

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE  
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2023 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:

**Dr inż. Piotr Gawroński**

# Cele zadania 2023 r.

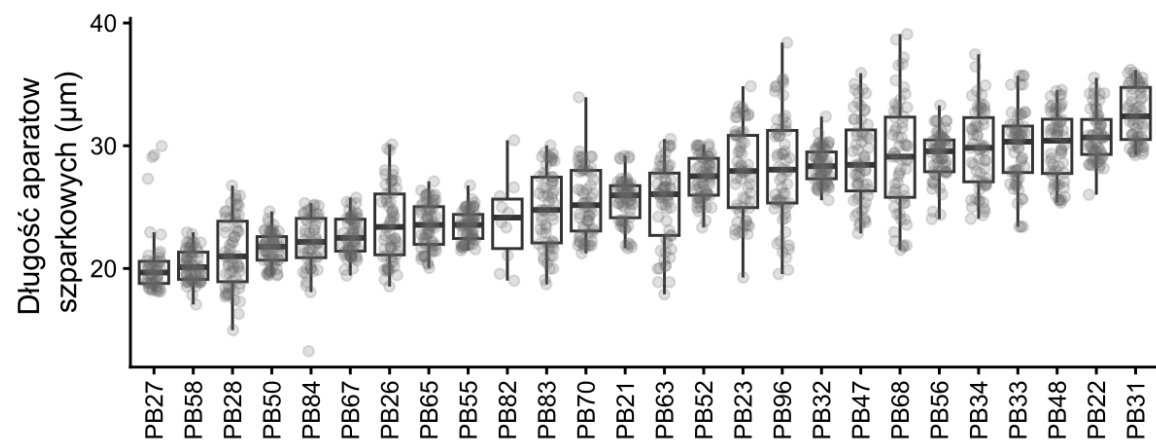
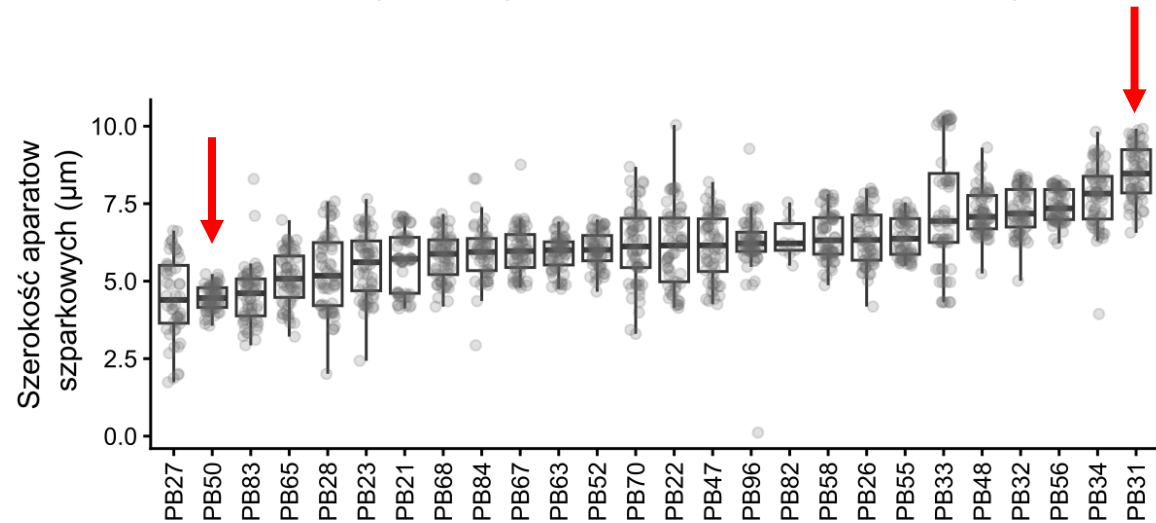
- Określenie różnic/podobieństw w komponentach żyta użytych do krzyżowań (obiektach) względem stabilnej linii referencyjnej TUR w mierzonych telemetrycznie parametrach fluorescencyjnych chlorofilu liści eksponowanych na niskie i wysokie natężenie światła na wczesnym etapie rozwoju rośliny.
- Zostaną 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

