



Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin



Analiza molekularna układów allelicznych genów wczesności oraz opracowanie i identyfikacja markerów funkcjonalnych dla genów determinacji pędu, pęknięcia strąków, cech plonotwórczych i jakościowych nasion soi

**Projekt finansowany przez MR i RW w ramach dotacji na pokrycie kosztów wykonania badań
odstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej zadanie nr 20**

Zadanie realizowane w 2022 r.

Kierownik tematu: prof. UPP dr hab. Danuta Kurasiak-Popowska

Email: danuta.kurasiak-popowska@up.poznan.pl

Wykonawcy UPP:

**prof. UPP dr hab. Jerzy Nawracała
prof. UPP dr hab. Janetta Niemann
prof. UPP dr hab. Agnieszka Tomkowiak
dr hab. Dorota Weigt
dr Wojciech Bielski**

Wykonawcy IGR:

**dr hab. Michał Książkiewicz
UP we Wrocławiu:
dr Sandra Rychel- Bielska**

Wykonawcy DANKO Hodowla Roślin Sp. z o. o.:

**dr Agnieszka Kaczmarek
Hodowla Roślin Strzelce Grupa IHAR:
dr Przemysław Matysik
mgr Piotr Stefański**

Cel zadania

W ramach zadania realizowano 4 tematy badawcze

Cel tematu badawczego 1

Celem tematu badawczego było określenie składu allelicznego materiałów kolekcyjnych (96 genotypów) soi dla sześciu genów wczesności, jednego genu zdeterminowania pędu i pęknięcia strąków

Cel tematu badawczego 2

Celem tematu było przeprowadzenie obserwacji fenotypowych 200 genotypów kolekcyjnych soi w warunkach polowych.

Cel tematu badawczego 3

Celem doświadczenia było fenotypowanie 280 genotypów soi (namnożonych w 2021 r.) w trzech lokalizacjach i 2 powtórzeniach

Cel tematu badawczego 4

Celem planowanego krzyżowania było otrzymanie nasion mieszańcowych z kombinacji krzyżowania pomiędzy genotypami o różnym typie determinacji pędu i różnym stopniu pęknięcia strąków oraz rozmnożenie pokolenia F_1 i F_2 uzyskanego w wyniku krzyżowań przeprowadzonych w roku 2021

Wszystkie cele zostały osiągnięte

Materiały roślinny i metodyka

Temat badawczy 1

Materiał

Materiałem do analiz molekularnych w temacie badawczym 1 było 96 nowych, dotychczas nie analizowanych molekularnie, genotypów soi wybranych z kolekcji Katedry Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (KG i HR) i zgromadzonych m. in. w ramach realizacji dotychczasowego zadania nr 43 oraz innych doświadczeń przeprowadzanych we współpracy z Austrią i Chinami oraz w PDO:

39 genotypów z doświadczenia, które było przeprowadzone w ubiegłych latach w Dłoni we współpracy z Austrią i Chinami, **28** genotypów z kolekcji Japanese Soybean Core Collection należącej do National Institute of Agrobiological Sciences w Japonii, **14** genotypów z kolekcji Plant Gene Resources of Canada, **7** genotypów z doświadczenia Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego w Dłoni, **6** genotypów z Soybean Germplasm Collection znajdującej się w Urbanie, należącej do USDA, a także **2** genotypy z kolekcji Leguminous Crops Genetic Resources Department z N. I. Vavilov Research Institut of Plant Industry w St. Petersburgu w Rosji.

Analizy molekularne przeprowadzono w dwóch laboratoriach – w Instytucie Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk (IGR) i Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (KG i HR). Zastosowano dwa niezależne powtórzenia biologiczne, jedno w IGR, a drugie w KG i HR

W 2022 r. wykonano analizę 31 markerów: Analizowane były wszystkie markery na geny *Dt1*, *E1*, *E2*, *E3*, *E4* i *E9*, dwa markery na gen *E10* oraz 1 marker na gen *qPHD1*.

