



Mapowanie ilościowe genów utrzymania sterylności pyłku u pszenżyta z cms Tt

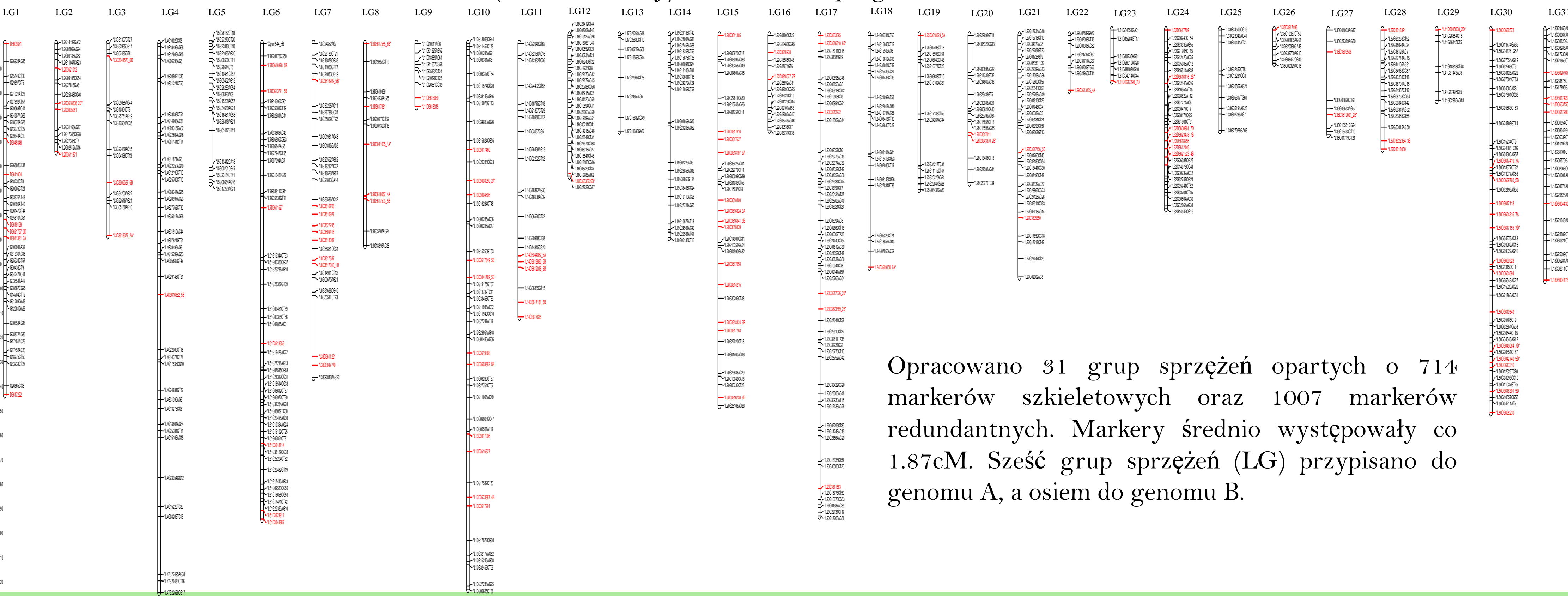
Weronika Jarska¹, Henryk Woś², Barbara Woś², Agnieszka Niedziela¹, Katarzyna Ogórek¹, Piotr T. Bednarek¹