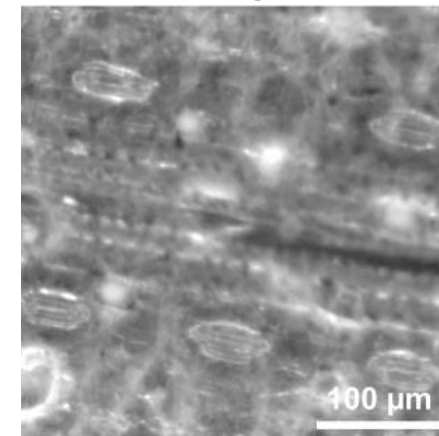
## **Wykonano pomiary 27 cech na 28 obiektach żyta**

- Pomiary modulowanej fluorescencji chlorofilu
- Biochemiczne pomiary poziomu kwasu salicylowego, nadtlenu wodoru, chlorofili i pigmentów fotosyntetycznych w liściach żyta
- Pomiary morfologiczne i plonowania
- Analiza ekspresji wybranych genów z wykorzystaniem qRT-PCR
- Analiza morfologiczna aparatów szparkowych (zamiast pomiaru wymiany gazowej)
- Statystyczne i matematyczne analizy korelacji cech

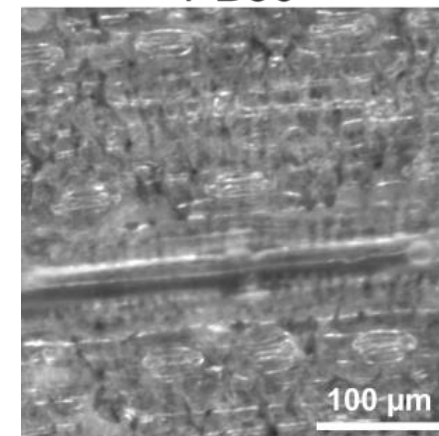
# Pomiary aparatów szparkowych



PB31



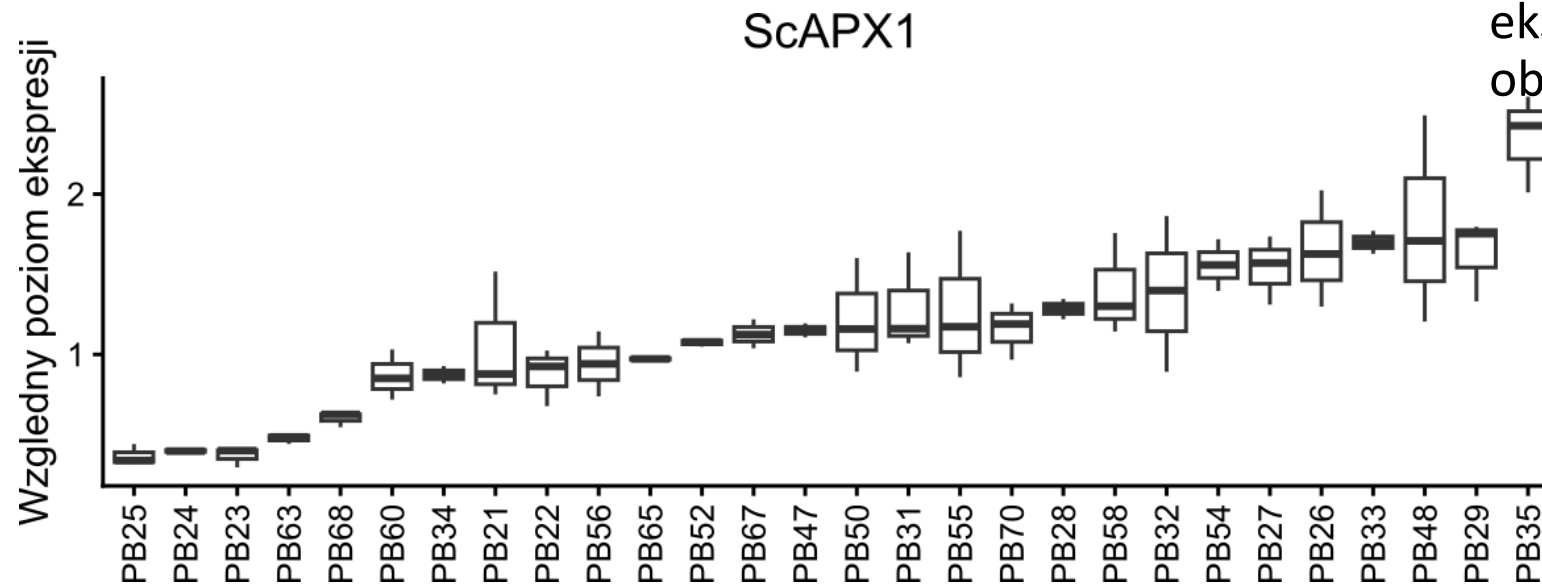
PB50