- **7 markerów dla locus *Dt1*** (*Dt1_1*, *Dt1_2*, *Dt1_3*, *Dt1_4*, *Dt1_5*, *Dt1_6*, *Dt1_36*) -
- **3 markery dla locus *E1*** (*E1_12*, *E1_13*, *E1_37*) -
- **4 markery dla locus *E2*** (*E2_14*, *E2_15*, *E2_16*, *E2_17*)
- **4 markery dla locus *E3*** (*E3_18*, *E3_19*, *E3_20*, *E3_21*) -
- **5 markerów dla locus *E4*** (*E4_22*, *E4_23*, *E4_24*, *E4_25*, *E4_26*).
- **5 markerów dla locus *E9*** (*E9_28*, *E9_29*, *E9_30*, *E9_31*, *E9_32*).
- **2 markery dla locus *E10*** (*E10_34* i *E10_35*)
- **1 marker dla locus *qPHD1*** (*qPHD1_38*)

Badana kolekcja genotypów soi wykazała znaczne zróżnicowanie genetyczne pod względem obecności alleli genów wczesności, determinacji pędu i pęknięcia strąków. Zastosowane markery pozwoliły na ocenę składu allelicznego dla wszystkich badanych genów. W analizowanych 96 genotypach soi zidentyfikowano następujące allele:

Dominujące: *Dt1*, *Dt1 (dt1-b)*, *E1*, *E2-in*, *E3-Mi*, *E3-Ha*, *E3-Mo*, *E4*, *E9-Harosoy*, *E9-Hayahikari*, *E9-SNP#17*, *E9-indel10*, *E10*, *qPHD1(G)*

Recesywne: *dt1-tb*, *dt1-ab*, *dt1-ta*, *e1-as*, *e1-nl*, *e2*, *e3-ns*, *e3-fs*, *e3-tr*, *e4-kes*, *e4-kam*, *e4-SORE-1*, *e10-3UTRSNP*, *qPHD1(A)*.

Stwierdzono następujące zróżnicowanie alleliczne badanych 96 genotypów:

Dt1 - 87 linii posiadało allel dominujący, zaś 9 allele recesywne (5 *dt1-ab* i po 2 *dt1-tb* lub *dt1-ta*)

E1 - 7 linii posiadało allel dominujący *E1*, zaś 89 allele recesywne (63 allel *e1-as* i 26 allel *e1-nl*).

E2 - 12 linii posiadało allel dominujący *E2-in*, zaś 82 linie allel recesywny *e2*, 2 linie posiadały oba allele (dominujący i recesywny).

E3 - 35 linii posiadało allele dominujące (27 linii allel *E3-Ha*, 6 linii allel *E3-Mi*, 2 linie allel *E3-Mo*), zaś 58 linii allele recesywne (45 linii *e3-tr*, 11 linii *e3-fs* i 2 linie *e3-ns*). Trzy linie posiadały allele *E3-Ha* i *e3-fs*.

E4 - wystąpiła przewaga liczebna allela dominującego *E4* (73 linie), 17 linii miały allel recesywny *e4-SORE-1*, zaś po 1 linii allel recesywny *e4-kes* lub *e4-kam*.

E9 - wykazano występowanie kilku alleli w różnych układach, ale były to wyłącznie allele dominujące (*E9-Harosoy* – 82 linie, *E9-Hayahikari* + *E9-indel10* – 8 linii, *E9-Hayahikari* + *E9-SNP#17* + *E9-indel10* – 4 linie, *E9-Harosoy* + *E9-Hayahikari* + *E9-SNP#17* + *E9-indel10* – 2 linie)

E10 - zaobserwowano znaczną nadreprezentację allela dominującego *E10* (94 linie), natomiast 2 linie posiadały allel recesywny z regionu 3'UTR (*e10-3UTRSNP*)

qPHD1- to 17 linii posiadało dominujący allel (*G*) markera KSS-SNP5 związany z pękaniem strąków, zaś 79 linii posiadało recesywny allel (*A*) (niepęknięcie strąków)

Tabela 1. Przykładowe układy alleli genów *Dt1*, *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, *E9*, *E10* i *qPHD1* zidentyfikowane w 96 genotypach soi w 2022 r.

