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

***(4-1-03-4-02) „Poszukiwanie markerów molekularnych genów utrzymania sterylności pyłku***

***u pszenżyta z CMS Tt.”***

**Cel zadania:**

1. Konwersja markerów DArT sprzężonych/asocjowanych z genami utrzymania sterylności pyłku  
   u pszenżyta z CMS Tt do warunków specyficznego PCR
2. Opracowanie zestawu markerów do selekcji QTLi cechy.

**Wyniki:**

Do konwersji wybrano markery sprzężone oraz asocjowane z cechą utrzymania płodności pyłku u pszenżyta na podstawie wyników analiz z lat 2014-2019. Pod uwagę brano markery lokalizujące się w obrębie QTLi  
o najwyższych wartościach LOD oraz markery o najwyższych wartościach asocjacji (R2). Wytypowano markery reprezentujące QTLe zlokalizowane na chromosomach 4R w populacji MS112; 2A, 5A, 7A i 3B w populacji MS114 oraz 1B i 5R w populacji HT352.

Spośród 15 markerów zlokalizowanych na chromosomie 4R i poddanych konwersji, 6 różnicowało dwie linie sterylne (nie zawiązujące ziarniaków) i dwie linie płodne (zawiązujące ponad 70 ziarniaków w kłosie) populacji MS112. Analiza segregacji tych markerów w obrębie wszystkich linii populacji MS112 wykazała, że 3 z nich (4558515c, 8510873c, 4349378c) segregują identycznie jak ich odpowiedniki przed konwersją.

W wyniku konwersji 26 markerów zlokalizowanych na chromosomach 1B oraz 5R populacji HT352 otrzymano po 4 markery dla każdego chromosomu różnicujące linie o skrajnych fenotypach. Niestety żaden z markerów sprzężonych z QTLami lokalizowanymi na chromosomach 1B i 5R populacji HT352 nie powtarzał segregacji swojego odpowiednika przed konwersją.

Dla populacji MS114 otrzymano 3 markery zlokalizowane na chromosomie 2A, które różnicowały linie  
 o skrajnych fenotypach. Markery te nie powtarzał jednak segregacji swojego odpowiednika przed konwersją. Żaden z 24 starterów zaprojektowanych względem QTLi zlokalizowanych na chromosomie 5A, 7A i 3B nie powielał polimorficznych sygnałów.

Ocena segregacji markerów opracowanych względem QTLi na chromosomach 2A, 1B, 4R i 5R w obrębie 82 linii pszenżyta dostarczonych przez Hodowców reprezentujących genotypy płodne oraz sterylne wykazała obecność pojedynczych, polimorficznych sygnałów generowanych przez markery 16330732c, 10509016TG13c, 4558515c i 4349378c zlokalizowane na chromosomie 4R. Każdy z markerów występowały z różną częstotliwością w obu pulach roślin. Analiza korelacji nie wykazała istotnego powiązania obecności lub braku danego markera z cechą.

**Wnioski:**

1. Markery 4558515, 8510873, 4349378 po ich uprzedniej konwersji do warunków specyficznego PCR mogą być stosowane do selekcji QTL zlokalizowanego na chromosomie 4R w obrębie linii populacji MS112.
2. Brak powtarzalności wzoru segregacji po konwersji w odniesieniu do odpowiedników silicoDArT lub SNP obserwowany w przypadku części markerów populacji MS112 oraz markerów populacji HT352 może wynikać z heksaploidalności genomu gatunku i wiązać się z występowaniem podobnych sekwencji w obrębie różnych genomów pszenżyta. Inną przyczyną może być problem z wytypowaniem obszarów polimorficznych pomiędzy sterylnymi i płodnymi genotypami.
3. Wśród materiałów pszenżyta dostarczonych przez Hodowców prawdopodobnie nie występują allele warunkujące fenotypy płodne i sterylne, do których selekcji opracowano markery PCR. Jest to zgodne z oczekiwaniami, gdyż cecha jest warunkowana wieloma QTLami o relatywnie słabych efektach.
4. Mimo, że w obrębie zróżnicowanej puli genotypów (różnych od linii populacji mapujących) nie stwierdzono silnych korelacji pomiędzy markerami cechy dla QTL na 4R a zdolnością do utrzymania sterylności pyłku należy sądzić, że opracowane markery specyficzne względem tego QTL mogą być użyteczne w przypadku wzbogacania puli genowej gatunku o pożądany allel poprzez selekcje wsteczną.