

Głównym celem projektu jest poznanie czynników genetycznych odpowiedzialnych za zjawisko cytoplazmatycznej męskiej sterility (CMS) typu Pampa oraz przywracanie płodności pyłku u pszenżyta poprzez analizę genomu mitochondrialnego i jądrowego linii sterylnych i płodnych.

Planowane badania obejmują: (1) Genotypowanie populacji mapującej RIL F8 z zastosowaniem technologii DArTseq oraz fenotypowanie roślin BC1F1 za pomocą bonitacyjnej skali pylenia oraz na podstawie liczby ziarniaków w kłosie; (2) Konstrukcję mapy genetycznej oraz mapowanie QTLi związanych z przywracaniem płodności pyłku oraz utrzymaniem sterility; (3) Analizę porównawczą transkryptomu linii CMS oraz linii dopełniającej z wykorzystaniem analizy RNAseq. Pylniki do izolacji RNA będą zbierane w czterech stadiach rozwojowych mikrospor: tetrad (Td), jedno- (Un), dwu- (Bn) oraz trzyjądrowym (Tn). Zostaną zidentyfikowane geny ulegające zróżnicowanej ekspresji w pylnikach roślin sterylnych i płodnych. Wyniki analizy RNAseq będą walidowane za pomocą metody ilościowej qRT-PCR; (4) Identyfikację genów ulegających zróżnicowanej ekspresji w komórkach tapetum roślin płodnych i sterylnych. Komórki tapetum będą wycinane za pomocą lasera z zastosowaniem systemu mikrodysekcji laserowej, po uprzednim utrwaleniu i sekcjonowaniu zamrożonych pylników w kriostacie. (5) Lokalizację tkankową genów ulegających zróżnicowanej ekspresji związanych z degradacją tapetum za pomocą metody hybrydyzacji in situ i wizualizacji z zastosowaniem transmisyjnego mikroskopu elektronowego; (6) Opracowanie markerów do celów selekcji roślin oraz przyszłych badań związanych ze zjawiskiem CMS Pampa u pszenżyta.

Uzasadnienie rozwiązywania problemów naukowych: Pszenżyto jest stosunkowo nową formą międzygatunkowego zboża powstałą ze skrzyżowania pszenicy i żyta. Gatunek ten cieszy się w Polsce niesłabnącą popularnością, co jest wynikiem wielu jego zalet. Pszenżyto łączy ze sobą wysoką wartość pokarmową ziarna oraz tolerancję na jakość gleby i jej zakwaszenie. W hodowli komercyjnej duże nadzieje wiąże się z możliwością zwiększenia plonu ziarna i masy zielonej poprzez wdrożenie odmian mieszańcowych. Podstawą do zorganizowania produkcji nasiennej odmian heterozyjnych jest dostępność systemów cytoplazmatycznej męskiej sterility (CMS). Dotychczas stosowany system bazujący na cytoplazmie *Triticum timopheevi* charakteryzuje niewielka dostępność linii dopełniających sterility, wysoka wrażliwość linii CMS na warunki pogodowe oraz niepełne przywracanie płodności mieszańców F1 przez linie restorerowe. Hodowla heterozyjna pszenżyta z zastosowaniem żytniej cytoplazmy sterylizującej typu Pampa stanowi konkurencyjne i dotychczas nieznane podejście w stosunku do stosowanej dotychczas cytoplazmy pszenicznej *T. timopheevi*. Zrozumienie zjawiska CMS oraz przywracania płodności pyłku u pszenżyta z wprowadzoną cytoplazmą sterylizującą typu Pampa wymaga poznania jego genetycznych podstaw. Można to osiągnąć poprzez identyfikację genów odpowiedzialnych za utrzymanie sterility i przywracanie płodności pyłku oraz ich lokalizację na chromosomach. Takie badania dają podstawę do wytypowania markerów, które mogą w przyszłości wspomóc selekcję roślin oraz przyszłe badania naukowe związane ze zjawiskiem CMS Pampa u pszenżyta.

Najważniejsze spodziewane efekty: (1) Lokalizacja chromosomowa loci genów warunkujących cechy ilościowe (QTL) związane z przywracaniem płodności pyłku u pszenżyta z CMS Pampa. (2) Określenie wkładu genomów żyta i pszenicy w ekspresję cechy przywracania płodności oraz odniesienie tych danych do analogicznych danych dla żyta z CMS Pampa i pszenżyta z CMS *T. timopheevi*. (3) Określenie mechanizmów zaangażowanych w aborcję pyłku na podstawie oceny zmian ekspresji genów w poszczególnych stadiach rozwojowych pylników roślin sterylnych i ich płodnych analogów oraz zmian ekspresji genów ściśle związanych z tapetum; (4) Identyfikacja markerów wspomagających selekcję linii sterylnych i przywracających płodność pyłku.