

AGNIESZKA TOMKOWIAK, MAGDALENA MANIKOWSKA,
DANUTA KURASIAK-POPOWSKA, DOROTA WEIGT, JERZY NAWRACAŁA,
SYLWIA MIKOŁAJCZYK, JANETTA NIEMANN

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

IDENTYFIKACJA GENU *Rht8* Z WYKORZYSTANIEM MARKERA *GWM 261* U FORM PSZENICY ZWYCZAJNEJ O ZRÓŻNICOWANYM POCHODZENIU

IDENTIFICATION OF THE GENE *Rht8* WITH USING OF *GWM 261* MARKER
IN FORMS OF COMMON WHEAT WITH DIVERSE ORIGINS

Streszczenie. Spośród różnych czynników mających negatywny wpływ na plonowanie pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*) najważniejszym jest wyleganie. W hodowli jednym z najskuteczniejszych sposobów otrzymania odmian odpornych na wyleganie jest wprowadzenie genów półkarłowatości. Jednym z genów stosowanych w programach hodowlanych pszenicy zwyczajnej na świecie jest gen *Rht8*, którego obecność jest skorelowana z redukcją długości źdźbła mniej więcej o 10%. Celem pracy była identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u 15 odmian pszenicy ozimej o zróżnicowanym pochodzeniu. W wyniku wykonanych analiz stwierdzono obecność specyficznych produktów markera *GWM 261* o długości 175 pz w odmianie 'Augusta' oraz o długości 165 pz w odmianach: 'Brevor', 'Greer', 'Augusta', 'Geneva', 'Karl', 'Pionier 2548', 'Pionier 2737W'.

Słowa kluczowe: pszenica, geny półkarłowatości, *Rht8*, markery SSR

Wstęp

Zjawisko wylegania utrudnia procesy asymilacji, pogarsza warunki wegetacji oraz pociąga za sobą nieprawidłowości w rozwoju i wzroście roślin. Warunki panujące w wyległym łanie sprzyjają rozwojowi patogenów, szczególnie grzybowych, przyczyniają się do pogorszenia jakości uzyskiwanego ziarna oraz utrudniają zbiór (Roth i in., 1984; Wiersma i in., 1986).

Ograniczenie wylegania jest możliwe m.in. dzięki zastosowaniu regulatorów wzrostu. Ich działanie polega przede wszystkim na hamowaniu wzrostu wydłużeniowego źdźbeł poprzez blokowanie syntezy giberelin (Grzyś i in., 2007; Rajala i Peltonen-Sainio, 2001). Najskuteczniejszym jednak sposobem zabezpieczenia upraw przed wyleganiem jest hodowla odmian odpornych na to zjawisko, głównie poprzez wprowadzenie do ich genomu genów półkarłowatości (Gale i Youssefian, 1985; Keller i in., 1999; Kowalczyk i in., 1997b). W hodowli pszenicy zwyczajnej na świecie są wykorzystywane geny półkarłowatości *Rht-B1b* i *Rht-D1b* pochodzące od odmiany ‘Norin 10’ oraz gen *Rht8* pochodzący od odmiany ‘Akakomugi’ (Tarkowski i in., 1995). Zheleva i in. (2006) badali rozkład alleli w *locus Xgwm 261* związanym z genem półkarłowatości *Rht8* w nowych odmianach pszenicy heksaploidalnej i zaawansowanych liniach hodowlanych pochodzących z banku genów Dobrudja Agricultural Institute, G. Toshevo w Bułgarii i z banku genów CRAW, Gembloux w Belgii. W badaniach tych w odmianach pochodzących z Europy Południowo-Wschodniej znaleziono głównie formy alleliczne 192 pz w *locus Xgwm 261*. Wskazuje to na adaptację allelu 192 pz genu *Rht8* do tego regionu geograficznego. Większość odmian pszenicy znajdujących się w banku genów CRAW miała formy alleliczne 174 pz i 164 pz, tylko kilka zawierało warianty 192 pz i 196 pz (Zheleva i in., 2006).

