

Streszczenie zadania 5 w Programie Badań Podstawowych w Produkcji Roślinnej za 2018 r.

4-1-01-4-02: „Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy korelującej z potencjałem plonotwórczym i wybranymi cechami systemu korzeniowego.” (prof. dr hab. Anna Nadolska-Orczyk).

Cel zadania:

1. Zadanie obejmowało 1 temat:

Celem zadania w 2018 była ocena dziedziczenia znaczników genetyczno/biochemiczno/fizjologicznych produktywności i masy korzenia w przekazanych przez hodowców genotypach/materiałach hodowlanych i poszerzenie puli charakteryzowanych genotypów (ocena minimum 6 F₁; poszerzenie puli genotypów - minimum 10).

Wyniki i dyskusja:

Realizacja tematu obejmowała: wytypowanie na podstawie informacji od hodowców kolejnego zestawu 10 genotypów pszenicy do badań. W wytypowanych genotypach oceniono poziom ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX6* i *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek oraz genu *TaCKX1* w dojrzewających kłosach (7 dni po pyleniu = 7 DAP). Następnie wykonano pomiar aktywności enzymu CKX w próbkach poddawanych analizie ekspresji genów *TaCKX*. Oceniono również poziom ekspresji względnej genów *TaCKX2.1* oraz *TaCKX2.2* w kłosach 30 genotypów analizowanych w poprzednim roku. Dane te były korelowane z oceną najważniejszych cech fenotypowych, masą korzenia 5-dniowych siewek, produktywnością i innymi ważnymi cechami w celu doboru odpowiednich genotypów do dalszych krzyżowań niezbędnych do oceny min. 6 pokoleń F₁.

W wyniku oceny poziomu ekspresji względnej genu *TaCKX1* w dojrzewających kłosach badanych genotypów nie stwierdzono istotnej korelacji pomiędzy ekspresją tego genu w kłosach zebranych z pola i w kłosach pochodzących z fitotronu. Wyniki poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX6* w korzeniach siewek były bardzo niskie; znacznie wyższe wartości uzyskano dla genu *TaNAC2-5A* w korzeniu badanych rodów i odmian pochodzących z hodowli Strzelce oraz 6 pokoleń F₁. Stwierdzono silną i istotną statystycznie korelację pomiędzy ekspresją genu *TaNAC2-5A* oraz ekspresją genów *TaCKX1* i *TaCKX6*, a także dla *TaCKX1* z *TaCKX6*. Wskazano na wystąpienie pozytywnych korelacji ekspresji tych genów z niektórymi cechami plonotwórczymi jak masa korzenia (z ekspresją *TaCKX1*) czy też produktywność (z ekspresją *TaCKX6*). W wyniku pomiaru aktywności enzymu CKX w kłosach 7 DAP próbek poddawanych analizie ekspresji genu *TaCKX1* stwierdzono istotną statystycznie korelację między ekspresją badanego genu a aktywnością jedynie dla materiałów hodowlanych pochodzących z jednej HR, rosnących tylko w fitotronie. Korelacja nie występowała między aktywnością enzymu CKX a ekspresją genów *TaCKX1*, *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniu. Z tego wynika, że znacznik pomiaru aktywności nie może być miernikiem produktywności. Nie było wyraźnej korelacji pomiędzy masą korzenia z 5-dniowych siewek i ekspresją badanych genów *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A*. Stwierdzono natomiast korelację ekspresji genu *TaCKX1* z masą korzenia z 5-dniowej siewki. Wykonano dalsze 3 krzyżowania rodziców o znanych parametrach ekspresji testowanych genów, aktywności enzymu CKX oraz danych morfometrycznych w celu przeprowadzenia oceny dziedziczenia tych cech. Wykazano istotną korelację między ekspresją genów *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* w kłosach 7 DAP 12 rodów i odmian z HR Strzelce zebranych z pola (Kończewice). Nie stwierdzono istotnej korelacji między ekspresją tych genów dla badanych genotypów rosnących w fitotronie. Te różnice korelacji na polu i w fitotronie świadczą o wpływie środowiska na ekspresję obydwu genów.

2. **Podsumowanie i wnioski:**

1. Brak istotnej korelacji pomiędzy ekspresją genu *TaCKX1* w kłosach zebranych z pola i w kłosach pochodzących z fitotronu świadczy o wpływie środowiska na ekspresję tego genu.
2. Istotna statystycznie, silna korelacja pomiędzy ekspresją genów *TaCKX1*, *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek wskazuje na silną koregulację tych genów.
3. Korelacja ekspresji genu *TaCKX1* z masą korzenia z 5-dniowej siewki świadczy o możliwości użycia tego miernika do oceny wzrostu korzeni siewek a tym samym prognozowania produktywności roślin.
4. Brak korelacji między aktywnością enzymu CKX a ekspresją genów *TaCKX1*, *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniach oraz pozytywna korelacja pomiaru aktywności enzymu CKX w kłosach 7 DAP próbek

pochodzących tylko z fitotronu jednej hodowli wskazuje na brak możliwości użycia pomiaru aktywności jako markera produktywności.

5. Korelacje ekspresji genów *TaCKX1* i *TaCKX6* w korzeniu z niektórymi cechami plonotwórczymi wskazują, że mogą one być przydatne jako znaczniki masy korzenia (ekspresja *TaCKX1*) czy też produktywności (ekspresja *TaCKX6*).
6. Silna, istotna statystycznie korelacja między ekspresją genów *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* w kłosach 7 DAP 12 rodów i odmian z HR Strzelce pochodzących z pola oraz brak istotnej korelacji między tymi genami w badanych genotypach z fitotronu świadczy o silnej współpracy tych genów w środowisku.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Analiza funkcji genów *CKX* u zbóż umożliwi wybór markerów ważnych agronomicznie cech i śledzenie ich w procesach hodowlanych.

Krótką informacją o wynikach współpracy naukowo-technicznej krajowej i z zagranicą (przy współpracy z zagranicą podać kraj, firmę, temat). Współpraca z Hodowlą Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR – wybór materiałów do badań i opis faz kwitnienia roślin.

Wykaz prac opublikowanych w roku sprawozdawczym:

Wykład: Barchacka K., Boczkowska M., Ogonowska H., Orczyk W., NADOLSKA-ORCZYK A. 2018.

How *TaCKX* family genes cooperate in regulation of growth and productivity of common wheat?. Abstract *In vitro* Cellular and Developmental Biology, 14th Congress of the IAPB, Dublin, Ireland, 19-24 sierpnia, Vol. 54, pp. S32 (wykład)