



GENETYKA APLIKACYJNA ROŚLIN

wyzwania XXI wieku

22-24.09.2021 Warszawa

KONFERENCJA NAUKOWA „GENETYKA APLIKACYJNA ROŚLIN - WYZWANIA XXI WIEKU”

STRESZCZENIA



SZKOŁA GŁÓWNA
GOSPODARSTWA
WIEJSKIEGO



Katedra Genetyki,
Hodowli i Biotechnologii
Roślin

SEKWENCJONOWANIE NANOPOROWE BIBLIOTEK DNA SELEKCJONOWANYCH NUKLEAZĄ CAS9 U PSZENICY ZWYCZAJNEJ

Mirosław Tyrka, Anna Spryszak

Katedra Biotechnologii i Bioinformatyki, Politechnika Rzeszowska im. I Łukasiewicza

Celem pracy była symulacja możliwości wykorzystania nukleazy Cas9 do tworzenia bibliotek wzbogaconych o sekwencje istotne dla wspomagania selekcji genotypów pszenicy zwyczajnej o poprawionym potencjale do plonowania. Celem przeprowadzonych analiz była ocena zmienności w rejonach flankujących dla 20 genów związanych z mrozoodpornością pszenicy zwyczajnej pod kątem zaprojektowania sekwencji kierujących gRNA oraz porównanie zmienności w sekwencjach z obszaru badanych genów.

Przedmiotem badania było 20 genów odpowiedzialnych za zimotrwałość zlokalizowanych na 11 chromosomach pszenicy tj. 4A: TraesCS4A01G107100; 5A: CBF-A3, CBF-A10, CBF-A13, CBF-A14, CBF-A15, VRN-A1; 6A: CBF-A18; 7A: CBF-A5; 2B: Tacc7, PPD-B1, CBF-7; 5B: VRN-B1; 7B: VRN-B3; 2D: PPD-D1; 4D: VRN-D2; 5D: VRN-D1, CBF-D1, Dhn1 i 6D: Dem. Zmienność genetyczną w genach poszerzonych o rejonny flankujące wielkości 2 tys. par zasad analizowano na podstawie sekwencji zdeponowanych w bazie Ensembl Plants dla sekwencji referencyjnej Chinese Spring (CS, IWGSC V2.1), 14 odmian pszenicy (Landmark, Stanley, Julius, Norin61, Robigus, Mace, Cadenza, Paragon, Weebill, Jagger, Arinalrfor, Claire, Mattis i Lancer) i 5 gatunków spokrewnionych (*Aegilops tauschii*, *Triticum urartu*, *T. spelta*, *T. dicoccoides* i *T. turgidum*).

Do wyszukiwania rejonów homologicznych u odmian i gatunków spokrewnionych wykorzystano sekwencje referencyjne CS z obszarów kodujących, promotorowych i 3"-końcowych oraz algorytm BLAST-N. Wykorzystując to podejście dla pięciu genów wernalizacji (Vrn-A1, Vrn-B1, Vrn-B3, Vrn-D1 i Vrn-D2) u odmian stwierdzono większą zmienność w rejonach 3"-końcowych niż w rejonach promotorowych. Wykorzystanie sekwencji z CS do identyfikacji homologów w obrębie rejonów kodujących genów wernalizacji pszenicy doprowadziło do znalezienia od 1 do 5 wariantów strukturalnych. W wyniku przeprowadzonych badań zaprojektowano zestaw gRNA do wzbogacania bibliotek o sekwencje istotne dla poprawy mrozoodporności odmian pszenicy, dostosowanej do sekwencjonowania w nanoporach.