

PIOTR T. BEDNAREK**MARZENA WASIAK****AGNIESZKA NIEDZIELA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Kierownik Tematu: prof. dr hab. Piotr Bednarek Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy

Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, tel. 601827259, (22) 7334533, e-mail: p.bednarek@ihar.edu.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.802.19.2018, Zadanie 15.

Poszukiwanie markerów molekularnych genów utrzymania sterylności pyłku u pszenżyta z CMS Tt

Exploration the markers linked to the pollen sterility genes in triticale with CMS Tt

Słowa kluczowe: cytoplazmatyczna męska sterylność, pszenżyto

Cytoplazmatyczna męska sterylność (CMS) występuje u roślin wyższych i charakteryzuje się upośledzeniem w procesie wytwarzania pyłku, wynikającym z zaburzenia oddziaływań genomu mitochondrialnego i jądrowego (Schnable, Wise, 1998). CMS z *Triticum timopheevii* jest najbardziej obiecującym systemem do hodowli hybrydowej w pszenżyta. Obecnie jednak niewiele wiadomo o genach odpowiedzialnych za przywrócenie płodności pyłku i utrzymania sterylności (Warzecha i in., 2014).

CEL ZADANIA

Celem zadania jest opracowanie markerów DNA silnie sprzężonych/asocjowanych z możliwie jak najszerszym spektrum genów utrzymania sterylności pyłku u pszenżyta z CMS Tt występujących w obrębie badanych populacji RIL oraz określenie wkładu tych genów do zmienności fenotypowej.

OPIS WYNIKÓW

W ramach tematu w oparciu o markery DArTseq i silicoDArT uzyskane w wyniku genotypowania populacji RIL8: DB2 × RB2 opracowano mapę genetyczną, która składała się z 21 grup sprzężeń (849 markerów szkieletowych i 1220 redundantnych).

Najmniej liczna pod względem liczby markerów szkieletowych grupa sprzężeń składała się z 15, natomiast najliczniejsza z 81 markerów. Łącznie, wszystkie grupy sprzężeń pokrywały 2270,72 cM, przy czym średnio markery występowały co 2,67 cM. Na podstawie markerów DArTseq i silicoDArT o znanej lokalizacji chromosomowej 7 grup sprzężeń przypisano do genomu A, 7 genomu do B pszenicy oraz 7 do genomu R żyta.

Do identyfikacji QTL genów utrzymania sterylności pyłku w systemie z CMS Tt u pszenżyta wykorzystano populację mapującą RIL8: DB2 x RB2 oraz dane fenotypowe uzyskane w wyniku analizy zawiązywania ziarniaków w obrębie populacji BC1F8: DB2 x [RIL8: DB2 x RB2]. Przeprowadzono mapowanie kompozytowe, które Borwo umożliwiło identyfikację 4 QTL determinujących cechę męskiej sterylności pyłku u pszenżyta z CMS Tt w obrębie badanej populacji mapującej. Analizę wykonano przy parametrach 'Walk Speed' — 2, 'Window Size' — 2 i 'Markers' — 10. Test permutacji (1000 permutacji) wykazał istotność tych QTL, przy czym punktem odcięcia wszystkich QTL była wartość 3,7 LOD. QTL e identyfikowano w obrębie chromosomów 1B, 3B, 5B oraz 6A. Na uwagę zasługuje QTL 1 i QTL 4 ze względu na ich wysoką odziedziczalność cechy określoną na podstawie odpowiedniego markera (odpowiednio $R^2 = 0,29$ i $R^2 = 0,41$) wynoszącą odpowiednio 29 i 41,4%. Ponadto QTL e wykazują wysoką wartość LOD w miejscu maksimum funkcji LOD (QTL 1 = 15,76 i QTL 4 = 19,63).

WNIOSKI

W ramach tematu opracowano mapę genetyczną dla populacji RIL8: DB2 x RB2 o średnim pokryciu genomu (wzięto pod uwagę wyłącznie markery szkieletowe) wynoszącym jeden marker na 2,92 cM. Mimo wysycenia mapy genetycznej markerami SNP obserwowano obszary pozbawione markerów. Takie luki są wynikiem rzadkich aktów rekombinacji w niektórych obszarach genomu. Na podstawie dostępnych danych dotyczących genomu referencyjnego pszenicy oraz mapy genetycznej żyta zbudowanej na markerach DArTseq wszystkie grupy sprzężeń genomu pszenżytniego przypisano do odpowiednich chromosomów gatunku oraz określono ich orientacje od krótkiego do długiego ramienia. Interwałowe mapowanie kompozytowe (CIM) wykazało, że w obrębie populacji RIL8: DB2 x RB2 za utrzymanie sterylności pyłku mogą odpowiadać co najmniej cztery QTL, które lokalizują się na chromosomach 1B, 3B, 5B oraz 6A. Na szczególną uwagę zasługują QTL na 1B i 6A ze względu na wysoką odziedziczalność tych QTL i. Uzyskane wyniki potwierdzają wielogenowy charakter cechy i sugerują, że różne QTL e mogą występować w różnych populacjach oraz, że ich kumulacja w obrębie genotypu jest istotna dla ekspresji cechy. Mapowanie genetyczne w połączeniu z mapowaniem kompozytowym (CIM) umożliwiło identyfikację markerów silnie sprzężonych z QTL-ami badanej cechy.

LITERATURA

Schnable, P.S., Wise, R.P. 1998. The Molecular Basis of Cytoplasmic Male Sterility and Fertility Restoration. *Trends Plant Sci.* 3/5: 175 — 180.

Warzecha T., Sutkowska A., Góral H. 2014. Male sterility of triticale lines generated through recombination of triticale and rye maintainers. *Span. J. Agric. Res.* 12 (3): 1124 — 1130.