Linia	<i>Dt1</i>	<i>E1</i>	<i>E2</i>	<i>E3</i>	<i>E4</i>	<i>E9</i>	<i>E10</i>	<i>qPHD1</i>
G97	<i>Dt1</i>	<i>e1-as</i>	<i>e2</i>	<i>e3-tr</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G98	<i>Dt1-b</i>	<i>e1-as</i>	<i>e2</i>	<i>e3-fs</i>	<i>e4-kes</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i>	<i>E10</i>	G
G100	<i>Dt1-b</i>	<i>e1-as</i>	<i>e2</i>	<i>E3-Mi</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G101	<i>Dt1-b</i>	<i>e1-as</i>	<i>E2-in</i>	<i>e3-tr</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i>	<i>E10</i>	G
G102	<i>dt1-ab</i>	<i>E1</i>	<i>e2</i>	<i>e3-tr</i>	<i>e4-kam</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i>	<i>E10</i>	G
G103	<i>Dt1</i>	<i>e1-as</i>	<i>E2-in</i>	<i>E3-Ha</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G113	<i>dt1-ab</i>	<i>E1</i>	<i>e2</i>	<i>e3-tr</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i>	<i>E10</i>	G
G114	<i>Dt1</i>	<i>e1-as</i>	<i>E2-in</i>	<i>E3-Mo</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>e10-3UTRSNP</i>	A
G115	<i>Dt1</i>	<i>e1-as</i>	<i>E2-in</i>	<i>E3-Ha</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G119	<i>dt1-tb</i>	<i>e1-nl</i>	<i>e2</i>	<i>e3-ns</i>	<i>e4-SORE1</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i> , <i>E9-SNP#17</i>	<i>E10</i>	G
G138	<i>dt1-ab</i>	<i>e1-as</i>	<i>e2</i>	<i>e3-tr</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i>	<i>E10</i>	A
G143	<i>Dt1</i>	<i>e1-as</i>	<i>E2-in</i> , <i>e2</i>	<i>E3-Ha</i> , <i>e3-fs</i>	<i>E4</i> , <i>e4-SORE1</i>	<i>E9-Haro</i> , <i>E9-Haya</i> , <i>E9-indel10</i> , <i>E9-SNP#17</i>	<i>E10</i>	G
G150	<i>Dt1</i>	<i>E1</i>	<i>e2</i>	<i>E3-Ha</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G170	<i>Dt1</i>	<i>e1-nl</i>	<i>e2</i>	<i>E3-Ha</i>	<i>e4-SORE1</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G180	<i>Dt1</i>	<i>e1-nl</i>	<i>E2-in</i>	<i>E3-Ha</i>	<i>e4-SORE1</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A
G194	<i>Dt1-b</i>	<i>e1-as</i>	<i>e2</i>	<i>e3-fs</i>	<i>E4</i>	<i>E9-Haro</i>	<i>E10</i>	A

