

Rozprawa doktorska pt.

Identyfikacja genów odporności na mączniaka prawdziwego zbóż (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w odmianach miejscowych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)

mgr Urszula Joanna PIECHOTA

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Pracownia Genetyki Stosowanej*

o nadanie stopnia doktora nauk rolniczych w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie agronomii

Promotor: dr hab. Paweł Czembor prof. Instytutu

STRESZCZENIE

Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest jednym z najważniejszych gospodarczo zbóż i zajmuje czwarte miejsce pod względem areалу upraw na świecie. Mączniak prawdziwy, powodowany przez grzyb patogeniczny *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, jest jedną z najważniejszych chorób wpływających negatywnie na ilość i jakość plonu jęczmienia. Ograniczona pula genów odporności wykorzystywanych w odmianach uprawnych stwarza potrzebę poszukiwania i identyfikacji nowych źródeł odporności. Głównym celem pracy była identyfikacja nowych efektywnych genów odporności na mączniaka prawdziwego jęczmienia.

W pracy analizowano linie jęczmienia jarego 255-3-3 oraz 173-1-2 wyselekcjonowane z odmian miejscowych pochodzących z Maroko. Linie te różniły się profilem odporności od genotypów jęczmienia zawierających znane geny odporności, co wskazuje na możliwość występowania w nich nowych genów odporności. Na potrzeby analiz genetycznych i molekularnych skrzyżowano badane linie z odmianą podatną Manchuria. Analizę genetyczną przeprowadzono dla populacji pokolenia F₂ oraz F₃ 255-3-3 × Manchuria oraz 173-1-2 × Manchuria. Analizę molekularną części homozygot F₂ prowadzono na platformie DArTseq (Diversity Arrays Technology, Pty. Ltd.). Na podstawie otrzymanych wyników wyselekcjonowano markery DArTseq sprzężone z odpornością, które konwertowano na markery typu allelo-specyficznego PCR (AS-DArT). Wykorzystano je do analizy pełnych populacji F₂ 255-3-3 × Manchuria oraz 173-1-2 × Manchuria. Analiza polimorfizmu markerów DArTseq oraz AS-DArT posłużyła do konstrukcji map genetycznych zawierających geny odporności badanych linii.

Analiza genetyczna wykazała zgodność segregacji odporności z teoretycznym modelem dziedziczenia cechy warunkowanej pojedynczym genem. Otrzymane wyniki wskazują, że linia 255-3-3 ma gen dominujący, a linia 173-1-2 – gen recesywny odporności na mączniaka prawdziwego. Otrzymano częściowe mapy genetyczne chromosomu 2H oraz 6H. Zidentyfikowano locus odporności linii 255-3-3 na krótkim ramieniu 2H w pobliżu markera DArTseq 3255919 zlokalizowanego na 2,12 cM na konsensusowej mapie jęczmienia oraz o fizycznej lokalizacji chr2H:1839535-1839603 na genomie referencyjnym jęczmienia Hv_IBSC_PGSA_v2, a linii 173-1-2 – na długim ramieniu 6H, sprzężony z markerem DArTseq 3432488 zmapowanym na 119,23 cM oraz o fizycznej lokalizacji chr6H:581611024-581611092.

W wyniku przeprowadzonych badań zidentyfikowano dwa nowe nie opisane w literaturze geny odporności jęczmienia na mączniaka prawdziwego. Zgodnie z przyjętą nomenklaturą gen odporności linii 255-3-3 nazwano *MIMor*, a linii 173-1-2 – *mlmr*. 13

Doctoral thesis entitled:
**Identification of powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) resistance genes
in a barley landraces (*Hordeum vulgare* L.)**

SUMMARY

Barley (*Hordeum vulgare*) is one of the most economically important cereal and poses fourth place in the world by harvest area. Powdery mildew, caused by pathogenic fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, is one of the most important disease decreasing quantity and quality of the yield. Since there is a limited number of resistance genes presented in cultivated crop varieties, there is a need for search and identification of new sources of resistance. The main goal of this study was to identify the potential new genes for barley resistance to powdery mildew.

Barley lines 255-3-3 and 173-1-2 selected from the Moroccan landraces were analysed in this study. Since these lines revealed different resistance spectra from barley genotypes possessed known resistance genes, they possibly carry new resistance genes. Populations derived from a cross of resistant lines with susceptible cultivar Manchuria were used for genetic and molecular analysis. Genetic analysis was conducted for F₂ and F₃ progenies of 255-3-3 × Manchuria and 173-1-2 × Manchuria. Molecular analysis of F₂ homozygotes were carried out on the DArTseq platform (Diversity Arrays Technology, Pty. Ltd.). Based on the results, significantly associated DArTseq markers were selected for conversion into allele-specific PCR markers (AS-DArT). They were used to analyse the whole F₂ populations of 255-3-3 × Manchuria and 173-1-2 × Manchuria. Analyse of DArTseq and AS-DArT markers polymorphism was used for genetic maps construction. These maps contained resistance genes of analysed lines.

Genetic analysis revealed segregation ratios consistent with theoretical model for single gene inheritance. Results indicate that the 255-3-3 line carries the dominant, and the 173-1-2 line carries the recessive powdery mildew resistance gene. Partial genetic maps of the 2H and 6H chromosome were calculated. The 255-3-3 resistance locus was identified on the 2HS chromosome near DArTseq marker 3255919 mapped previously at 2.12 cM on a barley consensus map and with physical location at chr2H:1839535-1839603 in reference genome Hv_IBSC_PGSB_v2 and 173-1-2 – on the 6HL linked to DArTseq marker 3432488 mapped at 119.23 cM and chr6H:581611024-581611092. 14

The results provide evidence for the novelty of two barley genes conferring resistance to powdery mildew identified in this study. These genes have not been previously reported in the literature. According to nomenclature recommendations, the resistance gene of the 255-3-3 line was designated *MIMor*, and the 173-1-2 – *mlmr*.

Radzików, 12 grudnia 2019 r.

(-) Urszula J. Piechota