Celem pracy była identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u 15 odmian pszenicy ozimej o zróżnicowanym pochodzeniu.

Material i metody

Przedmiotem badań było 15 odmian pszenicy ozimej o zróżnicowanym pochodzeniu, które otrzymano m.in. z kolekcji pszenicy National Small Grains Collection znajdującej się w Rolniczej Stacji Badawczej w Aberdeen, należącej do National Plant Germplasm System (USA), oraz z kolekcji Katedry Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Odmiany oraz kraje ich pochodzenia przedstawiono w tabeli 1.

Izolację DNA prowadzono, wykorzystując zestaw do izolacji DNA z roślin Genomic Mini AX PLANT firmy A&A BIOTECHNOLOGY zgodnie z procedurą dołączoną do zestawu. Stężenie DNA oznaczono za pomocą spektrofotometru NanoDrop. Próby rozcieńczano wodą destylowaną w celu uzyskania jednakowego stężenia 25 ng/μl. Reakcję PCR (ang. *Polymerase Chain Reaction*) przeprowadzono w mieszaninie o składzie: woda (5 μl), DreamTaq™Green PCR Master Mix (6,25 μl), startery (2 × 0,25 μl) i matryca DNA (1 μl).

Identyfikację markera genu *Rht8* wykonano z wykorzystaniem starterów *GWM 261* (F: 5'-CTCCCTGTACGCCTAAGGC-3'; R: 5'-CTCGCGCTACTAGCCATTG-3') zsyntetyzowanych przez firmę Integrated DNA Technologies (IDT). Amplifikowano produkt o długości 175 pz.

Amplifikacji markerów SSR-PCR dokonano za pomocą termocyklera gradientowego TProfessional Basic Gradient Thermocycler. Testowano różne warunki reakcji PCR i wybrano następujący wariant: denaturacja wstępna: 15 min w 95°C, 38 cykli (denaturacja: 30 s w 94°C, przyłączanie starterów: 30 s w 63°C, synteza: 30 s w 72°C), synteza

Tomkowiak, A., Manikowska, M., Kurasiak-Popowska, D., Weigt, D., Nawracała, J., Mikołajczyk, S., Niemann, J. (2016). Identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u form pszenicy zwyczajnej o zróżnicowanym pochodzeniu. *Nauka Przyr. Technol.*, 10, 2, #24. DOI: 10.17306/J.NPT.2016.2.24

Tabela 1. Odmiany pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*) użyte w badaniach
Table 1. Common wheat (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*) cultivars used in analysis

Odmiana Cultivar	Kraj Country	Obecność allelu 165 pz Occurrence of allele 165 bp	Obecność allelu 175 pz Occurrence of allele 175 bp
Odmiany krótkosłome – Semi-dwarf cultivars			
‘Brevor’	US	+	–
‘Greer’	US	+	–
‘Augusta’	US	+	+
‘Classic’	BE	–	–
‘Geneva’	US	+	–
‘Clark’	US	–	–
‘Karl’	CZ	+	–
‘Pionier 2548’	US	+	–
‘Pionier 2545’	US	–	–
‘Pionier 2737W’	US	+	–
‘Muszelka’	PL	–	–
‘Ozon’	DE	–	–
Kontrola negatywna – Negative control			
‘Tonacja’	PL	–	–
‘Litwinka’	PL	–	–
‘Biała Kleszczewska’	PL	–	–

„+” oznacza obecność danego fragmentu DNA charakterystycznego dla *locus Xgwm 261*.

„–” oznacza brak danego fragmentu DNA charakterystycznego dla *locus Xgwm 261*.

„+” means the presence of a given DNA fragment characteristic for the *locus Xgwm 261*.

