

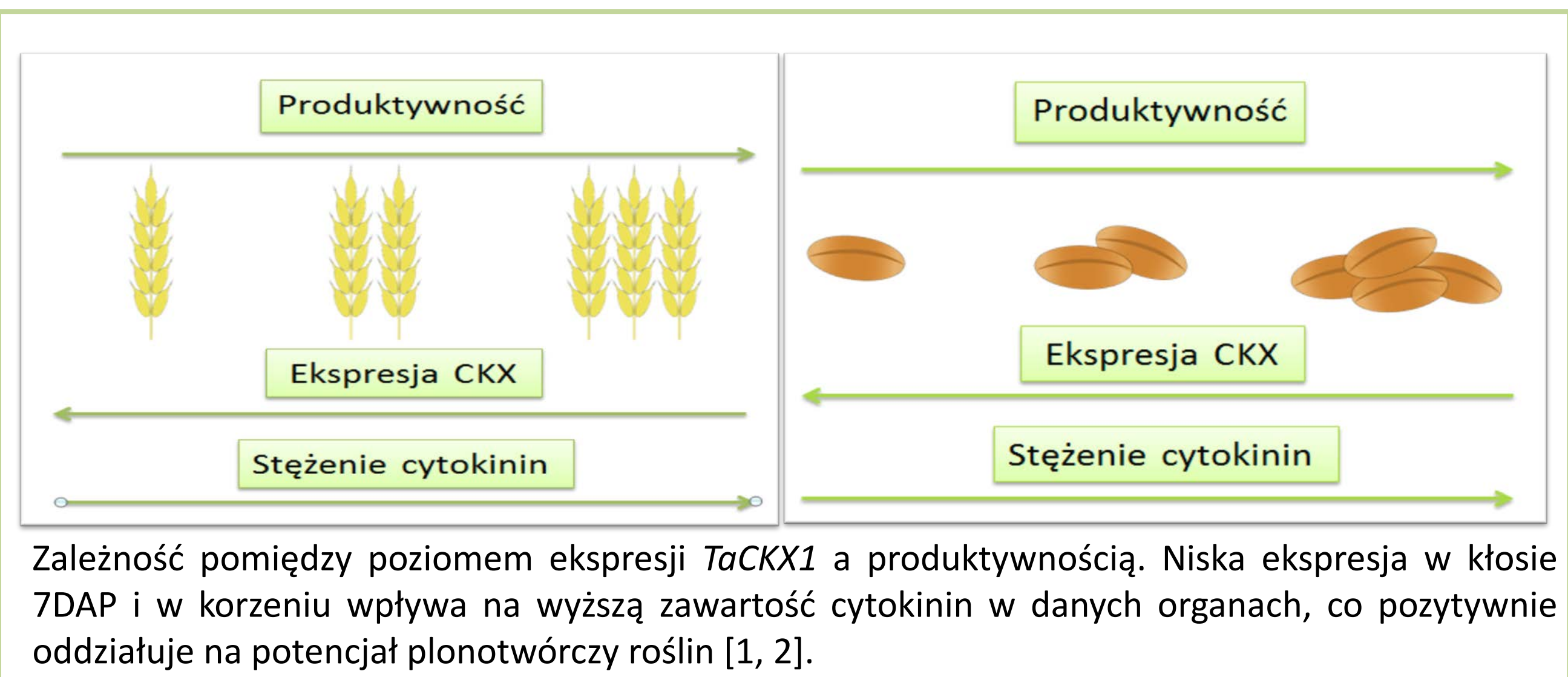


Geny z rodziny *TaCKX* wpływające na produktywność pszenicy (*Triticum aestivum* L.)

