

BOGNA MAKOWSKA
EWELINA ŻŁOTKOWSKA
MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie ul. Nowoursynowska 159, 02–776 Warszawa
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
e-mail: bogna_makowska@sggw.edu.pl

Analiza sekwencji wybranych genów kodujących białka PPR u pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)

Rosnące zainteresowanie hodowlą roślin mieszańcowych wynika zarówno ze względów ekonomicznych (wyższe plony, lepsza jakość), jak i społecznych (zabezpieczenie interesów hodowców). Pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum* L.) jest gatunkiem samopylnym, co w znaczący sposób utrudnia krzyżowanie form rodzicielskich z wykorzystaniem naturalnych procesów biologicznych. System bazujący na gametocydach — substancjach chemicznych powodujących obumarcie pyłku jest w Polsce zabroniony. O ile uzyskanie roślin matecznych (cytoplazmatycznie męskosterylnych, CMS) nie stanowi większego problemu, można to osiągnąć przez wprowadzanie sterylizującej cytoplazmy z gatunków dzikich, głównie z *T. timopheevi*, o tyle znalezienie form ojcowskich, posiadających dominujące allele *Rf* genów przywracających płodność jest bardzo trudne z uwagi na wyjątkowo rzadkie występowanie form pszenicy posiadających *Rf*. Ponadto, wiedza na temat genetycznego i molekularnego podłoża przywracania płodności u pszenicy jest nadal fragmentaryczna. Z dostępnych źródeł literaturowych wiadomo, że geny te u blisko spokrewnionych gatunków w większości (z wyjątkiem genu *Rf2* u kukurydzy (*Zea mays* L.)) kodują białka z motywem PPR, z podrodziny P. Z tego względu w 2017 roku pobrano z dostępnej wówczas bazy danych www.plantppr.com sekwencje cDNA kodujące takie białka u pszenicy. Następnie wybrano sekwencje przyporządkowane do poszczególnych chromosomów, w obrębie których wcześniejsze badania wykazały obecność genów *Rf* i, po dokonaniu kolejnej selekcji ograniczającej liczbę sekwencji kandydujących do 50, zaprojektowano startery do PCR. Pary starterów, które umożliwiły uzyskanie oczekiwanego produktu poddano amplifikacji na matrycy DNA pochodzącej z odmiany posiadającej dominujące allele *Rf*. W rezultacie otrzymano zbiór 27 sekwencji, wśród których potencjalnie może znajdować się sekwencja poszukiwanego genu *Rf*.