**Streszczenie zadania za 2020 r. w Programie Badań Podstawowych w Produkcji Roślinnej.**

**Numer zadania: 4-1-01-4-02**

**Tytuł zadania: Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy korelującej z potencjałem plonotwórczym i wybranymi cechami systemu korzeniowego.**

**Kierownik: prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk**

**Cel zadania:** Ogólnym celem tegorocznego tematu badawczego była ocena znaczników genetyczno/biochemiczno/fizjologicznych produktywności i masy korzenia w segregujących materiałach oraz kontynuowanie (trzeci rok) badań nad dziedziczeniem znaczników cech plonotwórczych oraz poszerzeniem puli genotypów w polskiej hodowli.

Realizacja tematu obejmowała: ocenę poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX5* i *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek i genów *TaCKX1, TaCKX2.1/2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach (7 dni po pyleniu = 7 DAP) wybranych 3 genotypów, 4 mieszańców pokolenia F1 oraz 24 segregujących pojedynków F2 z otrzymanych wcześniej 4 mieszańców pokolenia F1, a także 10 linii F3 wybranych z 10 pojedynków F2. Dane te były korelowane z oceną najważniejszych cech fenotypowych, masą korzenia siewek, produktywnością i innymi ważnymi cechami.

**Wyniki:**

1. Ocena poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX5* oraz *TaNAC2-5A*   
   w korzeniach siewek.

Stwierdzono istotną statystycznie korelację pomiędzy ekspresją genu *TaNAC2-5A* aekspresją genu *TaCKX1* i *TaCKX5,* która wynosiła kolejno 0,25 (p=0,028) i 0,45 (p=0,000).

1. Ocena poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1, TaCKX2.1, TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach.

Stwierdzono istotną statystycznie korelację pomiędzy ekspresją *TaCKX1* i *TaNAC2-5A,* która wynosiła 0,33 (p=0,000)*,* a także między ekspresją *TaCKX2.1* i *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A,* które kolejno wynosiły dla *TaCKX2.2* 0,72 (p=0,000), zaś dla *TaNAC2-5A* 0,34 (p=0,002) oraz pomiędzy *TaCKX2.2* a *TaNAC2-5A*, która wynosiła 0,25 (p=0,031).

1. Ocena najważniejszych cech fenotypowych jak masa korzenia siewek, produktywność   
   i innych.

Nie stwierdzono wyraźnej korelacji między masą korzenia i ekspresją genów *TaCKX5* oraz *TaNAC2-5A*. Dla genu *TaCKX1* wykazano istotną statystycznie korelację z masą korzenia wynoszącą -0,32 przy p=0,004.

**Wnioski:**

1. Istotna statystycznie, silna korelacja pomiędzy ekspresją genów *TaCKX1* i *TaNAC2-5A*, *TaCKX2.2* i *TaNAC2-5A* a także między ekspresją *TaCKX2.1* i *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach 7 DAP w fitotronie świadczy o silnej współregulacji tych genów.
2. Pozytywna korelacja pomiędzy ekspresją genu *TaCKX1* w kłosach 7 DAP oraz masą korzenia potwierdza możliwość użycia tej wartości jako miernika do oceny wzrostu korzeni siewek a tym samym prognozowania produktywności roślin.
3. Negatywna korelacja ekspresji genu *TaCKX1* w korzeniu z masą korzenia potwierdza przydatność poziomu ekspresji tego genu jako znacznika masy korzenia a tym samym produktywności.
4. Istotne, dodatnie lub ujemne korelacje genów *TaCKX1, TaCKX2.2, TaNAC2-5A*z cechami plonotwórczymi świadczą o ich udziale w produktywności.
5. Prześledzenie dziedziczenia wyznaczonych mierników produktywności (poziom ekspresji badanych genów oraz aktywności enzymu CKX) potwierdza ich przydatność do wykorzystania w programach hodowlanych.