1. Badana w 2022 r. kolekcja genotypów soi była bardzo zróżnicowana genetycznie pod względem obecności alleli genów wczesności, determinacji pędu i pęknięcia strąków. Zastosowane markery pozwoliły na ocenę składu allelicznego dla wszystkich badanych genów.
2. W analizowanych 96 genotypach soi występuje 14 alleli dominujących: *Dt1*, *Dt1 (dt1-b)*, *E1*, *E2-in*, *E3-Mi*, *E3-Ha*, *E3-Mo*, *E4*, *E9-Harosoy*, *E9-Hayahikari*, *E9-SNP#17*, *E9-indel10*, *E10*, *qPHD1(G)* oraz 14 alleli recesywnych: *dt1-tb*, *dt1-ab*, *dt1-ta*, *e1-as*, *e1-nl*, *e2*, *e3-ns*, *e3-fs*, *e3-tr*, *e4-kes*, *e4-kam*, *e4-SORE-1*, *e10-3UTRSNP*, *qPHD1(A)*
3. W puli badanych 96 genotypów soi zidentyfikowano kilkadziesiąt różnych układów alleli genów wczesności *E1*, *E2*, *E3*, *E4*, determinacji pędu *Dt1* i pęknięcia strąków (*qPHD1*). To ogromne zróżnicowanie umożliwia analizę zależności wczesności kwitnienia i dojrzewania soi od układu alleli genów wczesności i rozpoznanie optymalnych kompozycji allelicznych warunkujących adaptację soi do występujących w Polsce warunków klimatycznych.
4. Najkorzystniejszy układ alleli, związany z wysokim plonem, to allele dominujące *Dt1*, *E3* i *E4* oraz allel recesywny *qPHD1*. Ponieważ taki układ jednocześnie warunkuje znaczną wysokość roślin i późny termin dojrzewania, może być on niekorzystny w regionach o krótszym okresie wegetacji oraz na glebach sprzyjających nadmiernemu wyleganiu roślin.
5. Zdobyta w trakcie realizacji projektu wiedza o układzie alleli oraz opracowana metodyka do analizowanych markerów umożliwi efektywną selekcję z wykorzystaniem markerów molekularnych (MAS). Jest to szczególnie ważne w bardzo zmiennych warunkach agroekologicznych w klimacie Polski, w których termin dojrzewania soi zmienia się zarówno w zależności od przebiegu pogody jak i rejonu Polski (od szerokości geograficznej).
6. Informacja o polimorfizmie markerów na geny wczesności, determinacji pędu i pęknięcia strąków w genotypach soi zgromadzona w ramach realizacji tego tematu badawczego będzie wykorzystana do mapowania asocjacyjnego zaplanowanego w kolejnych latach realizacji projektu.

Temat badawczy 2

Materiały i metody

Materiałem do obserwacji polowych było 200 genotypów soi, wybranych z kolekcji KG i HR zgromadzonej w ramach realizacji zadania nr 43 oraz innych doświadczeń, które były w 2021 i 2022 r. analizowane molekularnie.

Doświadczenie założono na polu doświadczalnym KG i HR w RGD Dłoń w 2 powtórzeniach 27.04.2022. Rozstaw rzędów 50 cm, wielkość poletka 2 m². Przeprowadzono obserwacje faz fenologicznych, morfologicznych i komponentów plonu.

Wyniki

Tabela 2. Zakres zmienności obserwowanych cech 200 genotypów soi (Dłoń, 2022)

	Długość okresu od siewu do kwitnienia	Długość okresu wegetacji	Wysokość rośliny (cm)	Wysokość osadzenia 1 strąka (cm)	Liczba pędów bocznych	Liczba strąków	Liczba nasion	Masa nasion z rośliny (g)	Liczba nasion w strąku	MTN (g)
Średnia	58,1	145	41,7	10,1	2,0	30,3	58,8	11,1	33,8	33,8
Minimum	46	103	14,8	3,8	0	7	11,8	2,6	1,3	200,5
Maximum	88	181	70,4	24,3	5,7	115,4	231,1	31,4	2,5	540,6

Wnioski

1. Nowych 200 genotypów wybranych do analiz molekularnych pod kątem układu alleli genów wczesności i determinacji pędu charakteryzowało się dużą zmiennością cech fenologicznych, morfologicznych i cech komponentów plonu.
2. Znaczne skrócenie długości okresu wegetacji w 2022 r. wynikało zarówno z bardzo wysokich temperatur w czerwcu, lipcu i sierpniu oraz aż 24 dni upalnych, jak i długich okresów niedoboru opadów. Duże zróżnicowanie długości okresu wegetacji (103 - 181 dni) umożliwia identyfikację zależności faz fenologicznych od układów alleli genów wczesności.

Temat badawczy 3

Materiały i metody: Materiałem do fenotypowania było 280 genotypów soi należących przede wszystkim do „000” lub ”00” grupy dojrzałości (MG) wybranych z kolekcji KG i HR na podstawie obserwacji przeprowadzonych w latach poprzednich również w trakcie realizacji zadań nr 43 i 105. Genotypy te zostały namnożone w RGD Dłoń w roku 2021. Wysiane zostały te genotypy, z których w 2021 r. zebrano masę nasion wystarczającą do założenia doświadczeń.