¹Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

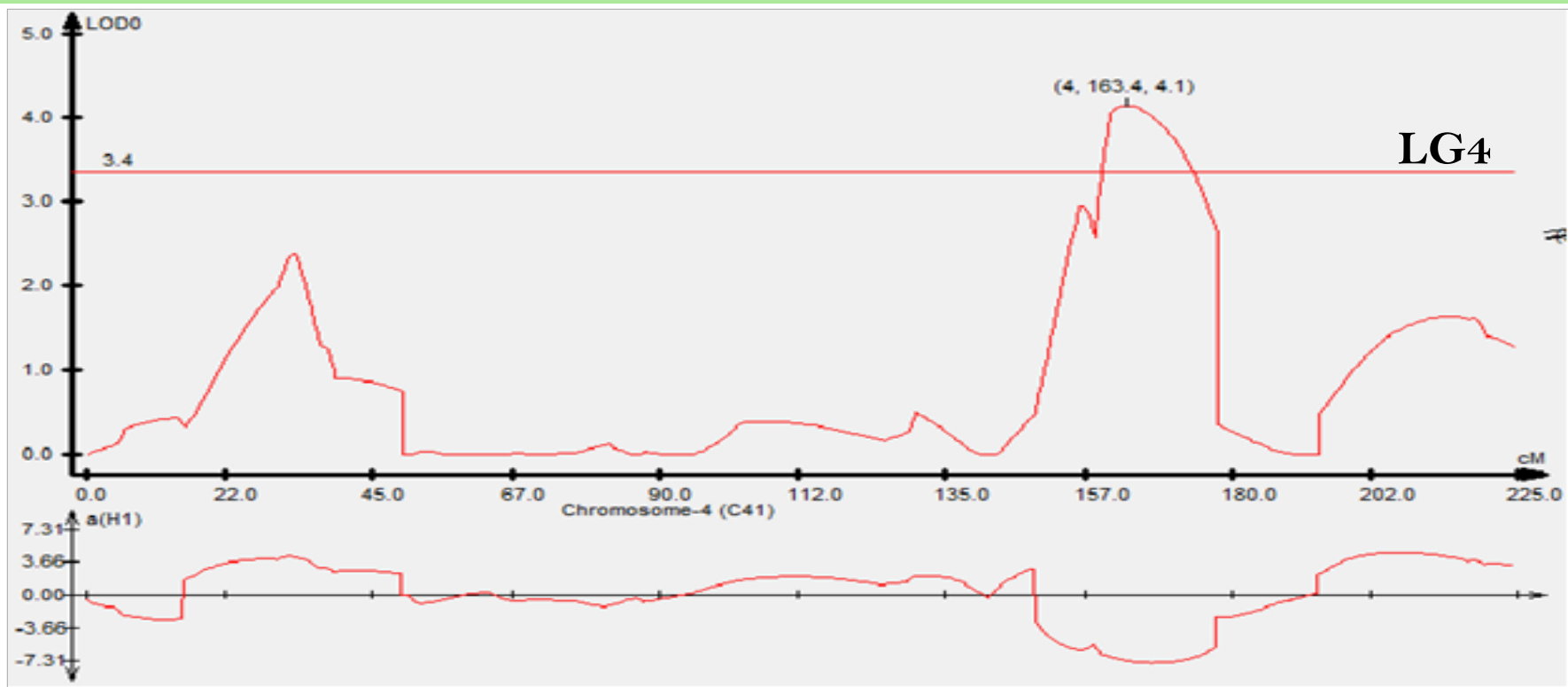
²Hodowla Roślin -Strzelce, Oddział Borowo

Zjawisko cytoplazmatycznej męskiej sterylności (cms) pyłku jest od dawna wykorzystywane w hodowli roślin, pomimo, że jego natura w przypadku wielu gatunków wciąż nie jest dobrze poznana. Podobnie jest w przypadku pszenżyta, gdzie w hodowli heterozyznej wykorzystywana jest cytoplazma sterylizująca *T. timopheevi* (Tt). Cms Tt u pszenżyta jest warunkowana licznymi genami lokalizującymi się na szeregu chromosomach genomu. Geny te odpowiadają za niewielki poziom zmienności cechy. Koniecznym jest podjęcie działań umożliwiających identyfikację markerów silnie sprzężonych z tymi genami. Taką możliwość zdają się zapewniać markery DArTseq (ang. Diversity Arrays Technology) dostosowane do nowoczesnych platform sekwencjonowania nowej generacji oraz GBS (ang. Genotyping by Sequencing).

Mapowanie genetyczne wykonano dla populacji RIL4: MS 114(5)-2-1 dop. x Borwo w oparciu o markery GBS (kolor czarny) oraz DArTseq (kolor czerwony). Zastosowano program MultiPoint.

