

Lublin, 19.12.2008

Sprawozdanie z realizacji badania podstawowego na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej pt. **Identyfikacja genów karłowatości i odporności na choroby w pszenicy i pszenżycie za pomocą markerów DNA** objętego dotacją Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi na 2008 rok wykonanego w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin w Uniwersytecie Przyrodniczym w Lublinie

Streszczenie

Choroby grzybowe takie jak mączniak prawdziwy, rdza żdźbłowa, brunatna i żółta oraz wyleganie przyczyniają się do obniżenia plonów pszenicy. Najskuteczniejszą metodą ograniczania ich skutków jest wprowadzenie do uprawy odmian odpornych na wyleganie i choroby.

Zgodnie z przyjętym harmonogramem, celem badań była identyfikacja za pomocą markerów DNA (STS, SCAR, SSR) niektórych genów odporności na rdzę brunatną oraz genów karłowatości w odmianach pszenicy zwyczajnej zrejonyzowanych w Polsce oraz liniach hodowlanych. Wyizolowane DNA poddano amplifikacji z wykorzystaniem metod SSR, STS-PCR i SCAR. Uzyskane produkty amplifikacji rozdzielano na żelu poliakrylamidowym lub agarozowym i poddawano wizualizacji.

Spośród analizowanych 40 odmian pszenicy zwyczajnej zrejonyzowanych w Polsce produkty PCR o wielkości 192 par zasad (pz) świadczące o obecności genu *Rht8* stwierdzono w 8 odmianach: Bombona, Hewilla, Histra, Kosma, Legenda, Monsun, Napola i Naridana. Najwięcej odmian miało fragmenty DNA o wielkości 174 pz i 165 pz. Fragment DNA o wielkości 180 pz stwierdzono w odmianie Ostka Strzelecka, zaś produkty o wielkości 198 pz obserwowano w 8 odmianach. Spośród badanych linii hodowlanych w 19 stwierdzono obecność produktów PCR o wielkości 192 pz świadczących o obecności genu *Rht8*. W 36 badanych liniach stwierdzono obecność produktów PCR o wielkości 174 pz, w 33 liniach obserwowano produkty PCR o wielkości 165 pz i w 12 produkty o innych wielkościach.

Po wykonaniu analiz DNA spośród badanych form, obecność genu odporności na rdzę brunatną *Lr19* stwierdzono w 12 liniach hodowlanych. We wszystkich badanych liniach stwierdzono produkty amplifikacji o wielkości 774 pz wskazujące na obecność allelu recesywnego *lr21*. Spośród 230 analizowanych linii w 18 stwierdzono obecność genów *Lr35*. W badanych odmianach i liniach hodowlanych nie stwierdzono obecności genów *Lr47*.