

Tytuł zadania 8: **Tolerancja na stresy abiotyczne - genotypowanie pszenicy w oparciu o strategię genów kandydujących**

Kierownik zadania: prof. dr hab. Waław Orczyk

Cele tematów w roku 2017: a) bioinformatyczna identyfikacja sekwencji repetytywnych i sekwencji tandemowych w genomowym DNA pszenicy zlokalizowanych w bliskim sąsiedztwie genów biorących udział w reakcji na stres suszy w celu opracowania markerów SSR sprzężonych z tymi genami, b) eksperymentalna weryfikacja obecności i polimorfizmu sekwencji repetytywnych potencjalnych markerów SSR zidentyfikowanych w gDNA pszenicy w temacie 1.

Wyniki

Zidentyfikowano 3 skafoldy z genem *TaInvl1*: i) TRIAE_CS42_4AL_TGACv1_288495_AA0950120, 166.487 (pz), ii) TRIAE_CS42_5BL_TGACv1_404129_AA1285630, 432.623pz oraz iii) TRIAE_CS42_5DL_TGACv1_435640_AA1452940, 40.476pz. Importowano sekwencje nukleotydowe oraz zidentyfikowano w nich regiony repetytywne przy użyciu programów GAMATA, ISFD, SSRIT. W skafoldach zidentyfikowano od 2 do 43 sekwencji repetytywnych, dla których opracowano startery i sprawdzono polimorfizm we wcześniej wyselekcjonowanych genotypach pszenicy. Wielkości oczekiwanych produktów zawierały się od 99 do 511 pz. Duży rozrzut wielkości wynikał ze złożonej struktury sekwencji repetytywnych. Długość największego fragmentu 511pz była wymuszona bardzo różnym składem par AT/GC w DNA flankującym ten region.

Wnioski

1. Użyte do przeszukiwania *EnsemblePlants* narzędzia pozwalają identyfikować homeologi poszukiwanego genu i lokalizować je na określonych chromosomach jednego z genomów pszenicy.
2. Sekwencja nukleotydowa homeologów oraz warianty splicingowe umożliwią indywidualne sprawdzenie ekspresji każdego z homeologów.
3. Wszystkie programy użyte do identyfikowania sekwencji repetytywnych były podobnie skuteczne w identyfikacji regionów mikrosatelitarnych w fragmentach genomu o długości od 40 do 400 tysięcy par zasad.
4. Połowa z 28 sekwencji repetytywnych zidentyfikowanych w wybranych regionach gDNA pszenicy była amplifikowana stanowiąc potencjalny marker mikrosatelitarny tego regionu.
5. Z 14 potencjalnych markerów mikrosatelitarnych w 3 przypadkach potwierdzono występowanie polimorfizmu długości tego markera w badanych genotypach pszenicy.
6. Spośród 3 potencjalnym markerów mikrosatelitarnych, polimorfizmu Reg28-404 był podobny do rozkładu wartości współczynnika WKs/WKk (będącego miarą tolerancji na suszę we wczesnej mikrosporogenezie).w tych genotypach.