellow-seeded rape grown in Poland. Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress, 6–10 July, Copenhagen, Denmark, 3: 705 — 708.
- Piotrowska A., Krótka K. 2004. Genetyczna analiza cechy żółtonasienności u rzepaku ozimego. XXVI Konferencja Naukowa Rośliny Oleiste, Streszczenia Poznań 27–28. 04. 2004: 52 — 53.
- Piotrowska A., Krzymański J., Bartkowiak-Broda I., Krótka K. 2003. Characteristic of yellow-seeded lines of winter rape. Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress, 6–10 July, Copenhagen, Denmark, 1: 247 — 249.
- Potapov D. A., Osipova G. M. 2003. Development of yellow seeded *Brassica napus* in Syberia. Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress 6–10 July, Copenhagen, Denmark, 1: 250 — 252.
- Rahman M. H., Joersbo M., Poulsen M. H. 2001. Development of yellow-seeded *Brassica napus* of double low quality. *Plant Breeding* 120: 473 — 478.
- Rahman M. H. 2001. Production of yellow seeded *Brassica napus* through interspecific crosses. *Plant Breeding* 120: 463 — 472.
- Rashid A., Rakow G., Downey R. K. 1994. Development of yellow-seeded *Brassica napus* through interspecific crosses. *Plant Breeding* 112: 127 — 134.
- Rashid A., Rakow G. 1999. Seed quality improvements in yellow-seeded *Brassica napus*. Proceedings of the 10th International Rapeseed Congress, 26–29 September, Canberra, Australia, 4: 1145 — 1146; CD OM.
- Sabharwal V., Negi M. S., Banga S. S., Lakshmikumaran M. 2004. Mapping of AFLP markers linked to seed coat colour *loci* in *Brassica juncea* (L.) Czern. *Theor. Appl. Genet.* 109: 160 — 166.
- Somers D. J., Rakow G., Prabhu V. K., Friesen K. R. D. 2001. Identification of a major gene and RAPD markers for yellow seed coat colour in *Brassica napus*. *Genome* 44: 1077 — 1082.
- Yan M., Liu Z., Guan Ch., Chen S., Yuan M., Liu X. 2007. Molecular markers for the seed coat in *Brassica juncea* (B3). Proceedings of the 12th International Rapeseed Congress, 26–30 March, Wuhan, China, 2: 325 — 329.