Renata Wyszyńska, Izabela K. Rajchel, Agnieszka Onyśk, Anna Nadolska-Orczyk
Zakład Genomiki Funkcjonalnej- Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin; Państwowy Instytut Badawczy
r.wyszynska@ihar.edu.pl

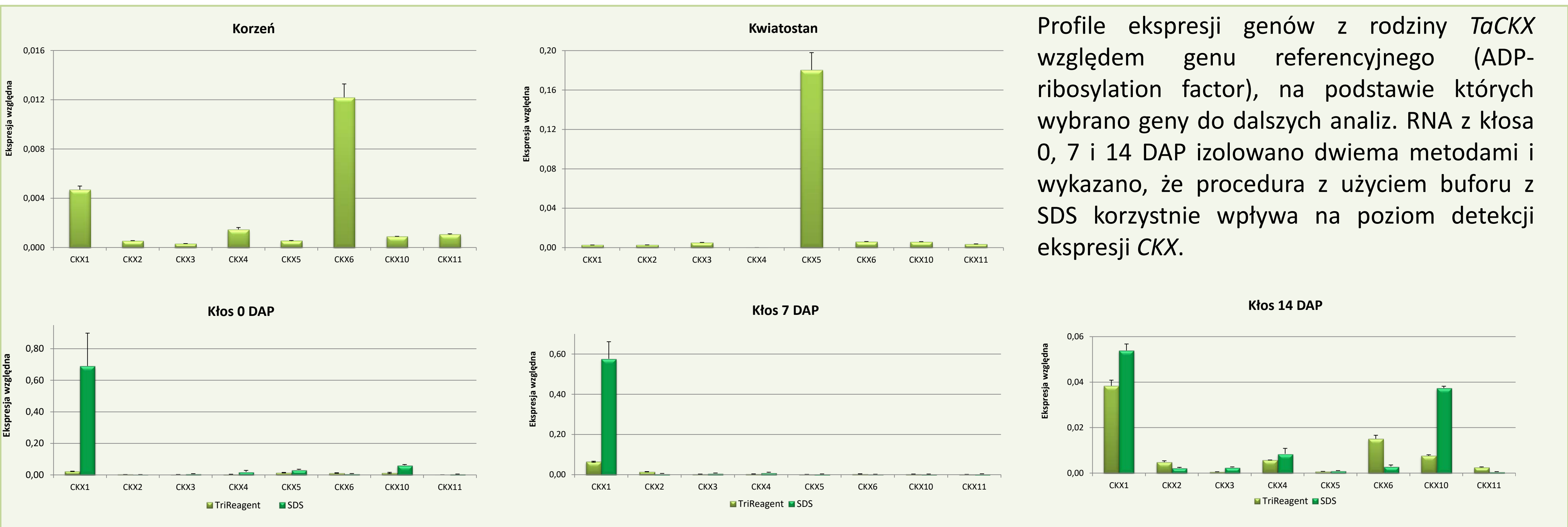
Hipoteza: Wzór ekspresji genów z rodziny *CKX* wskazuje na ich rolę w produktywności i/lub rozwoju systemu korzeniowego.

Geny *CKX* należą do rodziny genów występującej w wielu gatunkach roślin. Kodują one dehydrogenazę cytokininy (*CKX*), która w sposób nieodwracalny rozkłada cytokininy do adeniny i odpowiedniego aldehydu. Prowadzi to do spadku stężenia tego hormonu w określonych tkankach i organach. Ekspresja genów z rodziny *TaCKX* i aktywność enzymu *CKX* jest tkankowo- i rozwojowo-specyficzna. Na związek omawianych genów z produktywnością wskazują wcześniejsze badania naszego zespołu prowadzone na jęczmieniu, w których wykazano zależność pomiędzy ekspresją wybranych genów z rodziny *HvCKX* w dojrzewających kłosach a liczbą nasion [1]. Świadczy to o silnej zależności pomiędzy zawartością cytokinin w organach generatywnych i produktywnością.

