

Sprawozdanie z realizacji projektu badawczego pt.
„Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy
oraz ich wartość technologiczną” w 2018 r.

Projekt finansowany przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi

Nr zadania 3 w załączniku nr 3

do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 lipca 2017 r. w sprawie
dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa
(Dz. U. poz. 1470)

Tadeusz Adamski, Maria Surma, Zygmunt Kaczmarek, Anetta Kuczyńska, Krzysztof
Mikołajczak, Piotr Ogrodowicz, Elżbieta Adamska, Renata Trzeciak, Alina Anioła, Renata
Holewińska

Instytut Genetyki Roślin PAN, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Celem badań wieloletnich jest stwierdzenie, czy obecne w niektórych odmianach 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 segregacji alleli w populacjach linii DH i SSD wyprowadzonych z mieszańców form translokowanych.

W 2018 roku badania prowadzono w ramach tematów: (1) Określenie częstości występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych w populacjach linii SSD z uwzględnieniem kierunku krzyżowania form translokowanych z nietranslokowanymi w procesie otrzymywania mieszańców F₁; (2) Zbadanie poprawności segregacji alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych w populacjach linii DH i SSD wyprowadzonych z mieszańców F₁ form translokowanych z nietranslokowanymi; (3) Określenie efektywności otrzymywania form haploidalnych pszenicy poprzez krzyżowanie z kukurydzą z mieszańców zróżnicowanych pod względem występowania translokacji. Ponadto rozpoczęto badania mające na celu określenie wpływu translokacji na stabilność otrzymanych linii podwojonych haploidów otrzymanych z mieszańców F₁ oraz linii uzyskanych techniką pojedynczych nasion – SSD (F₆).

Celem badań było określenie wpływu efektów matecznych na częstość występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych w ośmiu populacjach linii SSD pszenicy ozimej (Temat 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). Materiał do badań w ramach Tematu 1 stanowiły linie uzyskane z mieszańców wzajemno-przemiennych między formami zawierającymi i niezawierającymi translokacji: STH007A x Brillant*, Brillant* x STH007A, Brillant* x Fidelius, Fidelius x Brillant*, Fidelius x Palma*, Palma* x Fidelius, STH007A x Palma*, Palma* x STH007A (* oznacza formę z translokacją). Badano łącznie 160 linii SSD. Materiałem do badań w Temacie 2 były populacje linii DH (F₁DH) i SSD (SSDF₅) trzech kombinacji krzyżówkowych: C15384, K16124, K16125. Łącznie analizowano 90 linii DH i 90 linii SSD. 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 1000 ziaren (MTZ), a także markera identyfikującego obecność translokacji: Xgwm261, Xbarc151-5A, Xgwm382, Xwmc602, Xgwm639, Xgwmc522, Xgwm257, Xgwm484, Xpsp3200, Xgwm371-5d, Xgwm344, Xgwm190, Xgwm165, Scm9. DNA do analizy z użyciem markerów molekularnych izolowano za pomocą zestawu Wizard Genomic DNA Purification Kit firmy PROMEGA zgodnie z protokołem producenta. Reakcje PCR przeprowadzono przy użyciu odczynników Qiagen. Ze względu na możliwość multipleksowania reakcji PCR markery zostały wyznakowane barwnikami fluorescencyjnymi (NED, PET, VIC, 6-FAM). Elektroforezę kapilarną przeprowadzono za pomocą analizatora genetycznego DNA (Applied Biosystems). Ponadto określono skład wysokocząsteczkowych białek gluteninowych metodą SDS-PAGE. Segregację alleli badano za pomocą testu chi-kwadrat. 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. W populacjach linii DH i SSD wytworzonych z mieszańców heterozygotycznych pod względem translokacji, przeważały linie niezawierające translokacji 1B/1R. Stwierdzono zaburzenia w segregacji alleli markerów związanych z wernalizacją (Xgwm639) i długością okresu wegetacji (Xgwm484 i Xgwm257) w kombinacjach krzyżówkowych K16124, K16125 i C15384.

Materiał do badań w ramach Tematu 3 stanowiło 12 kombinacji krzyżówkowych pokolenia F1 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. 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.

Zgodnie z harmonogramem w 2018 r. rozpoczęto badania nad określeniem wpływu translokacji na stabilność linii podwojonych haploidów otrzymanych z mieszańców F1 oraz linii uzyskanych techniką pojedynczych nasion – SSD (F_6) (Temat 4). Materiał do badań stanowią trzy populacje linii DH i SSD wyprowadzone z mieszańców form translokowanych z nietranslokowanymi: W skład każdej z badanych populacji wchodzi w tej samej liczbie linie DH i SSD zawierające translokację i bez translokacji. Łącznie każde doświadczenie obejmuje 120 linii, po 40 w każdej populacji. Doświadczenia założono w czterech lokalizacjach. W każdej lokalizacji doświadczenia założono w dwóch powtórzeniach w układzie czynnikowym z zastosowaniem schematu split-blok o blokach kompletnych. Linie oceniane będą pod względem plonu i elementów jego struktury, a także parametrów technologicznych ziarna. Uzyskane dane z serii doświadczeń pozwolą na określenie wpływu translokacji na stabilność badanych linii.