Doświadczenia zostały założone w trzech lokalizacjach: 28.04.2022w RGD Dłoń, 2.05.2022 w Szelejewie. 4.05.2022 w Strzelcach. Układ doświadczeń bloki losowane w dwóch powtórzeniach. Wielkość poletek 10 m². W czasie wegetacji przeprowadzono obserwacje fenologiczne początku kwitnienia i długości okresu wegetacji, morfologiczne: wysokości roślin (średnia 10 typowych roślin z poletka) i wysokości osadzenia pierwszego strąka (średnia 10 typowych roślin z poletka) oraz determinacji pędu, wylegania, pęknięcia strąków. Po zbiorze, na podstawie masy nasion zebranej z poletek, obliczono potencjał plonowania oraz oznaczono MTN (2 próby po 500 nasion). Odnotowano występowanie chorób i szkodników. Przeprowadzono analizy jakościowe nasion: zawartości białka i tłuszczu na posiadanych w hodowlach aparatach (NIRS i FOSS).

Wyniki: Pomiędzy trzema lokalizacjami obserwowano duże różnice w długości okresów fenologicznych, cech morfologicznych i potencjale plonowania (Tab. 3). Najwcześniej rośliny soi zakwitły i dojrzewały w Szelejewie. Zdecydowanie najwyższe rośliny obserwowano w Strzelcach, a wysokość osadzenia I strąka w Szelejewie. Najwyższe średnie plony z wszystkich genotypów zebrano w Szelejewie, ale najwyższe plony kilku genotypów były w Strzelcach. W Dłoni i Szelejewie wcale nie obserwowano wylegania, które w Strzelcach wystąpiło u dużej liczby wysokich genotypów. Pęknięcia strąków nie odnotowano.

Tabela 3. Zakres zmienności obserwowanych cech 280 genotypów soi w 3 lokalizacjach (2022 r.)

Lokalizacja	Wartość	Długość okresu od siewu do kwitnienia (dni)	Długość okresu wegetacji (dni)	Wysokość rośliny (cm)	Wysokość osadzenia 1 strąka (cm)	Wyleganie	Pęknięcie strąków	Potencjał plonowania (dt/ha)	MTN (g)
Dłoń	Minimum	48	129	19,1	4,5	3,4	3,4	4,0	64,9
	Średnia	57	152	53,0	13,8	8,6	8,9	21,6	214,5
	Maximum	76	175	88,1	23,6	9,0	9,0	44,5	304,0
Szelejewo	Minimum	43	118	44,6	7,8	3,5	8,5	11,0	99,7
	Średnia	52	146	73,6	16,2	8,4	9,0	25,8	179,4
	Maximum	62	176	112,7	31,1	9,0	9,0	44,8	247,3
Strzelce	Minimum	48	143	62,0	2,0	1,0	9,0	4,0	107,0
	Średnia	69	164	93,0	9,0	3,5	9,0	22,2	202,3
	Maximum	88	177	135,0	17,0	9,0	9,0	56,0	310,4

Wnioski:

1. Różnice w przebiegu faz fenologicznych oraz wartości prawie wszystkich obserwowanych cech pomiędzy lokalizacjami doświadczeń potwierdzają konieczność prowadzenia fenotypowania badanych genotypów przynajmniej w następnym dwóch latach.
2. Z powodu trudności ustalenia jaki typ terminacji pędu ma dany genotyp wynika, że ocena typu kończenia pędu powinna być prowadzona przez tę samą osobę.

Temat badawczy 4

Wyniki:

Krzyżowanie: W ramach tematu 4 przeprowadzono powtórnie, w szklarni w Szelejewie, krzyżowanie pomiędzy genotypami o różnym typie determinacji pędu i różnym stopniu pęknięcia strąków oraz rozmnożono pokolenia F_1 i F_2 uzyskane w wyniku krzyżowań przeprowadzonych w roku 2021. W trakcie dwóch cykli krzyżowań zapylono łącznie 418 kwiatów w 14 kombinacjach krzyżowania z których otrzymano 33 nasiona (Tab. 4). Efektywność krzyżowania wyniosła 7,9%. Jest to w przypadku soi dobra efektywność, która pozwoliła otrzymać nasiona we wszystkich 6 zaplanowanych kombinacjach krzyżowanych cech.