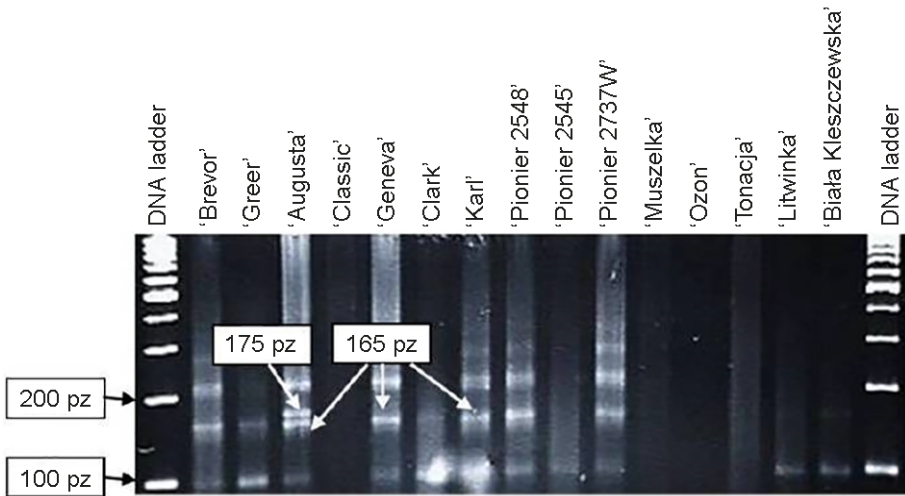
„–” means the lack of a given DNA fragment characteristic for the *locus Xgwm 261*.

końcowa: 5 min w 72°C. Elektroforezę prowadzono w żelu agarozowym o stężeniu 2,5%. Wizualizacji dokonano na transiluminatorze High Performance UV Transilluminator UVP. Obrazy archiwizowano za pomocą systemu KTE-Video.

Wyniki

W celu optymalizacji warunków reakcji PCR–SSR testowano osiem jej wariantów. Pierwotnie testowano profil zaczerpnięty z pracy Kowalczyka (2006a). Po wielu analizach oraz dokonaniu zmian w metodyce, polegających na modyfikacjach długości trwania wstępnej denaturacji, modyfikacjach wartości temperatury przyłączania starterów, a także liczby cykli, nie zaobserwowano poszukiwanego markera genu *Rht8*.

Zrezygnowano z metodyki przedstawionej w pracy Kowalczyka (2006a) i testowano profil proponowany przez Guedirę i in. (2010). Początkowo zastosowane modyfikacje spowodowały pojawienie się dużej liczby produktów niespecyficznych, docelowo wybrano wariant PCR przedstawiony w metodyce. Po włączeniu do reakcji PCR starterów przedstawionych w metodyce spodziewano się, iż zostaną wygenerowane produkty o długości 165, 175, 192, 203 lub 210 pz, które są charakterystyczne dla *locus Xgwm 261*, związanego z genem *Rht8*. Po wykonanej reakcji PCR otrzymano w odmianie ‘Augusta’ produkt o długości 175 pz, związany z genem *Rht8*, natomiast w odmianach: ‘Brevor’, ‘Greer’, ‘Augusta’, ‘Geneva’, ‘Karl’, ‘Pionier 2548’ i ‘Pionier 2737W’ otrzymano produkt o długości 165 pz, również związany z genem *Rht8* (rys. 1). Zaobserwowano także produkty niespecyficzne. Wynik ten był powtarzalny.



Rys. 1. Rozdział elektroforetyczny odmian pszenicy zwyczajnej testowanych na obecność genu *Rht8*

Fig. 1. Electrophoretic separation of common wheat cultivars tested for the presence of *Rht8* gene (pz = bp)

Dyskusja

Na początku lat pięćdziesiątych XX wieku grupa jugosłowiańskich agronomów przywiozła z Włoch do Jugosławii ziarno kilku niskich odmian pszenicy (‘San Pastore’, ‘Autonomia’, ‘Fortunato’, ‘Libellula’, ‘Mara’). Dzięki bardzo dobrym możliwościom adaptacyjnym włoskich odmian zawierających gen *Rht8* jugosłowiańskim hodowcom udało się uzyskać półkarłowate rośliny ozime, odporne na miejscowe warunki klimatyczne, charakteryzujące się bardzo dobrą plennością. Odmiana ‘Sava’ oraz inne odmiany wyprowadzone w Jugosławii dały początek większości odmian półkarłowatych pszenicy ozimej hodowanej na terenie Europy Środkowowschodniej oraz krajów należących do byłego bloku wschodniego.

