

JUSTYNA LEŚNIEWSKA-NOWAK**MICHAŁ NOWAK****MAGDALENA SOZONIUK**

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Kierownik Tematu: dr Justyna Leśniowska-Nowak Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 15, 20-950 Lublin, tel. 81 4456625,

e-mail: justyna.lesniowska@up.lublin.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.802.9.2018, Zadanie 17.

Wytwarzanie nowych źródeł genetycznych pszenżyta w oparciu o krzyżowanie oddalone

Development of new genetic sources of triticale based on wide crosses

Słowa kluczowe: karłowatość, krzyżowanie oddalone, komponenty plonu, pszenżyto

CEL ZADANIA 1

Celem zadania 1 było uzyskanie mieszańców wstecznych (BC_1) w wyniku krzyżowania roślin pokolenia F_1 otrzymanych z krzyżowania kozińców z pszenicą oraz pszenżytem, a także uzyskanie mieszańców F_1 , gdzie genotypy z rodzaju *Aegilops* przeznaczone zostaną na formę ojcowską.

WYNIKI

Wykonano 40 kombinacji krzyżówkowych pomiędzy pszenżytem i kozińcami. We wszystkich wykonanych kombinacjach kozińców był formą ojcowską a zboże formą mateczną. Zdolność kombinacyjna została obliczona, zarówno dla form uprawnych, jak również dla kozińców. Dla pszenżyta wahała się od 0% do 21,6%, natomiast dla kozińców od 0% do 37,5%. Ponadto wykonano 30 kombinacji krzyżówkowych pomiędzy mieszańcami oddalonymi a formami uprawnymi pszenicy i pszenżyta. Mieszańce zawsze były formą mateczną. Dla każdego mieszańca oddalonego obliczono zdolność kombinacyjną w krzyżowaniach wstecznych z pszenżytem. Zdolność kombinacyjna wahała się od 0% do 20% dla mieszańców oddalonych.

WNIOSKI

- Odmiany uprawne pszenżyta mogą być z dużym powodzeniem wykorzystywane na formy mateczne w krzyżowaniach z kozieńcami.
- Gatunki z rodzaju *Aegilops*, ze względu na możliwość krzyżowania zarówno z pszenicą, jak i z pszenżytem, stanowią cenne źródło genetyczne możliwe do wykorzystania w pracach mających na celu poszerzenie zmienności genetycznej tych zbóż na drodze krzyżowań oddalonych.
- Zdolność kombinacyjna mieszańców oddalonych w krzyżowaniach wstecznych jest generalnie wyższa niż przy uzyskiwaniu mieszańców F_1 .

CEL ZADANIA 2

Celem zadania 2 była analiza wysokości oraz podstawowych elementów plonu mieszańców oddalonych F_3 z kozieńcami (tab. 1).

Tabela 1

Rośliny mieszańcowe poddawane ocenie laboratoryjnej

Kombinacja krzyżówkowa	Liczba analizowanych roślin mieszańcowych	Formy rodzicielskie	Liczba analizowanych roślin rodzicielskich
[(<i>Ae. column.</i> × <i>Poshuk</i>) × <i>Top</i>] × <i>Tomko</i> × <i>Tomko</i>	15	<i>Tomko</i>	15
[(<i>Ae. column.</i> × <i>Poshuk</i>) × <i>Top</i>] × <i>Tomko</i>	15	<i>Poshuk</i>	15
		<i>Top</i>	15

WYNIKI

Analizie poddano mieszańce oddalone uzyskane w wyniku krzyżowania kozieńca (*Aegilops columnaris*) z pszenicą po jednym i dwóch krzyżowaniach wstecznych z odmianą pszenżyta *Tomko*. Wykazano, że mieszańce BC_1 i BC_2 nie różnią się istotnie między sobą pod względem żadnej z analizowanych cech. Charakteryzują się one istotnie wyższą liczbą kłosek w kłosie głównym w porównaniu z obiema odmianami pszenicy, a także istotnie niższą liczbą ziarniaków z kłosa głównego w porównaniu z odmianą *Tomko*.

Dwukrotne krzyżowanie wsteczne wpłynęło na wzrost masy ziarniaków z kłosa głównego. Masa ziarniaków w kłosie w mieszańcu pokolenia BC_1 była istotnie niższa niż masa ziarniaków w odmianie *Tomko*. W pokoleniu BC_2 masa ta była już statystycznie taka sama jak w przypadku ‘*Tomko*’.

Zbitość kłosa mieszańców nie różniła się istotnie od pszenżyta, ale była istotnie wyższa w porównaniu z obiema odmianami pszenicy.

Mieszańce obu pokoleń wstecznych miały ponadto istotnie obniżoną płodność kłosa w stosunku do wszystkich odmian pszenicy i pszenżyta. Masa tysiąca ziarników w mieszańcach obu pokoleń nie różniła się istotnie od pszenżyta ‘*Tomko*’. Jedynie mieszańiec BC_1 wykazywał istotnie wyższą MTZ w porównaniu z pszenicą ‘*Poshuk*’.

WNIOSKI

- Krzyżowanie spowodowało zwiększenie wysokości roślin mieszańcowych w stosunku do form rodzicielskich.
- Krzyżowanie spowodowało podwyższenie MTZ w roślinach pokolenia BC₁ jak i BC₂.

CEL ZADANIA 3

Celem zadania 3 było zwiększenie wydajności uzyskiwania mieszańców międzyrodzajowych pszenicy i pszenżyta z kozieńcami poprzez zastosowanie techniki ratowania zarodków.

