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

***(4-1-02-4-01) „Poszukiwanie markerów molekularnych genów przywracania płodności pyłku u żyta (Secale cereale L.) z CMS-Pampa.”***

**Cel zadania:**

1. Konwersja markerów silicoDART oraz SNP sprzężonych/asocjowanych z jądrowymi genami przywracania płodności pyłku u żyta z CMS Pampa do warunków specyficznego PCR.
2. Identyfikacja markerów molekularnych przydatnych w selekcji materiałów roślinnych z jądrowymi genami przywracania płodności pyłku u żyta z CMS Pampa.

**Wyniki:**

Wybrane markery sprzężone i/lub asocjowane z cechą przywracania płodności pyłku u żyta konwertowano do warunków specyficznego PCR. Spośród 35 markerów, 13 generowało polimorficzne sygnały na żelach agarozowych. Wszystkie markery lokalizowały się w obrębie QTL zlokalizowanego na chromosomie 4R (*QRft-4R*). Osiem z nich powtarzało segregację swoich odpowiedników przed konwersją w testowanych populacjach RIL: S60/08 oraz S64/04/01. Dla dwóch markerów spodziewaną segregację uzyskano po zastosowaniu trawienia enzymem PstI. Wykonano analizę bioinformatyczną sekwencji konwertowanych markerów z sekwencjami zgromadzonymi w bazach danych NCBI. Wśród w/w znalazły się m. in. markery  
z adnotacją do lokus genu przywracania płodności pyłku *Rfm1* zlokalizowanego wcześniej u jęczmienia, a także do czynnika terminacji transkrypcji MTERF oraz sekwencji białka keratyny.

Markery różnicujące rośliny płodne oraz sterylne w populacjach mapujących testowano w obrębie 96 linii płodnych oraz 96 linii sterylnych udostępnionych przez hodowców. Każdy z markerów występowały z różną częstotliwością w obu pulach roślin. Istotne asocjacje z cechą odnotowano dla markerów 16404809c oraz 3885887c (c - marker konwertowany). Najwyższą korelację z cechą (0.526) uzyskano dla markera 16404809c. Był on obecny w 75% roślin płodnych oraz 19.8% roślin sterylnych. Poziom korelacji dla markera 3885887c wynosił 0.395, a częstotliwość jego występowania w puli genotypów sterylnych była dwukrotnie wyższa niż 16404809c przy podobnej częstotliwości występowanie w roślinach płodnych.

**Wnioski:**

1. Konwersja markerów silicoDArT i SNP do warunków specyficznego PCR umożliwiła opracowanie łatwych w użyciu markerów do selekcji genotypów płodnych, bądź sterylnych.
2. Przydatność konwertowanych markerów do selekcji materiału roślinnego o pożądanym fenotypie zależy od występowania określonych loci w puli badanych genotypów żyta.
3. Na obecnym etapie badań opracowane markery mogą być wykorzystane do selekcji wstecznej materiałów hodowlanych.
4. Pula genowa żyta w Polsce jest słabo reprezentowana przez silny QTL występujący na chromosomie 4R.