Ahmad i Sorrells (2002) analizowali zmienność alleliczną 71 odmian pszenicy pochodzących z 13 krajów za pomocą starterów *WMS 261*. Wśród badanych odmian najczęściej występowały allele o długości 165 i 175 pz. Produkt 192 pz sprzężony z genem *Rht8* występował z częstością 6%. Worland i in. (2001) analizowali za pomocą metody SSR zmienność alleliczną w *locus Xgwm 261* u 800 odmian pszenicy zwyczajnej pochodzących z 20 krajów. Analizy wykazały, że długość najczęściej występujących alleli wynosiła 165 i 175 pz. Fragment o długości 192 pz występował w odmianach pochodzących z Europy Południowej. Chebotar i in. (2001) analizowali 23 ukraińskie odmiany pszenicy zwyczajnej. Uzyskane wyniki wykazały, że w większości badanych odmian obecny był allel o długości 192 pz. Autorzy ci obserwowali również fragmenty o długości 165, 175, 206 pz. Marker *WMS 261* został również wykorzystany przez Liu i in. (2005) do analizy zmienności allelicznej 408 chińskich odmian pszenicy zwyczajnej. Wspomniani autorzy zidentyfikowali 13 alleli o różnej długości występujących w *locus Xgwm 261*. Allel o długości 192 pz skorelowany z genem *Rht8* występował w 157 chińskich odmianach. Genotypy pochodzące z Chin badali również Zhang i in. (2006). Analizowali oni 220 genotypów pszenicy ozimej, z których mniej niż połowa posiadała allel o długości 192 pz sprzężony z genem *Rht8*. Knopf i in. (2008) z użyciem markera *WMS 261* analizowali 95 niemieckich odmian pszenicy zwyczajnej. U blisko 90% spośród nich występowały fragmenty o długości 165 pz i 174 pz. Allel o długości 192 pz nie wystąpił w żadnej niemieckiej odmianie. Nad odmianami i liniami pochodzącymi z Bułgarii i Belgii pracowali Zheleva i in. (2006). Analiza 174 odmian pozwoliła zidentyfikować sześć różnych alleli występujących w *locus Xgwm 261*. W efekcie 71 genotypów i linii posiadało allel o długości 192 pz. Šip i in. (2010) badali metodą SSR 76 odmian pszenicy pochodzących ze Słowacji i Czech. Wśród badanych odmian najczęściej występowały allele o długości 165 i 175 pz. Produkt 192 pz sprzężony z genem *Rht8* występował u 20 odmian. Za pomocą markera *WMS 261* Dvojković i in. (2010) szukali allelu o długości 192 pz w 98 chorwackich odmianach pszenicy zwyczajnej. Był on obecny w 84 odmianach.

Kowalczyk (2006b) analizował z użyciem markerów SSR zmienność alleliczną w *locus Xgwm 261* w 30 polskich odmianach pszenicy zwyczajnej zarejestrowanych przed rokiem 1975. Po włączeniu do reakcji PCR starterów *WMS 261* wykazał, że badane odmiany przejawiają dużą zmienność alleliczną w tym *locus*. Stwierdził obecność fragmentów DNA o różnej długości, m.in. 192 pz, sprzężonych z genem *Rht8*. Występowały one w odmianach 'Aria', 'Grana' i 'Luna'. Trzy lata później Kowalczyk i Okoń (2009) analizowali 45 polskich odmian pszenicy zwyczajnej, w których do tej pory nie określano zmienności allelicznej w *locus Xgwm 261*. Produkt o długości 192 pz, wskazujący na obecność genu karłowatości *Rht8*, zaobserwowano w siedmiu polskich odmianach pszenicy zwyczajnej ('Saga', 'Grana', 'Begra', 'Rada', 'Almari', 'Griwa', 'Monsun'). Na podstawie rodowodów stwierdzono, że gen *Rht8* zawarty w odmianach 'Almari', 'Begra', 'Grana', 'Rada' i 'Saga' pochodzi z japońskiej odmiany 'Akakomugi'.