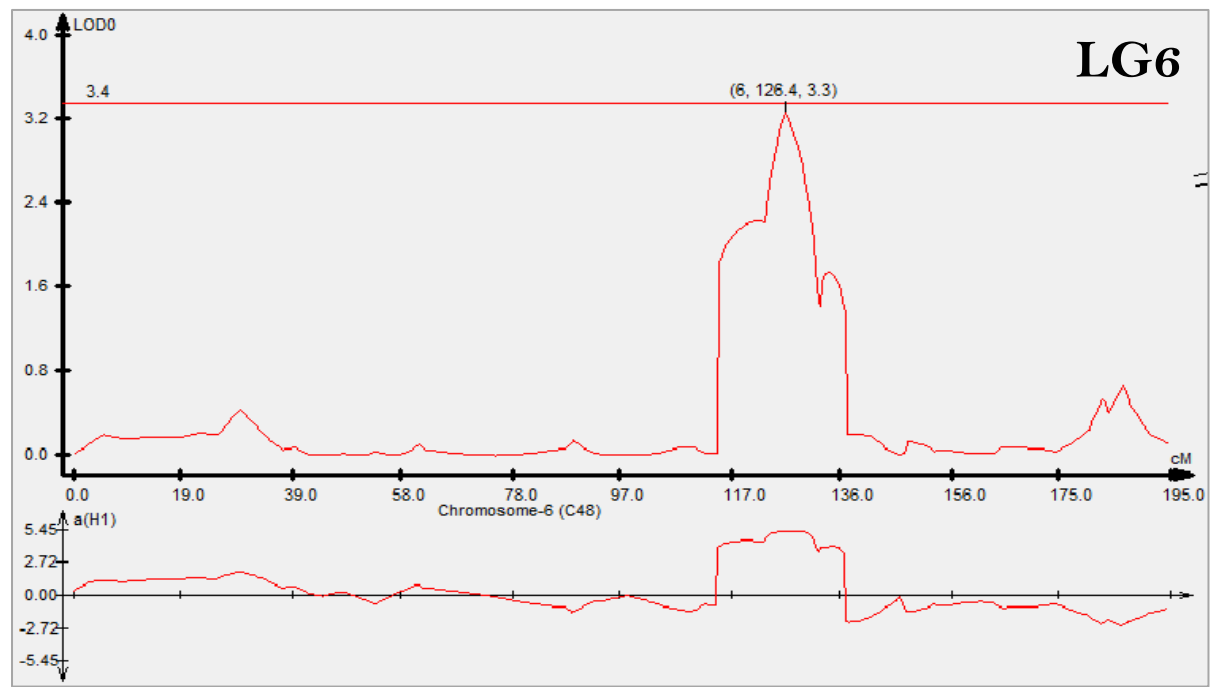
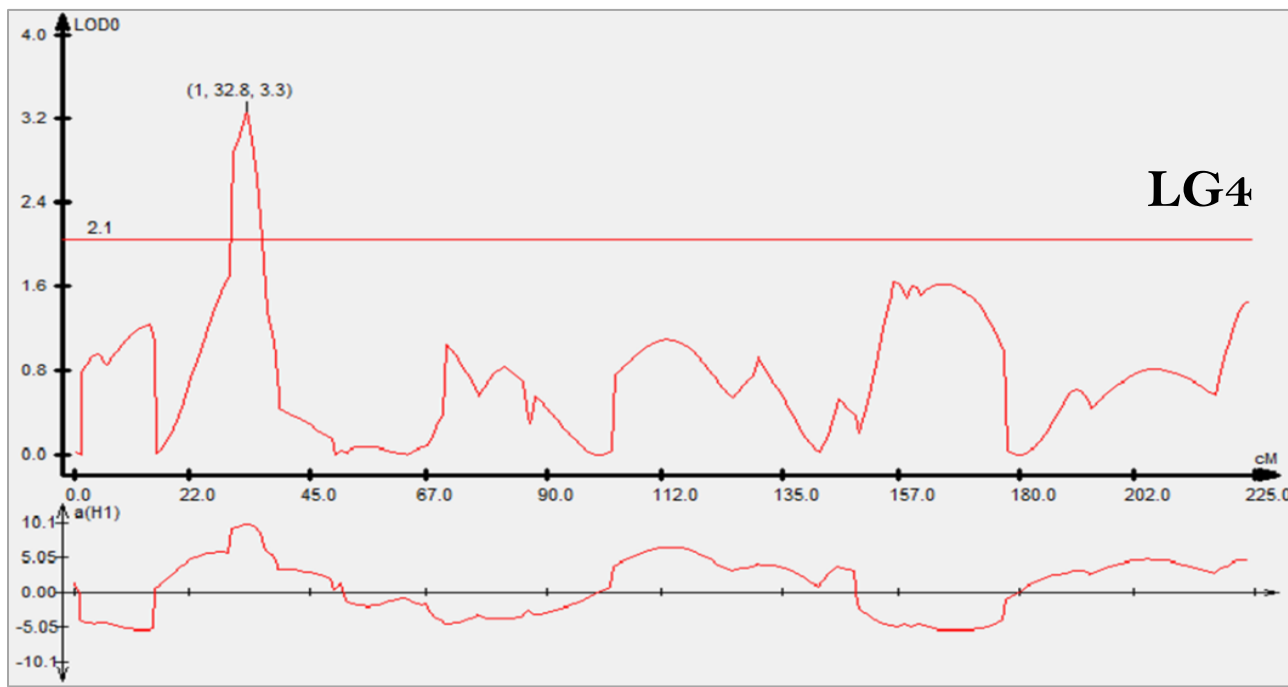


Opracowano 31 grup sprzężeń opartych o 714 markerów szkieletowych oraz 1007 markerów redundantnych. Markery średnio występowały co 1.87cM. Sześć grup sprzężeń (LG) przypisano do genomu A, a osiem do genomu B.