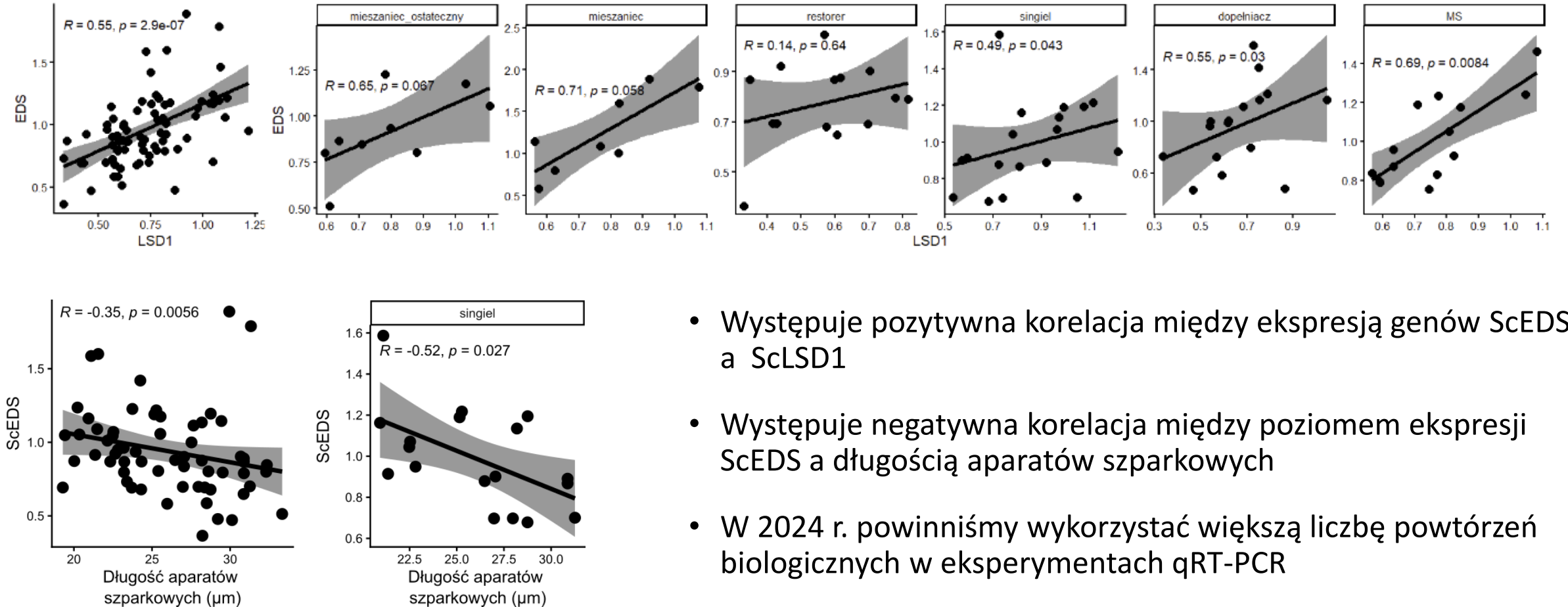
# Analiza ekspresji genów

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	ACAAGCGAATTCCTCAACAGG

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



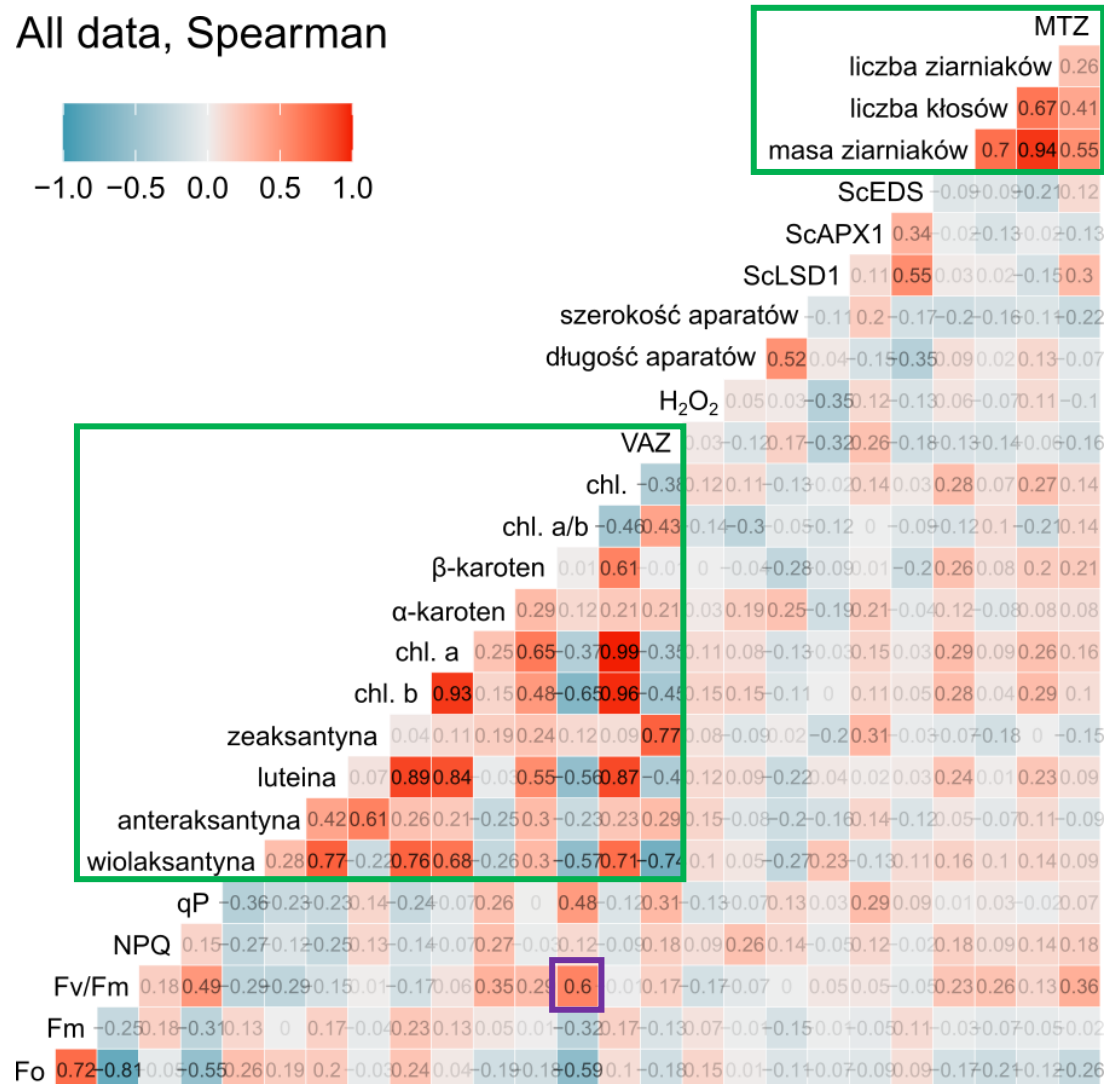
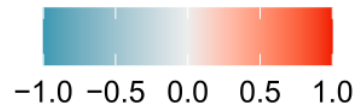
# Analiza ekspresji genów