Guedira i in. (2010) analizowali 362 odmiany pszenicy zwyczajnej, które wyprowadzono w latach 1808–2008. Celem ich badań było określenie częstotliwości występowania genów: *Rht-B1*, *Rht-D1* oraz *Rht8*. Uzyskane wyniki wykazały, że gen *Rht-B1* występował najczęściej. Jego obecność odnotowano u 45% analizowanych odmian, natomiast frekwencja gen *Rht-D1* wyniosła 28%. Obecność produktu o długości 192 pz

pozwała na stwierdzenie, że najrzadszym źródłem karłowatości jest gen *Rht8*. Występowanie jego stwierdzono u 3% badanych odmian ozimych.

Podczas prowadzonych badań wykorzystano różne warianty łańcuchowej reakcji polimerazy PCR. Zaczepnięty z metodyki Kowalczyka (2006b) profil reakcji PCR, który okazał się efektywny w identyfikacji genu *Rht8*, nie wpłynął na wygenerowanie pożądanego markera o długości 192 pz, skracającego źdźbło o 7–8 cm. W kilku wykonanych analizach otrzymano produkt o długości 50 pz. Startery zatem wygenerowały niespecyficzne produkty. Następnym etapem było wprowadzenie metodyki zaproponowanej przez Guedirę i in. (2010).

Wykorzystany z powyższej metodyki wariant reakcji PCR okazał się w pełni efektywny w identyfikacji genu *Rht8* w badanych odmianach, czego dowodzi powtarzalność wyników. Prowadzona zgodnie z przedstawioną metodyką łańcuchowa reakcja polimerazy PCR oraz elektroforeza umożliwiły stwierdzenie obecności produktów amplifikacji o długości 165 pz i 175 pz, które są charakterystyczne dla *locus Xgwm 261*, związanego z genem *Rht8*. Po wykonanej reakcji PCR otrzymano w odmianie 'Augusta' produkt o długości 175 pz, a w odmianach: 'Brevor', 'Greer', 'Augusta', 'Geneva', 'Karl', 'Pionier 2548' i 'Pionier 2737W' otrzymano produkt o długości 165 pz (rys. 1). Zaobserwowano także produkty niespecyficzne. Wykonane badania potwierdzają skuteczność markera *GWM 261* w identyfikacji różnych form allelicznych genu *Rht8* z wykorzystaniem techniki SSR-PCR.

Wyniki, które uzyskano, mogą mieć istotne znaczenie w przyspieszeniu postępu biologicznego w hodowli pszenicy i poprawie wartości agrotechnicznej polskich odmian. Do zwiększenia efektywności selekcji przyczynić się może zastosowanie w hodowli markera *GWM 261*, co w konsekwencji spowoduje obniżenie kosztów związanych z otrzymaniem odmian krótkosłomych.

Wnioski

1. W pracy udało się zidentyfikować dwie formy alleliczne: 165 pz i 175 pz, które są charakterystyczne dla *locus Xgwm 261*, związanego z genem *Rht8*.

2. Produkt o długości 165 pz zidentyfikowano w odmianach: 'Brevor', 'Greer', 'Augusta', 'Geneva', 'Karl', 'Pionier 2548' i 'Pionier 2737W', natomiast produkt o długości 175 pz zidentyfikowano w odmianie 'Augusta'.

3. Przeprowadzone badania potwierdzają skuteczność markera *GWM 261* w identyfikacji różnych form allelicznych genu *Rht8* z wykorzystaniem techniki SSR-PCR.

Literatura

- Ahmad, M., Sorrells, M. (2002). Distribution of microsatellite alleles linked to *Rht8* dwarfing gene in wheat. *Euphytica*, 123, 235–240.
- Chebotar, S. V., Korzun, V. N., Sivolap, Yu. M. (2001). Allele distribution at locus *WMS 261* marking the dwarfing gene *Rht8* in common wheat cultivars of southern Ukraine. *Russ. J. Genet.*, 37, 8, 894–899.

