

## Zadanie 5 PBwPR, kierownik Anna Nadolska-Orczyk

Celem zadania w 2017 była ocena za pomocą wyznaczonych znaczników genetyczno/biochemiczno/fizjologicznych produktywności i masy korzenia w przekazanych przez hodowców genotypach/materiałach hodowlanych oraz wykonanie krzyżowań dla wybranych genotypów.

Realizacja tematu obejmowała: wytypowanie na podstawie informacji od hodowców zestawu 30 genotypów pszenicy do badań. W wytypowanych genotypach oceniono poziom ekspresji względnej genów *TaCKX1* i *TaCKX6* w korzeniach siewek oraz genu *TaCKX1* w dojrzewających kłosach (7 dni po pyleniu = 7 DAP). Następnie wykonano pomiar aktywności enzymu CKX w próbkach podawanych analizie ekspresji genów *TaCKX*. Oceniono również poziom ekspresji względnej jednego, opisanego w literaturze genu głównego wpływającego na produktywność. 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 krzyżowań. Ponadto zsekwencjonowano i przeanalizowano allele genu *TaCKX1* w czterech wybranych genotypach.

W wyniku oceny poziomu ekspresji względnej genu *TaCKX1* w dojrzewających kłosach badanych genotypów stwierdzono istotną korelację pomiędzy ekspresją tego genu w kłosach z pola i w kłosach z fitotronu. Wyniki poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1* i *TaCKX6* w korzeniach siewek były bardzo niskie w związku z czym te parametry nie są przydatne jako znaczniki masy korzenia czy też produktywności w badanym materiale. Wahanie poziomu ekspresji genu *TaNAC2-5A* w korzeniu badanych rodów i odmian pochodzących z obydwu hodowli były bardzo duże, kilkusetkrotne. Poziom ekspresji tego genu w kłosach 7 DAP pomiędzy tymi samymi genotypami różnił się tylko 4-6 krotnie. W wyniku pomiaru aktywności enzymu CKX w kłosach 7 DAP próbek podawanych analizie ekspresji genu *TaCKX1* stwierdzono wysoką, istotną korelację między ekspresją badanego genu a aktywnością w materiałach z HR Strzelce. Aktywność enzymu CKX w korzeniach siewek w materiałach z HR Strzelce była silnie skorelowana z ekspresją genu *TaCKX6*. Korelacja nie występowała między aktywnością enzymu CKX a ekspresją genu *TaCKX1* oraz w materiałach z HR Danko w przypadku obydwu genów. Nie było wyraźnej korelacji pomiędzy masą korzenia 5-dniowych siewek i ekspresją badanych genów *TaCKX1* i *TaCKX6*. Odnotowano natomiast wysoką korelację między masą korzenia i aktywnością enzymu CKX.

Sekwencjonowano i przeprowadzono analizę alleli genu *TaCKX1* w czterech wybranych genotypach i porównano je z sekwencją genu referencyjnego z baz danych NCBI. Największe różnice (lub brak sekwencji) dotyczy pierwszego fragmentu sekwencji kodującej, która we wszystkich czterech genotypach nie uległa amplifikacji. Największe zróżnicowanie można było stwierdzić między sekwencją *T. aestivum* klon QCKX1 i genotypem Sg-S1145-11. Było to 28 jednonukleotydowych substytucji, 21 delecji oraz 2 insercje.

Wykonano krzyżowania dla wybranych na podstawie powyższych badań genotypów. W następnym roku w pokoleniu segregującym F<sub>2</sub> przeprowadzona będzie selekcja w oparciu o wybrane znaczniki.