Tabela 4. Wyniki krzyżowania przeprowadzonego w 2022r. w DANKO Hodowla Roślin, ZHR oddz. Szelejewo

Nr kombinacji	Kombinacja	Krzyżowane genotypy	Data	Godzina	Temperatura w trakcie krzyżowania	Liczba zebranych nasion
1	S x S	Augusta x Freitag Stamm 70	6.06.22	8:07	23°C	1
2	S z Z	Freitag Stamm 70 x Heihe 43	9.06.22	6:26	24°C	2
3	S x Z	706-4-1 x Heihe 43	26.05.22	6:50	24°C	2
4	S x Z	201-8-31-6 x Heihe 43	26.05.22	7:50	20°C	1
	S x Z	201-8-31-6 x Heihe 43	24.05.22	6:45	20°C	2
	S x Z	201-8-31-6 x Heihe 43	24.05.22	7:40	20°C	1
5	Nie x P	Sakamotowase x Augusta	9.06.22	10:27	26°C	2
	Nie x P	Sakamotowase x Augusta	6.06.22	10:54	26°C	1
6	S x Z	Sakamotowase x Heihe 43	24.05.22	8:40	21°C	3
7	S x Z	Fiskeby II 14-4-3 x Heihe 43	23.05.22	6:40	26°C	2
8	Z x N	Heihe 43 x Shinsei	16.05.22	10:45	25°C	2
9	S x Z	Chabarowskaja 53 x Augusta	27.05.22	10:10	19°C	2
10	Z x N	Chabarowskaja 53 x Shinsei	19.05.22	6:35	26°C	1
11	N x S	Kirin 15 x Augusta	3.06.22	10:40	19°C	3
12	P x Nie	Kirin 15 x Shinsei	18.05.22	8:40	20°C	1
	P x Nie	Kirin 15 x Shinsei	18.05.22	6:40	20°C	3
	P x Nie	Kirin 15 x Shinsei	16.05.22	8:30	20°C	1
13	Z x S	Amurskaja 262 x 201-8-31-6	1.06.22	9:05	23°C	1
14	N x Z	Shinsei x Heihe 43	16.05.22	9:55	23°C	2

S – semizdeterminowany,
Z – zdeterminowany,
N – niezdeterminowany,
P – strąki pękające,
Nie – strąki niepękające

Rozmnożenie pokolenia F_1 i F_2 : W szklarni w Szelejewie 4 kwietnia wysiano 22 nasiona pokolenia F_1 . W lipcu zebrano nasiona (od 21 do 171) ze wszystkich roślin. Razem z roślin pokolenia F_1 zebrano 965 nasion, które następnie wysiano 4 sierpnia do multipalet. Potomstwo każdej rośliny zostało wysiane w osobnej multipalecie. Rośliny pokolenia F_2 zebrano 18 listopada. Z 916 roślin zebrano średnio 2,4 strąka i 3,9 nasiona z każdej rośliny. Razem z roślin pokolenia F_2 zebrano 3297 nasion.

Wnioski:

1. Pomimo zapewnienia w szklarni dobrych warunków krzyżowania efektywność krzyżowania wyniosła 7,91%, ale wystarczyła do otrzymania nasion we wszystkich zaplanowanych kombinacjach krzyżowania.
2. Rozmnożenie roślin pokolenia F_1 i F_2 w warunkach szklarniowych pozwoliło na otrzymanie wystarczającej liczby nasion do dalszego wyprowadzenia linii populacji mapującej, metodą SSD, z każdej kombinacji.

Podsumowanie realizacji badań w 2022 r.

Miernik zadania – stopień realizacji

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana	stopień realizacji zadania
1	2	3	4	5
temat badawczy 1				
1.1	liczba sprawdzanych markerów	31	31	1,0
1.2	liczba nowych genotypów analizowanych molekularnie	96	96	1,0
temat badawczy 2				
2	liczba obserwowanych genotypów	200	200	1,0
temat badawczy 3				
3	liczba rozmnażanych genotypów	280	280	1,0
temat badawczy 4				
4	liczba kombinacji krzyżowania	6	6	1,0
			Średnia	1,00
		% realizacji zadania		100 %