WYNIKI

Do rozwoju w kulturach *in vitro* przekazano 20 zarodków. Pozostałe ziarniaki zostały wysiane bezpośrednio do ziemi. Spośród wyłożonych 20 zarodków uzyskano 6 roślin (tab. 2). Daje to wydajność na poziomie 30%.

Tabela 2

Kombinacje krzyżówkowe przekazane do Embryo Rescue

Lp.	Kombinacja z pszenżytem	Liczba zarodków	Liczba roślin
1	Baltiko × Ae44	2	0
2	Baltiko × Ae52	1	0
3	Lombardo × Ae39	1	1
4	Lombardo × Ae44	3	1
5	MAH4-16 × Ae31	1	0
6	MAH4-16 × Ae18	3	1
7	Rotondo × Ae38	3	0
8	Rotondo × Ae40	1	1
9	Sekret × Ae9	2	0
10	Tomko × Ae87	1	1
11	Tomko × Ae156	2	1
		20	6

WNIOSKI

- Zastosowanie techniki ratowania zarodków umożliwiło zwiększenie wydajności uzyskiwania mieszańców międzyrodzajowych.

CEL ZADANIA 4

- Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01.
- Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT.
- Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017.

WYNIKI

Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01

- Genotypowanie populacji mapującej pozwoliło na identyfikację 10489 markerów silicoDArT, z których 4632 było polimorficzne.
- Mapowanie asocjacyjne pozwoliło na identyfikację 75 markerów związanych z wysokością rośliny.
- 9 zasocjowanych markerów zostało zmapowanych na genetycznej mapie pszenżyta (Tyrka i in., 2015).
- Markery pogrupowano w dwa regiony chromosomalne przypisane do chromosomu 5R
- Markery pogrupowano w dwa obszary chromosomalne położone w odległości około 11 cM.

Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT

W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano 37 963 markery SilicoDArT specyficzne dla roślin wczesnych, późnych oraz o pośredniej wczesności. W obrębie tych markerów zidentyfikowano 25 269 markery SNP.

Średnia wartość PIC dla wszystkich analizowanych prób wynosiła 0,269. W analizowanej populacji stwierdzono dość wysoki współczynnik heterozygotyczności, który wyniósł 0,353. Związane jest z faktem iż analizowana populacja była populacją F₂, czyli na bardzo wczesnym poziomie zaawansowania hodowlanego.

Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017

W celu potwierdzenia charakteru mieszańcowego wykorzystano 30 kombinacji starterów SRAP. W większości przypadków uzyskano monomorficzne obrazy nieumożliwiające identyfikację i potwierdzenia charakteru mieszańcowego badanych genotypów. Zidentyfikowano trzy pary starterów, które generowały wysoki poziom polimorfizmu. Umożliwiło to potwierdzenie mieszańcowości wszystkich badanych form. Para me5+em14_2 potwierdziła mieszańcowość genotypów Ae156×Torino, Ae156×Sailor oraz Ae 157×Top. Zidentyfikowano amplikony o wielkościach 130bp, 490bp i 600bp które były specyficzne dla odmiany Torino i jednocześnie występujące w mieszańcu. Dla odmiany Sailor i mieszańca Ae156×Sailor zidentyfikowano produkty o wielkości 200bp, 350bp, 420bp. Druga para starterów (me22+em15) potwierdziła charakter mieszańcowy genotypów Ae152×B124, Ae75×Sailor, Ae75×L169. Produkty specyficzne dla B124 oraz mieszańca miały wielkość 210bp, 420bp i 550bp. Dla odmiany Sailor i mieszańca zidentyfikowano 4 specyficzne amplikony: 150bp, 210bp, 550bp, 900bp. Mieszańcowość Ae75×L169 potwierdziła obecność amplikonów o wielkości 550bp i 900bp.

Trzecia para starterów me6_1+em7 potwierdziła mieszańcowość czterech genotypów. Mieszaniec o kombinacji Ae74×Astoria potwierdzony został amplikonem o wielkości 350bp, mieszaniec Ae63×Figura amplikonem 550bp. Produkty o wielkościach 350bp, 550bp, 710bp potwierdziły mieszańcowy charakter kombinacji Ae77×Lombardo. Produkty 350bp i 710bp były również specyficzne dla genotypu Ae128 × Lombardo.

W tabeli zaznaczono, które produkty występują u matki, ojca i mieszańca. Charakter mieszańcowy potwierdzają produkty występujące u form ojcowskich i mieszańca, a nie występujące u form matecznych.

WNIOSKI

Mapowanie asocjacyjne populacji CZR876/01×CZR891/01

- Mapowanie asocjacyjne przy użyciu populacji biparentalnej F2 za pomocą markerów silicoDArT umożliwiło identyfikację 75 markerów związanych z karłowatością QTL znajdującą się na chromosomie 5R z genomu pszenżyta.
- Wykorzystanie dostępnej mapy genetycznej pszenżyta zasugerowało 92 dodatkowe markery, które mogą być wartościowe dla dalszej hodowli.
- Istotne jest sprawdzenie, czy zidentyfikowane QTL (y) są dominujące lub recesywne, jeżeli mają być stosowane w programach hodowlanych, i czy warto przekształcać zidentyfikowane markery do celów MAS.
- Poziom polimorfizmu uzyskany w badaniach własnych jest wystarczający dla pewnej i wiarygodnej oceny zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta ozimego.

Analiza populacji 541×84A/2 z wykorzystaniem technologii DArT

- Poziom polimorfizmu uzyskany w badaniach własnych jest wystarczający dla pewnej i wiarygodnej oceny zróżnicowania genetycznego analizowanych form pszenżyta ozimego.

Potwierdzenie charakteru mieszańcowego roślin uzyskanych w roku 2017

- Markery SRAP okazały się przydatne w ocenie charakteru mieszańcowego badanych genotypów.

