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

 ***(*4-1-04-4-01*) - Molekularna charakterystyka wpływu elementów mobilnych na zmienność genetyczną w zbożowych kulturach in vitro***

**Cel zadania:**

Wykonanie analizy MSTD dla generatywnego potomstwa regenerantów jęczmienia oraz określenie poziomu zmienności genetycznej w badanym materiale

**Wyniki:**

Analizę techniką MSTD wykonano wykorzystując 10 par selektywnych starterów dla 8 roślin donorowych, 8 regenerantów oraz 80 roślin będących generatywnym potomstwem regenerantów uzyskując sumarycznie 276 markerów, ze średnią liczbą 27 markerów przypadającą na parę starterów. Obserwowany poziom polimorfizmu (*%P*) został określony na podstawie polimorficznych fragmentów DNA. Poziom polimorfizmu dla zmienności sekwencyjnej wynosił średnio 27,5% i wahał się od 24,2 do 30,8% w zależności od genotypu rośliny donorowej wykorzystanej do uzyskania potomstwa generatywnego regenerantów. Zmienność wzorów metylacji stanowiła 40,1% i wahała się w przedziale 36,9-42,4%. Na podstawie uzyskanych danych MSTD zgrupowanych pod względem użytych rodzin elementów mobilnych okazało się, iż najniższy polimorfizm był generowany przez startery ukierunkowane na rodzinę LARD, gdzie obserwowano 11,82% polimorfizmu dla danych sekwencyjnych oraz 28,72% dla danych metylacyjnych. Najwyższy polimorfizm był generowany przez startery oparte na elementach należących do rodziny CACTA.

Hierarchiczna analiza skupień danych molekularnych pochodzących z DNA ciętego enzymami *Kpn*I/*Mse*I dla generatywnego potomstwa regenerantów, wykonana w oparciu o współczynnik podobieństwa Jaccarda wskazała, że w obrębie potomstwa generatywnego regenerantów uzyskanych w wyniku regeneracji roślin metodami kultur *in vitro* występuje wysoki poziom zmienności powodowany zarówno migracją elementów mobilnych jak i zmiennością wzorów metylacji.

**Wnioski:**

* Przeprowadzone analizy pozwoliły na utworzenie matryc zerojedynkowych do określenia polimorfizmu związanego ze zmianami w sekewencji i metylacji DNA u generatywnego potomstwa regnerantów.
* Określono polimorfizm badanych materiałów roślinnych obserwując większe zróżnicowanie wśród danych odnoszących się do układu enzymów *Acc65*I/*Mse*I niż do układu *KpnI*/*Mse*I.
* Zmiany w metylacji DNA były częściej obserwowane niż zmiany dotyczące sekwencji DNA;
* Obserwowano różnice między generatywnym potomstwem regenerantów uzyskanych z różnych roślin donorowych.
* Wytypowane do analizy MSTD rodziny elementów mobilnych generowały różny poziom zmian w sekwencji i metylacji DNA.
* Poziom zmienności genetycznej oraz zmian wzorów metylacji DNA u potomstwa generatywnego regenerantów uzyskanych na drodze androgenezy pokazuje, że wyprowadzanie regenerantów tymi metodami jest obciążone wysokim stopniem zmienności, zmienność jest transmitowana do potomstwa generatywnego regenerantów.
* Wyprowadzenie wyrównanego materiału genetycznego metodami kultur *in vitro* może wymagać kilku cykli generatywnych stabilizujących różne typy zmienności. Liczba takich cykli nie jest ściśle zdefiniowana i prawdopodobnie zależy od genotypu (oraz zapewne od gatunku).
* Badanie podstaw biologicznych zjawiska oraz możliwości wpływania na poziom zmienności mają znaczenie zarówno badawcze jak i praktyczne.