Dodatkowe obszary w genomie, które prawdopodobnie mogą być powiązane z badaną cechą zidentyfikowano w grupie **LG4** (5B) oraz **LG6** (brak lokalizacji chrom.). Ten ostatni QTL nie przekroczył testu permutacji, a jego pojawianie się było uzależnione od założeń CIM.

Interwałowe mapowanie kompozytowe (CIM) pozwoliło na identyfikację QTL determinującego cms Tt w grupie sprzężeń **LG4**, którą najprawdopodobniej można przypisać do chromosomu **5B**. Funkcja LOD dla tego QTL przybierała maksimum w pozycji 163.4 cM dla wartości LOD=4.1. Test permutacji (PT=1000) wykazał jego istotność. Najbliżej maksimum QTL, w odległości 2.09 cM, znalazł się marker G25381GT31, dla którego zidentyfikowano 4 markery redundantne.



Mapowanie asocjacyjne z wykorzystaniem ogólnego modelu liniowego (GLM) umożliwiało identyfikację 23 markerów asocjowanych z genami utrzymania cms Tt u pszenżyta lokalizujących się w grupach sprzężeń LG4, LG12 i LG23.

| GLM | Nazwa | G27639C | G13278C | G26686C | G00970A | G03018A | G08157A | G17425A | G34793A | G26999A | G29344C | G16436C | G08221A | G15284G | G02676C | G02677A | G14301C | G24931G | G20198A | G20197C | G34426T | G34425A | G22326A | G31396A |
|-----|----------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| | p-Value | 4.66E-04 | 6.72E-04 | 1.19E-03 | 1.74E-03 | 2.16E-03 | 2.67E-03 | 2.97E-03 | 3.00E-03 | 3.23E-03 | 3.24E-03 | 4.13E-03 | 4.57E-03 | 4.67E-03 | 4.74E-03 | 4.74E-03 | 5.24E-03 | 5.27E-03 | 5.52E-03 | 5.52E-03 | 7.51E-03 | 7.51E-03 | 8.50E-03 | 9.69E-03 |
| | R ² | 0.17 | 0.155 | 0.138 | 0.123 | 0.141 | 0.121 | 0.113 | 0.127 | 0.117 | 0.125 | 0.125 | 0.107 | 0.11 | 0.105 | 0.105 | 0.101 | 0.117 | 0.119 | 0.119 | 0.106 | 0.106 | 0.089 | 0.097 |
| | Grupa | n.z.* | LG4 | LG4 | n.z. | LG12 | LG4 | n.z. | n.z. | n.z. | n.z. | n.z. | LG4 | LG23 | LG4 | LG4 | LG4 | LG4 | n.z. | n.z. | LG12 | LG12 | n.z. | LG4 |

*n.z. – nie zmapowano

Analiza z wykorzystaniem wielokrotnego modelu liniowego (MLM) wskazała na asocjacje markerów lokalizujących się w grupach sprzężeń LG6, LG4 i LG1.

| MLM | Nazwa | G27639C | G35834G | D3611627 | G24211C | G34793A | G16436C | G00653A | G26686C |
|-----|----------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| | p-Value | 3.67E-03 | 6.42E-03 | 6.61E-03 | 8.87E-03 | 9.20E-03 | 9.25E-03 | 9.30E-03 | 9.38E-03 |
| | R ² | 0.132 | 0.116 | 0.092 | 0.093 | 0.104 | 0.108 | 0.099 | 0.091 |
| | Grupa | n.z. | LG6 | LG6 | LG6 | n.z. | n.z. | LG1 | LG4 |

Współczynnik determinacji r^2 dla markerów asocjowanych z cechą wynosił od 0.097 do 0.171 w GLM oraz od 0.091 do 0.132 w MLM, co odpowiada korelacji cechy i markera na poziomie 35–40%. Markery zidentyfikowane metodą GLM i MLM w grupie LG4 pokrywały się z markerami lokalizującymi się w maksimum QTLa zidentyfikowanego za pomocą CIM.

WNIOSKI

- Zastosowanie markerów SNP (DArTseq i GBS) do mapowania genetycznego z wykorzystaniem populacji RIL4 pozwala na uzyskanie wysyconych map, jednakże obserwuje się obszary genomu pozbawione markerów będące wynikiem rzadkich aktów rekombinacji.
- Mapowanie kompozytowe i asocjacyjne wykonane dla populacji RIL4 potwierdzają, że utrzymanie sterylności pyłku u pszenżyta z cms Tt jest warunkowane interakcją wielu genów o relatywnie słabych efektach.