

**TADEUSZ ADAMSKI**  
**MARIA SURMA**  
**ZYGMUNT KACZMAREK**  
**ANETTA KUCZYŃSKA**  
**KRZYSZTOF MIKOŁAJCZAK**  
**MICHAŁ KEMPA**  
**PIOTR OGRODOWICZ**  
**ELŻBIETA ADAMSKA**  
**RENATA TRZECIAK**  
**ALINA ANIOŁA**  
**RENATA HOLEWIŃSKA**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań  
Kierownik Tematu: prof. dr hab. Tadeusz Adamski Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk,  
ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań; tel. 61 6550270, e-mail: tada@igr.poznan.pl

*Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.18.2018, Zadanie 3.*

## Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną

### **Studies on the effect of 1B/1R translocations on the efficiency of obtaining wheat DH lines and their technological value**

**Słowa kluczowe:** pszenica ozima, linie homozygotyczne, marker molekularne, segregacja alleli, białka gluteninowe

Celem badań wieloletnich jest stwierdzenie, czy obecne w niektórych odmianach (rodach) pszenicy translokacje 1B/1R mają wpływ na efektywność uzyskiwania form haploidalnych i linii podwojonych haploidów (DH) na drodze krzyżowania pszenicy z kukurydzą oraz na prawidłowość zachodzenia segregacji w populacjach linii DH i SSD wyprowadzonych z mieszańców form translokowanych. Na podstawie dotychczas przeprowadzonych badań stwierdzono, że mieszańce zawierające translokacje odznaczały się w większości przypadków korzystnymi wartościami parametrów związanych z efektywnością uzyskiwania form haploidalnych. Wykazano także brak wpływu efektów matecznych na efektywność otrzymywania haploidów drogą krzyżowania pszenicy z kukurydzą.

W roku 2018 badano wpływ efektów matecznych na częstość występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych w 8 populacjach linii SSD pszenicy ozimej (Temat nr 1), a także poprawność segregacji alleli wybranych markerów molekularnych w populacjach linii DH i SSD pszenicy ozimej wyprowadzonych z tej samej kombinacji krzyżówkowej (Temat nr 2). Ponadto prowadzono prace związane z określeniem związku między występowaniem translokacji 1B/1R a efektywnością otrzymywania form haploidalnych pszenicy ozimej (Temat nr 3). Materiał do badań wpływu efektów matecznych stanowiły linie SSD uzyskane z mieszańców wzajemno-przemiennych między formami zawierającymi i niezawierającymi translokacji: STH007A × Brillant\*, Brillant\* × STH007A, Brillant\* × Fidelius, Fidelius × Brillant\*, Fidelius × Palma\*, Palma\* × Fidelius, STH007A × Palma\*, Palma\* × STH007A (\* oznacza formę z translokacją). Badano łącznie 160 linii SSD. Segregację alleli wybranych markerów molekularnych analizowano w populacjach linii DH (F1DH) i SSD (SSDF5) trzech kombinacji krzyżówkowych: C15384, K16124, K16125. W obu tematach analizy molekularne linii wykonano z wykorzystaniem wybranych z literatury markerów mikrosatelitarnych związanych z ważymi z użytkowego punktu widzenia cechami, takimi jak wysokość roślin, reakcja fotoperiodyczna, długość okresu wegetacji, masa ziarna (MTZ), a także markera identyfikującego obecność translokacji. Produkty amplifikacji rozdzielono z wykorzystaniem elektroforezy kapilarnej przy użyciu analizatora genetycznego (Analizator Genetyczny DNA firmy Applied Biosystem). Ponadto określono skład wysokocząsteczkowych białek gluteninowych metodą SDS-PAGE. Segregację alleli badano za pomocą testu chi-kwadrat.

Wyniki analizy segregacji alleli markerów SSR w populacjach linii SSD (Temat nr 1) zamieszczono w tabeli 1. Spośród 8 analizowanych kombinacji krzyżówkowych w czterech obserwowano istotne zaburzenia w segregacji markera Scm9, wskazującego na obecność translokacji 1B/1R. Segregacja pozostałych markerów (z nielicznymi wyjątkami) odpowiadała oczekiwanemu stosunkowi 1:1.

