



XIII OGÓLNOPOLSKA KONFERENCJA NAUKOWA
NAUKA DLA HODOWLI I NASIENNICTWA
ROŚLIN UPRAWNYCH



pod honorowym patronatem
Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi

STRESZCZENIA
REFERATÓW I POSTERÓW

Zakopane, 30.01 - 3.02.2017 r.

Efektywność selekcji molekularnej genu *Fhb1* w dwóch populacjach pochodzących ze skrzyżowania z odmianą pszenicy Sumai3

Piotr Słowacki, Magdalena Radecka-Janusik, Paweł Cz. Czembor

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

p.slowacki@ihar.edu.pl

Krzyżowanie wsteczne wspomagane markerami molekularnymi (Marker Assisted Backcrossing - MAB) może być dobrą strategią zwiększania postępu hodowlanego, zwłaszcza dla cech takich jak odporność pszenicy na fuzariozę kłosów (fusarium head blight - FHB), które są trudne do wytypowania w warunkach polowych oraz warunkowane wieloma genami.

Celem niniejszej pracy było wprowadzenie genu odporności *Fhb1* zlokalizowanego na chromosomie 3B do dwóch polskich linii hodowlanych pszenicy ozimej: MIB 11262 (Małopolska Hodowla Roślin SHR Mikulice) oraz NAD 10041 (Poznańska Hodowla Roślin, Oddział Wiatrowo). Dawcą genu odporności jest linia AIII62 (F_3BC_2) otrzymana poprzez skrzyżowanie odmiany Sumai 3 oraz polskiej odmiany Muszelka. Obecność genu *Fhb1* w tej linii została potwierdzona przy użyciu markerów molekularnych.

Aby zapobiec wprowadzeniu do genomu biorcy wielu niepożądanych genów musimy ograniczyć wielkość wprowadzanego segmentu chromosomu dawcy zawierającego wybrany przez nas gen. Selekcja populacji (F_1BC_1) skupiła się na wyszukaniu osobników z pożądanym genem (*Fhb1*), w których doszło do rekombinacji względem markerów flankujących.

Spośród dziesięciu polimorficznych markerów flankujących SSR (gwm389, barc238, barc12, gpw7080, gwm493, barc131, wmc754, gpw3248, barc92 oraz cfp1274) rozmieszczonych na długości ok. 40 cM krótkiego ramienia chromosomu 3B, wybrano dwa markery flankujące: gwm389 i cfp1274. Ponadto wykorzystano marker centralny cfb6012 blisko sprzężony z genem *Fhb1*.

Zbadano 240 próbek DNA (120 dla każdej kombinacji) przy użyciu wspomnianego zestawu markerów. Na podstawie wykonanych analiz molekularnych wybrano 21 osobników (MIB 11262 – 9 ; NAD 10041 – 12) do kolejnej rundy krzyżowań wstecznych w celu uzyskania pokolenia F_1BC_2 .