- Występuje pozytywna korelacja między ekspresją genów ScEDS a ScLSD1
- Występuje negatywna korelacja między poziomem ekspresji ScEDS a długością aparatów szparkowych
- W 2024 r. powinniśmy wykorzystać większą liczbę powtórzeń biologicznych w eksperymentach qRT-PCR

# Analiza korelacji badanych cech

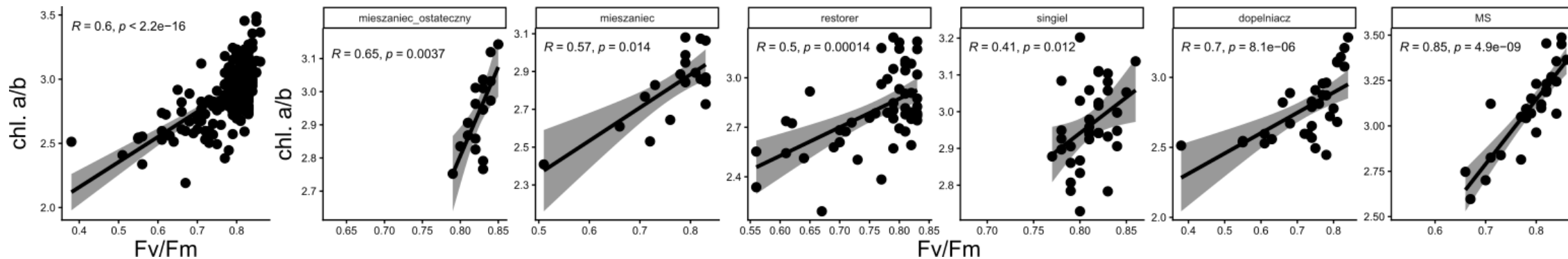
All data, Spearman



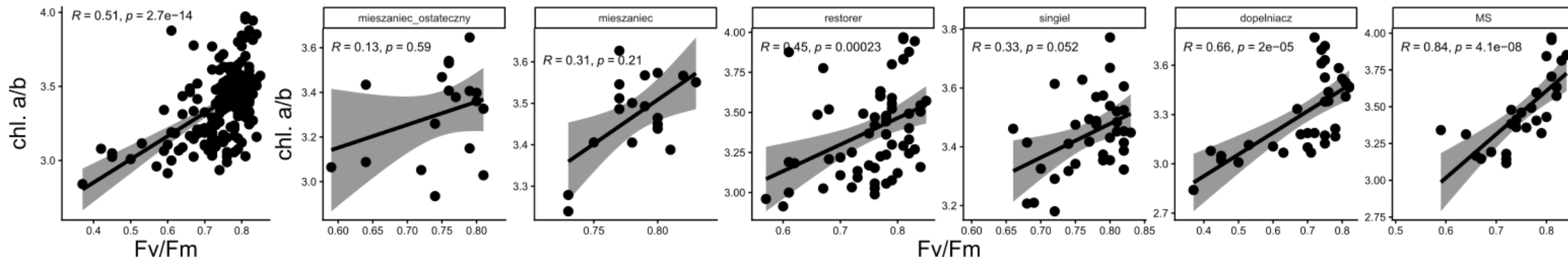
- Wykonano analizę korelacji między wszystkimi badanymi cechami (pomiar zawartości kwasu salicylowego są jeszcze wykonywane)
- Największe korelacje występują w obrębie grup badanych cech (np. barwniki fotosyntetyczne, plonowanie)
- Występują również korelacje między cechami z różnych grup (Fv/Fm i chl. a/b)