Materiał do badań w ramach Tematu 3 stanowiło 12 kombinacji krzyżówkowych pokolenia F<sub>1</sub> uzyskanych ze skrzyżowania form zróżnicowanych pod względem obecności translokacji 1B/1R. Dla uzyskania informacji o wpływie translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania form haploidalnych z wykorzystaniem zjawiska eliminacji chromosomów przeprowadzono krzyżowanie pszenicy z kukurydzą. Analizowano podstawowe parametry, w tym liczbę rozrośniętych zalążni/100 zapylnych kwiatków, liczbę zarodków/100 rozrośniętych zalążni, liczbę zarodków oraz liczbę haploidów na 100 zapylnych kwiatków. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie. Na podstawie wyników uzyskanych w latach poprzednich stwierdzono, że procent haploidalnych zarodków w rozrośniętych zalążniach był istotnie wyższy w przypadku mieszańców, których jedna lub obie formy rodzicielskie posiadały translokację, niż przypadku mieszańców między formami bez translokacji. W 2018 największą efektywność mierzoną procentem uzyskanych haploidów w stosunku do zapylnych kwiatków stwierdzono również dla mieszańca zawierającego translokację pszenno-żytnią.

**Wyniki testu chi-kwadrat dotyczącego segregacji alleli wybranych loci w populacjach linii SSD z uwzględnieniem kierunku krzyżowania**

Marker	Allel (pz)	Liczba genotypów w kombinacjach krzyżówkowych							
		STH × Brillant	Brillant × STH	Brillant × Fidelius	Fidelius × Brillant	Palma × Fidelius	Fidelius × Palma	STH × Palma	Palma × STH
Scm9	206#	5	7	7	5	8	5	5	5
	-	15	13	13	15	12	12	15	14
	$\chi^2$	5,00*	1,80	1,80	5,00*	0,80	2,88	5,00*	4,26*
Xgwm261	174	10	7	18	18	19	19	9	11
	192	7	12	0	0	0	0	10	9
	$\chi^2$	0,53	1,32	-	-	-	-	0,05	0,20
Xbarc151-A	210	11	8	10	9	20	19	20	19
	224	7	10	9	8	0	0	0	0
	$\chi^2$	0,89	0,22	0,05	0,06	-	-	-	-
Xgwm382	165	18	10	5	9	10	10	20	20
	124	2	9	10	11	9	7	0	0
	$\chi^2$	12,80	0,06	1,67	0,20	0,05	0,53	-	-
Xwmc602	193	19	20	19	19	20	20	19	20
	168	0	0	0	0	0	0	0	0
	$\chi^2$	-	-	-	-	-	-	-	-
Xgwm639	154	7	10	19	19	19	19	7	8
	172	12	10	0	0	0	0	12	10
	$\chi^2$	1,32	0,00	-	-	-	-	1,32	0,06
Xgwm484	160	11	12	0	0	10	9	20	20
	162	8	8	18	18	9	8	0	0
	$\chi^2$	0,47	0,80	-	-	0,05	0,06	-	-
Xgwm257	190	0	0	10	13	20	19	8	11
	192	19	20	9	6	0	0	10	8
	$\chi^2$	-	-	0,05	2,58	-	-	0,22	0,47
Xgwm344	126	8	12	8	10	19	18	18	20
	147	11	6	9	7	0	0	0	0
	$\chi^2$	0,22	2,00	0,06	0,06	-	-	-	-
Xgwm165	178	11	7	0	0	4	7	19	20
	182	8	12	19	19	14	11	0	0
	$\chi^2$	0,47	1,32	-	-	5,56*	0,89	-	-

#allel 206 pz identyfikuje translokację;  $\chi^2_{0,05}$  — 3,84;  $\chi^2_{0,01}$  — 6,63

#### WNIOSKI

1. Obecność translokacji 1B/1R w populacjach linii SSD wytworzonych z mieszańców F<sub>1</sub> nie powodowała zaburzeń w segregacji analizowanych markerów molekularnych związanych z cechami użytkowymi.
2. W badanych populacjach linii SSD pszenicy częstość występowania form nietranslokowanych była wyższa niż zawierających translokację. Różnice te nie zawsze były jednak statystycznie istotne.
3. W większości przypadków nie stwierdzono wpływu kierunku krzyżowania form translokowanych z nietranslokowanymi w procesie otrzymywania mieszańców F<sub>1</sub>, a w dalszej kolejności z wyprowadzonych z nich populacji linii SSD na częstość występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych.

4. Stwierdzono zaburzenia w segregacji alleli markerów związanych z wernalizacją i długością okresu wegetacji w kombinacjach krzyżówkowych K16124, K16125 i C15384.
5. Segregacja alleli w *loci Glu-1* była w większości przypadków prawidłowa. Zaburzenia wystąpiły tylko w kombinacji C15384 — w liniach DH w *locus Glu-B1* i w liniach SSD w *locus Glu-A1*.