Tomkowiak, A., Manikowska, M., Kurasiak-Popowska, D., Weigt, D., Nawracała, J., Mikołajczyk, S., Niemann, J. (2016). Identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u form pszenicy zwyczajnej o zróżnicowanym pochodzeniu. *Nauka Przr. Technol.*, 10, 2, #24. DOI: 10.17306/J.NPT.2016.2.24

- Dvojković, K., Satović, Z., Drezner, G., Somers, D. J., Lalić, A., Novoselović, D., Horvat, D., Marić, S., Šarčerić, H. (2010). Allelic variability of creation wheat cultivars at the microsatellite locus *Xgwm 261*. *Poljoprivreda*, 16, 32–37.
- Gale, M. D., Youssefian, S. (1985). Dwarfing genes in wheat. W: G. E. Russell (red.), *Progress in plant breeding – 1* (s. 1–35). London: Butterworths.
- Grzyś, E., Grocholski, J., Demczuk, A., Sacała, E., Kulczycki, G. (2007). Wpływ regulatorów wzrostu na długość źdźbła, aktywność reduktazy azotanowej i zawartość chlorofili w liściach wybranych odmian pszenicy ozimej. *Prog. Plant Prot. / Post. Ochr. Rośl.*, 47, 3, 113–116.
- Guedira, M., Brown-Guedira, G., Van Sanford, D., Sneller, C., Souza, E., Marshall, D. (2010). Distribution of *Rht* genes in modern and historic winter wheat cultivars from the eastern and central USA. *Crop Sci.*, 50, 5, 1811–1822.
- Keller, M., Karutz, C., Schmid, J. E., Stamp, P., Winzeler, M., Keller, B., Messmer, M. M. (1999). Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat × spelt population. *Theor. Appl. Genet.*, 98, 1171–1182.
- Knopf, C., Becker, H., Ebmeyer, E., Korzun, V. (2008). Occurrence of three dwarfing *Rht* genes in German winter wheat varieties. *Cereal Res. Commun.*, 36, 4, 553–560.
- Kowalczyk, K. (2006a). Geny karłowatości i ich markery DNA w hodowli zbóż. *Post. Nauk Roln.*, 53, 157–170.
- Kowalczyk, K. (2006b). Zmienność alleliczna w locus *Xgwm 261* w polskich odmianach pszenicy zwyczajnej zarejestrowanych do 1975 roku. *Acta Agrophys.*, 8, 2, 415–421.
- Kowalczyk, K., Miazga, D., Grzesik, H. (1997a). Identyfikacja genów karłowatości niewrażliwych na egzogenny kwas giberelinowy w polskich odmianach i rodach pszenicy ozimej oraz karłowatych mutantach pszenżyta ozimego. *Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl.*, 203, 31–36.
- Kowalczyk, K., Okoń, S. (2009). Analiza zmienności allelicznej w locus *Xgwm 261* w odmianach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) zarejestrowanych w Polsce w latach 1978–2006. *Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl.*, 252, 61–66.
- Kowalczyk, K., Worland, A. J., Miazga, D. (1997b). Historia i wykorzystanie w hodowli pszenicy genów karłowatości pochodzących od Norin 10. *Post. Nauk Roln.*, 97, 63–71.
- Kowalczyk, K., Worland, A. J., Miazga, D. (1997c). Pleiotropic effects of *Rht1*, *Rht2* and *Rht3* genes in wheat isogenic lines ‘Maris Huntsman’ and ‘Maris Widgeon’. *J. Genet. Breed.*, 51, 129–135.
- Liu, Y., Liu, D., Zhang, H., Wang, J., Sun, J., Guo, X., Zhang, A. (2005). Allelic variation, sequence determination and microsatellite screening at the *Xgwm 261* locus in Chinese hexaploid wheat varieties. *Euphytica*, 145, 103–112.
- Rajala, A., Peltonen-Sainio, P. (2001). Plant growth regulator effects on spring cereal root and shoot growth. *Agron. J.*, 93, 936–943.
- Roth, G. W., Marshal, H. G., Hatley, O. E., Hill, Jr., R. R. (1984). Effects of management practices on grain yield, test weight, and lodging of Soft Red Winter Wheat. *Agron. J.*, 76, 848–850.
- Šíp, V., Chrpová, J., Žofajová, A., Pánková, K., Užík, M., Snape, J. (2010). Effects of specific *Rht* and *Ppd* alleles on agronomic traits in winter wheat cultivars grown in middle Europe. *Euphytica*, 172, 221–233.
- Tarkowski, C., Bichta, J., Kowalczyk, K. (1995). Transfer genów *Rht1*, *Rht2* i *Rht3* z ‘Maris Widgeon’ do pszenżyta odmiany ‘Presto’. *Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl.*, 95/96, 81–84.
- Wiersma, D. W., Oplinger, E. S., Guy, S. O. (1986). Environment and cultivar effects on winter wheat response to ethephon plant growth regulator. *Agron. J.*, 78, 761–764.
- Worland, A. J., Sayers, E., Korzun, V. (2001). Allelic variation at the dwarfing gene *Rht8* locus and its significance in international breeding programs. *Euphytica*, 119, 155–159.
- Zhang, X., Yang, S., Zhou, Y., He, Z., Xia, X. (2006). Distribution of the *Rht-B1b* *Rht-D1b* and *Rht8* reduced height genes in autumn-sown Chinese wheats detected by molecular markers. *Euphytica*, 152, 106–116.