# Korelacja pomiędzy Fv/Fm a chl. a/b

2023



2022

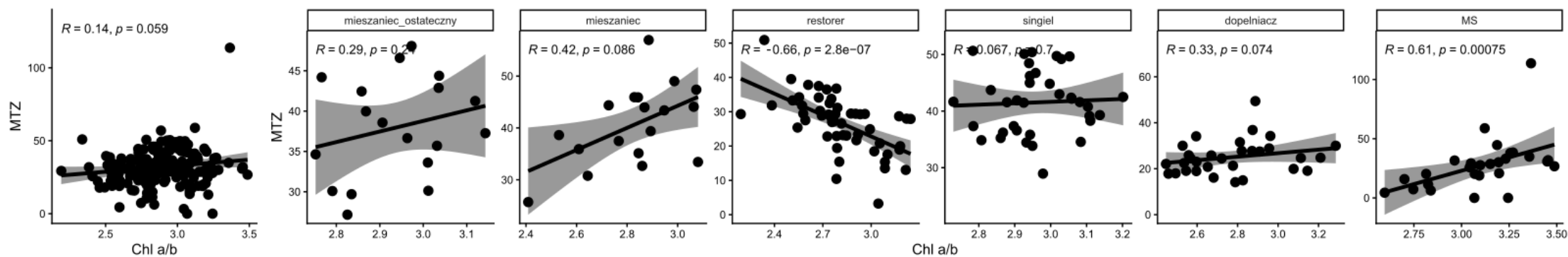


Korelacja między Fv/Fm a chl. a/b jest zachowana między dwoma latami eksperymentu

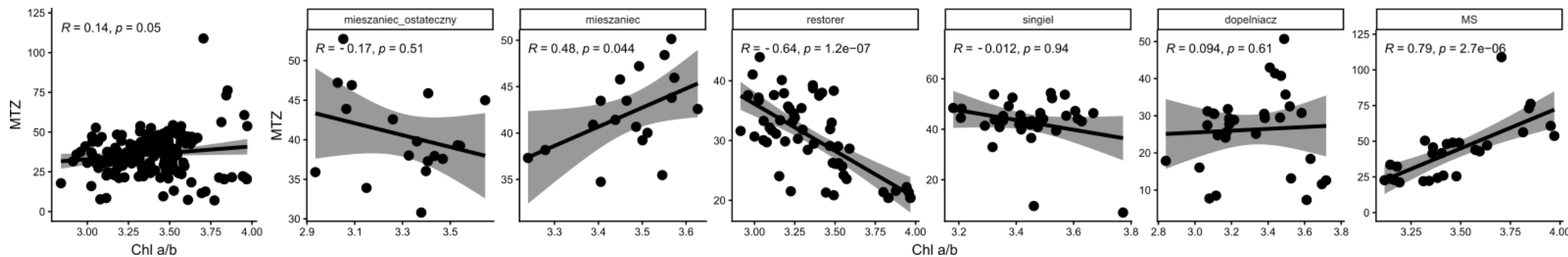


# Korelacja pomiędzy MTZ chl. a/b

2023



2022



Korelacja między MTZ a chl. a/b jest zachowana między dwoma latami eksperymentu

# Podsumowanie

- Analiza korelacji niektórych badanych cech jest powtarzalna między latami
- Sugeruje się zwiększenie liczby powtórzeń biologicznych w eksperymencie qRT-PCR do 6 w celu zwiększenia siły statystycznej prowadzonych analiz