

TADEUSZ ADAMSKI
MARIA SURMA
ZYGMUNT KACZMAREK
ANETTA KUCZYŃSKA
KRZYSZTOF MIKOŁAJCZAK
MICHAŁ KEMPA
PIOTR OGRODOWICZ
ELŻBIETA ADAMSKA
RENATA TRZECIAK
ALINA ANIOŁA
RENATA HOLEWIŃSKA

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań
Kierownik Tematu: prof. dr hab. Tadeusz Adamski Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk,
ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań; tel. 61 6550270, e-mail: tada@igr.poznan.pl

Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.18.2018, Zadanie 3.

Badania nad wpływem translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania linii DH pszenicy oraz ich wartość technologiczną

Studies on the effect of 1B/1R translocations on the efficiency of obtaining wheat DH lines and their technological value

Słowa kluczowe: pszenica ozima, linie homozygotyczne, marker molekularne, segregacja alleli, białka gluteninowe

Celem badań wieloletnich jest stwierdzenie, czy obecne w niektórych odmianach (rodach) pszenicy translokacje 1B/1R mają wpływ na efektywność uzyskiwania form haploidalnych i linii podwojonych haploidów (DH) na drodze krzyżowania pszenicy z kukurydzą oraz na prawidłowość zachodzenia segregacji w populacjach linii DH i SSD wyprowadzonych z mieszańców form translokowanych. Na podstawie dotychczas przeprowadzonych badań stwierdzono, że mieszańce zawierające translokacje odznaczały się w większości przypadków korzystnymi wartościami parametrów związanych z efektywnością uzyskiwania form haploidalnych. Wykazano także brak wpływu efektów matecznych na efektywność otrzymywania haploidów drogą krzyżowania pszenicy z kukurydzą.

W roku 2018 badano wpływ efektów matecznych na częstość występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych w 8 populacjach linii SSD pszenicy ozimej (Temat nr 1), a także poprawność segregacji alleli wybranych markerów molekularnych w populacjach linii DH i SSD pszenicy ozimej wyprowadzonych z tej samej kombinacji krzyżówkowej (Temat nr 2). Ponadto prowadzono prace związane z określeniem związku między występowaniem translokacji 1B/1R a efektywnością otrzymywania form haploidalnych pszenicy ozimej (Temat nr 3). Materiał do badań wpływu efektów matecznych stanowiły linie SSD uzyskane z mieszańców wzajemno-przemiennych między formami zawierającymi i niezawierającymi translokacji: STH007A × Brillant*, Brillant* × STH007A, Brillant* × Fidelius, Fidelius × Brillant*, Fidelius × Palma*, Palma* × Fidelius, STH007A × Palma*, Palma* × STH007A (* oznacza formę z translokacją). Badano łącznie 160 linii SSD. Segregację alleli wybranych markerów molekularnych analizowano w populacjach linii DH (F1DH) i SSD (SSDF5) trzech kombinacji krzyżówkowych: C15384, K16124, K16125. W obu tematach analizy molekularne linii wykonano z wykorzystaniem wybranych z literatury markerów mikrosatelitarnych związanych z ważymi z użytkowego punktu widzenia cechami, takimi jak wysokość roślin, reakcja fotoperiodyczna, długość okresu wegetacji, masa ziarna (MTZ), a także markera identyfikującego obecność translokacji. Produkty amplifikacji rozdzielono z wykorzystaniem elektroforezy kapilarnej przy użyciu analizatora genetycznego (Analizator Genetyczny DNA firmy Applied Biosystem). Ponadto określono skład wysokocząsteczkowych białek gluteninowych metodą SDS-PAGE. Segregację alleli badano za pomocą testu chi-kwadrat.

Wyniki analizy segregacji alleli markerów SSR w populacjach linii SSD (Temat nr 1) zamieszczono w tabeli 1. Spośród 8 analizowanych kombinacji krzyżówkowych w czterech obserwowano istotne zaburzenia w segregacji markera Scm9, wskazującego na obecność translokacji 1B/1R. Segregacja pozostałych markerów (z nielicznymi wyjątkami) odpowiadała oczekiwanemu stosunkowi 1:1.

