

DOMINIKA PIASKOWSKA
PAWEŁ CZ. CZEMBOR
MAGDALENA RADECKA-JANUSIK

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Radzików
e-mail: d.piaskowska@ihar.edu.pl

Selekcja molekularna genu *Fhb1* odporności na fuzariozę kłosa w trzech populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej

Fuzarioza kłosów (ang. Fusarium Head Blight — FHB) to jedna z ważniejszych pod względem ekonomicznym chorób pszenicy wywoływanych przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Głównym problemem związanym z tą chorobą jest skażenie ziarna mykotoksynami, które są bardzo szkodliwe zarówno dla ludzi jak i dla zwierząt. Jako, że duża grupa fungicydów wydaje się być nieefektywna w zwalczaniu tej choroby, alternatywą może być wprowadzenie do pszenicy wysoce efektywnych *loci* odporności drogą krzyżowania wstecznego wspomaganego markerami molekularnymi (ang. Marker Assisted Backcrossing — MAB).

Celem niniejszej pracy była selekcja molekularna pokolenia F_2BC_2 trzech kombinacji krzyżówkowych pszenicy ozimej, do których na drodze dwóch krzyżowań wstecznych wprowadzono gen odporności na fuzariozę kłosa — *Fhb1*. Biorcami genu były linie: STH 1178 (Hodowla Roślin Strzelce), MIB 11262 (Małopolska Hodowla Roślin SHR Mikulice) i NAD 10041 (Poznańska Hodowla Roślin Oddział Wiatrowo), natomiast dawcą genu była linia AIII62 (F_3BC_2) otrzymana poprzez skrzyżowanie chińskiej odmiany Sumai 3 oraz polskiej odmiany Muszelka.

W celu potwierdzenia obecności genu *Fhb1* wykorzystano dwa polimorficzne markery SSR: UMN10 i cfb6033. Dodatkowo poszukiwano obiektów, w których doszło do rekombinacji pomiędzy markerami flankującymi (gpw3248, gwm493, gwm389 i barc12) a wprowadzanym genem, tzw. selekcja rekombinantów (ang. Recombinant Selection, RS). Celem tak pomyślanej selekcji było zmniejszenie rozmiarów segmentu chromosomu dawcy zawierającego pożądaną gen, co miało zapobiec wprowadzeniu do genomu biorcy wielu niepożądanych genów, które mogą być z nim sprzężone.

Korzystając z wspomnianego zestawu markerów przebadano 360 próbek (120 dla każdej kombinacji) i na podstawie otrzymanych wyników wybrano łącznie 44 osobniki, które posłużą jako materiał w doświadczeniach infekcyjnych.