

Asocjacyjne i fizyczne mapowanie markerów związanych z opornością na fuzarium u kukurydzy, uzyskanych w wyniku sekwencjonowania nowej generacji (NGS)

Aleksandra Sobiech, Agnieszka Tomkowiak, Julia Spychała

Uniwersytet Przyrodniczy, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin Dojazd 11, 60-632, Poznań, Poland

e-mail: aleksandra.sobiech@up.poznan.pl

Na podstawie badań wykonanych w ostatnich kilku latach szacuje się, że choroby kukurydzy co roku są przyczyną strat wysokości plonu, sięgających nawet 30%. Za najgroźniejsze uważa się obecnie choroby powodowane przez grzyby z rodzaju *Fusarium*, będące głównymi sprawcami zgorzeli siewek, zgnilizny korzeni i zgorzeli podstawy łodygi, ale także najbardziej niebezpiecznej fuzariozy kolb. Wczesne porażenie roślin powoduje zdrobnienie ziarna, a także znaczne pogorszenie wartości pokarmowej oraz jakości paszy ze względu na obecność szkodliwych mikotoksyn. Wobec powyższego celem badań była identyfikacja nowych markerów typu SilicoDArT i SNP, które będzie można wykorzystać do masowej selekcji odmian odpornych na fuzarium. W skład materiału roślinnego wchodziło 186 linii wsobnych kukurydzy. Linie pochodziły z poletek doświadczalnych należących do dwóch polskich spółek hodowlanych: Hodowli Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR (51° 41' 23.16" N 17° 4' 18.241" E) oraz Małopolskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o (50° 58' 19.411" N 16° 55' 47.323" E). W wyniku sekwencjonowania nowej generacji łącznie otrzymano 81 602 markery molekularne, z których w wyniku mapowania asocjacyjnego wybrano 2 962 (321 SilicoDArT i 2 641 SNP) istotnie związanych z odpornością roślin na fuzarium. Spośród 2 962 markerów istotnie związanych z odpornością roślin na fuzarium wybrano 7 markerów (SilicoDArT, SNP), które były istotne na poziomie 0.001. Zostały wykorzystane do mapowanie fizycznego. W wyniku analiz stwierdzono, że 2 z 7 wytypowanych markerów (15097 – SilicoDArT i 58771 - SNP) są zlokalizowane wewnątrz genów, odpowiednio na chromosomach 2 i 3. Marker 15097 zakotwiczony jest w genie kodującym putrescine N-hydroxycinnamoyltransferase natomiast marker 58771 zakotwiczony jest w genie kodującym prekursor peroksydazy 72. Na podstawie danych literaturowych oba te geny mogą być związane z odpornością roślin na fuzarium. Wobec powyższego markery 15097 (SilicoDArT) i 58771 (SNP) mogą zostać wykorzystane w programach hodowlanych do selekcji linii odpornych na fuzarium.

Pracę wykonano w ramach projektu Analiza genetycznych uwarunkowań związanych z efektem heterozji oraz odpornością na fuzarium u kukurydzy (Zea mays L.) finansowanego przez MR i RW

Associative and Physical Mapping of Markers Related to *Fusarium* in Maize Resistance, obtained by Next-Generation Sequencing (NGS)

Aleksandra Sobiech, Agnieszka Tomkowiak, Julia Spychała

Department of Genetics and Plant Breeding, Poznan University of Life Sciences, Dojazd 11, 60-632 Poznan

e-mail: aleksandra.sobiech@up.poznan.pl

On the basis of studies carried out in the last few years, it is estimated that maize diseases cause yield losses of up to 30% each year. The most dangerous diseases are currently considered to be caused by fungi of the genus *Fusarium*, which are the main culprits of root rot, ear rots, stalk rot.. Early plant infection causes grain diminution, as well as a significant deterioration in nutritional value and fodder quality due to the presence of harmful mycotoxins. Therefore, the aim of the research was to identify new markers of the SilicoDArT and SNP type, which could be used for mass selection of varieties resistant to fusarium. The plant material consisted of 186 inbred maize lines. The lines came from experimental plots belonging to two Polish breeding companies: Plant Breeding Smolice Ltd., Co. Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute Group (51° 41' 23.16" N, 17° 4' 18.241" E) and Małopolska Plant Breeding Kobierzyce Ltd., Co. (50° 58' 19.411" N, 16° 55' 47.323" E). As a result of next-generation sequencing, a total of 81,602 molecular markers were obtained, of which, as a result of associative mapping, 2,962 (321 SilicoDArT and 2,641 SNP) significantly related to plant resistance to fusarium were selected. Out of 2,962 markers significantly related to plant resistance in the fusarium, seven markers (SilicoDArT, SNP) were selected, which were significant at the level of 0.001. They were used for physical mapping. As a result of the analyzes, it was found that two out of seven selected markers (15097 – SilicoDArT and 58771 – SNP) are located inside genes, on chromosomes 2 and 3, respectively. Marker 15097 is anchored to the gene encoding putrescine N-hydroxycinnamoyltransferase while marker 58771 is anchored to the gene encoding the peroxidase precursor 72. Based on the literature data, both of these genes may be associated with plant resistance to fusarium. Therefore, the markers 15097 (SilicoDArT) and 58771 (SNP) can be used in breeding programs to select lines resistant to fusarium.

This research was funded by Ministry of Agriculture and Rural Development, "Biological progress in plant production (recruitment 2020) as part of the research project "Analysis of genetic determinants of heterosis effect and fusarium resistance in maize (Zea mays L.)".