Materiał do badań w ramach Tematu 3 stanowiło 12 kombinacji krzyżówkowych pokolenia F₁ uzyskanych ze skrzyżowania form zróżnicowanych pod względem obecności translokacji 1B/1R. Dla uzyskania informacji o wpływie translokacji 1B/1R na efektywność uzyskiwania form haploidalnych z wykorzystaniem zjawiska eliminacji chromosomów przeprowadzono krzyżowanie pszenicy z kukurydzą. Analizowano podstawowe parametry, w tym liczbę rozrośniętych zalążni/100 zapylnych kwiatków, liczbę zarodków/100 rozrośniętych zalążni, liczbę zarodków oraz liczbę haploidów na 100 zapylnych kwiatków. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie. Na podstawie wyników uzyskanych w latach poprzednich stwierdzono, że procent haploidalnych zarodków w rozrośniętych zalążniach był istotnie wyższy w przypadku mieszańców, których jedna lub obie formy rodzicielskie posiadały translokację, niż przypadku mieszańców między formami bez translokacji. W 2018 największą efektywność mierzoną procentem uzyskanych haploidów w stosunku do zapylnych kwiatków stwierdzono również dla mieszańca zawierającego translokację pszenno-żytnią.

Wyniki testu chi-kwadrat dotyczącego segregacji alleli wybranych loci w populacjach linii SSD z uwzględnieniem kierunku krzyżowania

Marker	Allel (pz)	Liczba genotypów w kombinacjach krzyżówkowych							
		STH × Brillant	Brillant × STH	Brillant × Fidelius	Fidelius × Brillant	Palma × Fidelius	Fidelius × Palma	STH × Palma	Palma × STH
Scm9	206#	5	7	7	5	8	5	5	5
	-	15	13	13	15	12	12	15	14
	χ^2	5,00*	1,80	1,80	5,00*	0,80	2,88	5,00*	4,26*
Xgwm261	174	10	7	18	18	19	19	9	11
	192	7	12	0	0	0	0	10	9
	χ^2	0,53	1,32	-	-	-	-	0,05	0,20
Xbarc151-A	210	11	8	10	9	20	19	20	19
	224	7	10	9	8	0	0	0	0
	χ^2	0,89	0,22	0,05	0,06	-	-	-	-
Xgwm382	165	18	10	5	9	10	10	20	20
	124	2	9	10	11	9	7	0	0
	χ^2	12,80	0,06	1,67	0,20	0,05	0,53	-	-
Xwmc602	193	19	20	19	19	20	20	19	20
	168	0	0	0	0	0	0	0	0
	χ^2	-	-	-	-	-	-	-	-
Xgwm639	154	7	10	19	19	19	19	7	8
	172	12	10	0	0	0	0	12	10
	χ^2	1,32	0,00	-	-	-	-	1,32	0,06
Xgwm484	160	11	12	0	0	10	9	20	20
	162	8	8	18	18	9	8	0	0
	χ^2	0,47	0,80	-	-	0,05	0,06	-	-
Xgwm257	190	0	0	10	13	20	19	8	11
	192	19	20	9	6	0	0	10	8
	χ^2	-	-	0,05	2,58	-	-	0,22	0,47
Xgwm344	126	8	12	8	10	19	18	18	20
	147	11	6	9	7	0	0	0	0
	χ^2	0,22	2,00	0,06	0,06	-	-	-	-
Xgwm165	178	11	7	0	0	4	7	19	20
	182	8	12	19	19	14	11	0	0
	χ^2	0,47	1,32	-	-	5,56*	0,89	-	-

#allel 206 pz identyfikuje translokację; $\chi^2_{0,05}$ — 3,84; $\chi^2_{0,01}$ — 6,63

WNIOSKI

1. Obecność translokacji 1B/1R w populacjach linii SSD wytworzonych z mieszańców F₁ nie powodowała zaburzeń w segregacji analizowanych markerów molekularnych związanych z cechami użytkowymi.
2. W badanych populacjach linii SSD pszenicy częstość występowania form nietranslokowanych była wyższa niż zawierających translokację. Różnice te nie zawsze były jednak statystycznie istotne.
3. W większości przypadków nie stwierdzono wpływu kierunku krzyżowania form translokowanych z nietranslokowanymi w procesie otrzymywania mieszańców F₁, a w dalszej kolejności z wyprowadzonych z nich populacji linii SSD na częstość występowania alleli wybranych markerów molekularnych i białkowych.

4. Stwierdzono zaburzenia w segregacji alleli markerów związanych z wernalizacją i długością okresu wegetacji w kombinacjach krzyżówkowych K16124, K16125 i C15384.
5. Segregacja alleli w *loci Glu-1* była w większości przypadków prawidłowa. Zaburzenia wystąpiły tylko w kombinacji C15384 — w liniach DH w *locus Glu-B1* i w liniach SSD w *locus Glu-A1*.