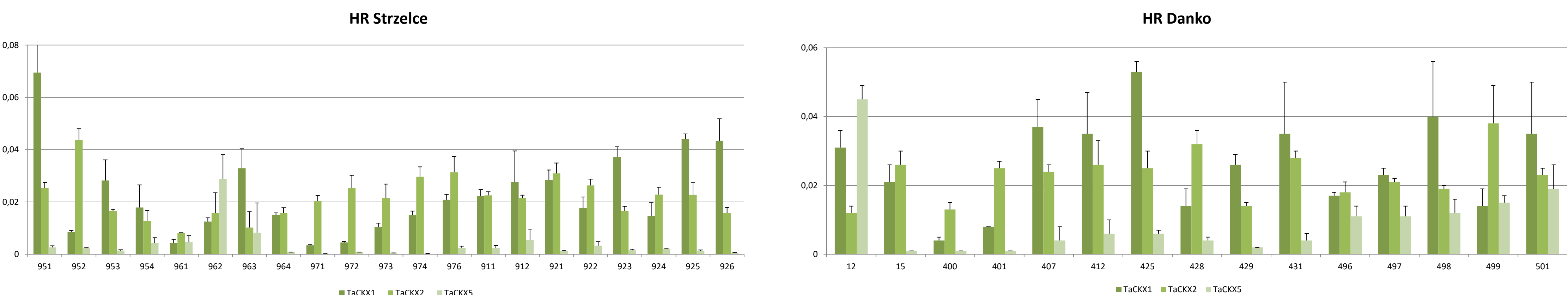


Materiały i metody

Do badań użyto 50 genotypów pszenicy jarej o zróżnicowanej produktywności. Izolację RNA z korzeni przeprowadzono za pomocą odczynnika TriReagent (Sigma Aldrich) zgodnie z procedurą producenta. RNA z kłosów izolowano dodatkowo procedurą z użyciem buforu z SDS. Na uzyskanych matrycach przeprowadzono odwrotną transkrypcję (Thermo Scientific) i wykorzystano je w ilościowej analizie RT-PCR. Wykonana została analiza aktywności enzymu *CKX* w korzeniach i kłosach zgodnie z procedurą opracowaną przez Frebort i in. [3] i zoptymalizowaną w trakcie wcześniejszych badań zespołu.



Wyniki: Ekspresję względną wybranych genów (*TaCKX1*, *TaCKX2*, *TaCKX5*) sprawdzano w korzeniu oraz w kłosie 7 DAP. Uzyskane wartości ekspresji względnej badanych genów w kłosach przedstawiono poniżej na wykresach. W korzeniu 5 dniowej siewki nie wykazano ekspresji żadnego z badanych genów. W pomiarze aktywności enzymu *CKX* wartość względną obliczano w stosunku do Ostki. Średnia aktywność w korzeniach wynosiła 0,569 (HR Strzelce) oraz 1,066 (HR Danko). W przypadku kłosów uzyskane wartości wynoszą analogicznie 1,075 oraz 0,872.



Wnioski: Nasze badania wykazały, iż metoda izolacji RNA z dojrzewających kłosów w istotny sposób wpływa na poziom detekcji ekspresji genów z rodziny *TaCKX*. Negatywna korelacja pomiędzy ekspresją genów *TaCKX1* oraz *TaCKX5* w kłosach 7 DAP a plonem potwierdza wpływ tych genów na potencjał plonotwórczy pszenicy.

Literatura:

- Zalewski W., Gasparis S., Boczkowska M., Rajchel I.K., Kała M., Orczyk W., Nadolska-Orczyk A. 2014. Expression patterns of *HvCKX* genes indicate their role in growth and reproductive development of barley. PLoS ONE 9(12):e115729. doi:10.1371/journal.pone.0115729.
- Zalewski W., Galuszka P., Gasparis S., Orczyk W., Nadolska-Orczyk A. 2010. Silencing of the *HvCKX1* gene decreases the cytokinin oxidase/dehydrogenase level in barley and leads to higher plant productivity. J. Exp. Bot. 61: 1839-1851.
- Frebort I., Sabela M., Galuszka P., Werner T., Schmulling T., Pec P. 2002. Cytokinin oxidase/dehydrogenase assay: optimized procedures and applications. Anal Bioch 306: 1-7.