GÖTEBORGS UNIVERSITET

Mutagenesis in Wheat:
An approach to make saline green!

Johanna Lethin
Institutionen för biologi och miljövetenskap
Naturvetenskapliga fakulteten

Akademisk avhandling för filosofie doktorsexamen i Biologi, som med tillstånd från Naturvetenskapliga fakulteten kommer att offentligt försvaras fredag den 29e april 2022 kl. 10.00 i Hörsalen, Institutionen för biologi och miljövetenskap, Carl Skottsbergs gata 22B (Botanhuset), Göteborg, Sverige.

ISBN: 978-91-8009-735-2

GÖTEBORGS UNIVERSITET

Svensk summering

Den ökande salthalten i jorden runt om i världen har studerats brett under de senaste decennierna på grund av den bidragit med massiva förluster av jordbruksmark för bönderna över hela världen. Idag kan cirka 8 % av världens åkermark inte längre användas för växtodling på grund av saltföroreningar, och mer än hälften av världens länder är drabbade. Vete är det näst mest odlade spannmålet och täcker mer jordbruksland på jorden än någon annan gröda. Veteproduktionen behöver ökas för att möta efterfrågan från den växande världsbefolkningen. Möjligheten att odla vete på saltpåverkad jord är avgörande för att föda befolkningen och undvika ekonomiska förluster för länderna.

I denna avhandling användes den Bangladeshiska vetesorten BARI Gom-25 som källa för den mutageniserade populationen på grund av dess redan måttliga salttolerans, och därefter som kontroll till vår population. I denna studie har punktmutationer introducerats i vetet. Fördelen är att man skapa en population med hög genetisk variation för att utveckla nya salttoleranta sorter. Från en screening av grobarhet från cirka 2000 linjer på filterpapper med 200 mM NaCl identifierades 70 linjer som uppvisade en högre grobarhet än BARI Gom-25-kontrollen och testades ytterligare i fält i Bangladesh (Paper I). Trettiofem av dessa linjer har analyserats vidare i en växtfenotypisk anläggning i Adelaide, Australien. I dessa experiment bestämdes avkastning, tillväxt, joninnehåll, och vattenanvändning i utvalda linjer (Paper II). I Paper III och IV användes bioinformatiska verktyg som ett tillvägagångssätt för att leta efter transkriptionsfaktorer involverade i salttolerans i vetets genomsekvens. Fokus låg på två olika familjer av transkriptionsfaktorer; WRKY (Paper III) och MYB (Paper IV). Studierna illustrerade vikten av den biologiska regleringen av salttolerans och ökade förståelsen bakom de involverade mekanismerna. Dessutom lyfte den fram förmodade gener reglerade av WRKY- och MYB-transkriptionsfaktorer som kan vara nyckeln för att förstå resultaten från Paper I och II.

Denna avhandling pekar på vikten av salttoleranta grödor i allmänhet, och vete i synnerhet, och visar hur mutationsförädling kan vara en stor tillgång i utvecklingen av salttoleranta sorter. Specifika mutageniserade vetelinjer med stark salttolerans identifieras baserat på deras prestanda mot olika parametrar, och vikten av WRKY- och MYB-transkriptionsfaktorfamiljer i den biologiska regleringen av salttolerans visas liksom förslag på gener involverade i de observerade fenotyperna.