Tomkowiak, A., Manikowska, M., Kurasiak-Popowska, D., Weigt, D., Nawracała, J., Mikołajczyk, S., Niemann, J. (2016). Identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u form pszenicy zwyczajnej o zróżnicowanym pochodzeniu. *Nauka Przyr. Technol.*, 10, 2, #24. DOI: 10.17306/J.NPT.2016.2.24

Zheleva, D., Todorovska, E., Jacquemin, J., Atanassov, A., Christov, N., Panayotov, I., Tsenov, N. (2006). Allele distribution at microsatellite locus *Xgwm 261* marking the dwarfing gene *Rht8* in wheat from Bulgarian and Belgian gene bank collection and its application in breeding programs. *Biotechnol. Biotechnol. Equip.*, 20, 45–46.

IDENTIFICATION OF THE GENE *Rht8* WITH USING OF *GWM 261* MARKER IN FORMS OF COMMON WHEAT WITH DIVERSE ORIGINS

Summary. Lodging is the most important of the various factors affecting yielding in common wheat (*Triticum aestivum* L. ssp. *vulgare*). In breeding one of the most effective methods to obtain cultivars resistant to lodging is to introduce semi-dwarf genes. One of the genes used in wheat breeding programs worldwide is the *Rht8* gene, whose presence is correlated with a reduction of stalk length by approximately 10%. This gene is sensitive to the action of exogenous gibberellic acid, thus it may be identified using microsatellite single sequence repeat (SSR) markers. The aim of this study was to identify the *Rht8* gene using the *GWM 261* marker in 15 winter wheat cultivars of various pedigree. The analyses showed the presence of specific products of 175 bp in cv. 'Augusta' and 165 bp in cvs. 'Brevor', 'Greer', 'Augusta', 'Geneva', 'Karl', 'Pionier 2548', 'Pionier 2737W'. This cultivar may be used in breeding programs as a source of the *Rht8* gene.

Key words: wheat, semi-dwarf genes, *Rht8*, SSR markers

Adres do korespondencji – Corresponding address:

Danuta Kurasiak-Popowska, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań, Poland, e-mail: popowska@up.poznan.pl

Zaakceptowano do opublikowania – Accepted for publication:

1.03.2016

Do cytowania – For citation:

Tomkowiak, A., Manikowska, M., Kurasiak-Popowska, D., Weigt, D., Nawracała, J., Mikołajczyk, S., Niemann, J. (2016). Identyfikacja genu *Rht8* z wykorzystaniem markera *GWM 261* u form pszenicy zwyczajnej o zróżnicowanym pochodzeniu. *Nauka Przyr. Technol.*, 10, 2, #24. DOI: 10.17306/J.NPT.2016.2.24