Tytuł zadania 8:**Tolerancja na stresy abiotyczne - genotypowanie pszenicy w oparciu o strategię genów kandydujących**

Kierownik zadania: prof. dr hab. Wacław Orczyk

**Streszczenie**

W roku 2019 poszerzono badania na znaczną część całej zebranej kolekcji genotypów pszenic: 1) badano polimorfizm wybranych markerów w 30 genotypach pszenic pochodzących z różnych regionów klimatyczno-glebowych oraz 2) poznano sekwencje nukleotydowe wybranych SSR-ów w 20 genotypach. Badane genotypy pszenic zawierały polimorficzne sekwencje mikrosatelitarne w obydwu regionach: w Reg23-404 oraz Reg35-404, na co wskazywał polimorfizm długości produktów amplifikacji w każdym z tych regionów analizowanym w żelu agarozowym. Amplifikacja regionów mikrosatelitarnych SSR była utrudniona, ze względu na różnice sekwencji nukleotydowej w genomie referencyjnym i genomach badanych odmian oraz obecnością tzw. trudnych do sekwencjonowania fragmentów bogatych w powtarzające się motywy AT i GC oraz w sekwencje palindromowe. Analiza wyników sekwencjonowania potwierdziła (i) obecność regionów SSR oraz (ii) polimorfizm długości tych SSR w badanych genotypach pszenic. Bardzo duża zgodność sekwencji nukleotydowych uzyskana dla praktycznie wszystkich amplikonów i badanych genotypów pszenic wskazuje, że wybrana strategia eksperymentalna pozwala uzyskać wiarygodne i wewnętrznie spójne wyniki analizy sekwencji mikrosatelitarnych w bardzo dużym i złożonym (tj. alloheksaploidalnym) genomie pszenicy.

Wykazano, że wartości wypełnienia kłosów w warunkach stresu suszy są zbieżne z charakterystyką polimorfizmu sekwencji mikrosatelitarnej (AG) w regionie Reg35-404. Region ten zlokalizowany jest w pobliżu genu lodującego inwertazę 1 pszenicy (*TaInv1*), w skafoldzie 4041295BL. Odległość genu *TaInv1* od Reg35-404 wynosi tylko 13kb co może wskazywać na pełne genetyczne sprzężenia obydwu regionów gDNA. Biorąc pod uwagę potencjalną rolę genu *TaInv1* zarówno w przebiegu mikrosporogenezy jak i tolerancji tego procesu na stres suszy, a także nasze wyniki analizy ekspresji tego genu w odmianach o skrajnej reakcji na stres suszy (wyniki w roku 2016) można przypuszczać, że polimorfizm sekwencji SSR w regionie Reg35-404 jest sprzężony z tolerancja na stres suszy w czasie mikrosporogenezy.