

Rozprawa doktorska pt.

**Identyfikacja genów odporności na rdzę karłową (*Puccinia hordei* Otth.) w odmianach miejscowych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.).**

**mgr Piotr SŁOWACKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie  
Zakład Biologii Stosowanej

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

Promotor: dr hab. Paweł Czembor prof. Instytutu

**Streszczenie**

Jęczmień uprawny (*Hordeum vulgare* L.) jest jednym z najważniejszych zbóż na świecie. Pod względem światowego areалу upraw zajmuje czwartą pozycję, zaś w Polsce trzecią. Głównym przeznaczeniem ziarna jęczmienia jest produkcja pasz dla zwierząt oraz słodów używanych przy produkcji piwa. Zagrożeniem dla ilości jak i jakości plonu są m. in. choroby, takie jak rdza karłowata jęczmienia (czynnik sprawczy grzyb *Puccinia hordei* Otth.). Zgodnie z założeniami Europejskiego Zielonego Ładu należy redukować ilość substancji chemicznych używanych w uprawach. Nacisk kładzie się na rozwiązania alternatywne jak wprowadzanie odmian z genami odporności na choroby. Odmiany miejscowe stanowią bogate źródło zmienności oraz potencjalnie nowych efektywnych genów odporności.

Obiektem badań były dwie linie jęczmienia jarego, Ph837-2 oraz Ph4974-4, wyselekcjonowane z odmian miejscowych pochodzących z Tunezji i Włoch (Sardynia). Charakterystykę odporności badanych linii określono przy użyciu 22 izolatów *P. hordei* o zróżnicowanym profilu wirulencji. Badane linie skrzyżowano z linią podatną L94. Populację Ph837-2 × L94 oceniano fenotypowo w pokoleniu F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub> (w celu określenia sposobu dziedziczenia cechy odporności na *P. hordei*) oraz F<sub>7</sub>. Populację Ph4974-4 × L94 stanowił zestaw linii podwojonych haploidów (linii DH), które posłużyły zarówno do określenia sposobu dziedziczenia genu oraz analiz genetycznych. W przypadku populacji Ph837-2 × L94, analizy genetyczne polegały na zastosowaniu łącznej analizy segregantów (ang. bulk segregant analysis, BSA) pokolenia F<sub>2</sub> i genotypowania na platformie DArT-seq roślin pokolenia F<sub>7</sub>. Te same metody analizy (BSA i markery DArT-seq) wykorzystano przy analizie linii DH populacji Ph837-2 × L94. Przeprowadzono testy alleliczności badanych genów względem znanych genów odporności zlokalizowanych w tych samych rejonach chromosomu.

Testy fitopatologiczne wykazały, że linie Ph837-2 oraz Ph4974-4 mają odporność inną niż linie/odmiany o znanych genach odporności na *P. hordei*. Analiza DArT-seq pozwoliła na skonstruowanie map genetycznych chromosomu 1H oraz 2H zawierających *loci* odporności badanych linii, odpowiednio dla Ph4974-4 oraz Ph837-2. Część markerów DArT-seq sprzężonych z badanymi genami odporności zlokalizowana została w obrębie genów, które kodują białka kojarzone z reakcją odporności rośliny na choroby. Test alleliczności pozwolił stwierdzić, że gen *Rph837-2* dziedziczy się niezależnie od genów *Rph14*, *Rph15*, *Rph16* i *Rph17* oraz wskazywał na jego obecność w *locus Rph1* lub bliskie z nim sprzężenie. Natomiast odmienny profil odporności *Rph837-2* i *Rph1* względem tego samego zestawu izolatów *P. hordei* świadczył o ich odrębności. Test alleliczności genu *Rph4974-4* wykazał jego obecność w *locus Rph4* lub bliskie z nim sprzężenie, ale zróżnicowana reakcja na zakażenie zestawem izolatów *P. hordei* wskazuje na odrębność obu genów. Nie zbadano powiązań między *Rph4974-4* a *Rph*<sub>MBR1012</sub>.

Doctoral thesis entitled:

**Identification of leaf rust (*Puccinia hordei* Otth.) resistance genes in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces.**

**Summary**

Cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the most important cereals worldwide. It ranks fourth globally and third in Poland when considering acreage. Barley grain is mainly used as animal fodder and malt in breweries. A threat to the quantity and quality of the yield is posed by, among others, diseases, such as barley rust (causal agent is the fungus *Puccinia hordei* Otth.). The European Green Deal imposes new regulations that require less use of chemicals in crops. It encourages the use of non-chemical alternatives such as growing plant varieties with resistance genes. Landraces are a good source of genetic variation and can carry new resistance genes.

Two spring barley landraces, one from Tunisia and one from Italy (Sardinia) were used to select lines Ph873-2 and Ph4974-4 studied in this work. Their resistance profiles were defined using 22 *P. hordei* isolates with a broad spectrum of virulence. The forementioned lines were crossed with susceptible cultivar L94. The population Ph873-2 × L94 was inoculated and phenotyped at F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub> (to determine how the trait of resistance to *P. hordei* is inherited) and F<sub>7</sub> generation. The Ph4974-4 × L94 population was a set of doubled haploid lines (DH lines), which were used for both mode of inheritance of the gene and genetic analyses. For the Ph873-2 × L94 population, genetic analyses consisted of bulk segregant analysis (BSA) for the F<sub>2</sub> generation and genotyping on the DArT-seq platform of F<sub>7</sub> generation plants. Genotyping on the DArT-seq platform was used to analyze the DH lines of the Ph4974-4 × L94 population. Allelism tests were carried out with known resistance genes located on the same chromosomes as *Rph873-2* and *Rph4974-4*.

Infection types for line Ph873-2 and Ph4974-4 have demonstrated resistance that differed from lines/varieties with known resistance genes to *P. hordei*. DArT-seq analysis enabled construction of genetic maps of chromosome 1H and 2H containing *loci* of the studied resistance genes. A few DArT-seq markers that were linked with studied resistance genes, were located within genes that encode proteins associated with the plant disease resistance response. Allelism tests have proved that genes *Rph14*, *Rph15*, *Rph16* and *Rph17* are independent of *Rph873-2*. The tests also proved that *Rph873-2* was located in the *Rph1* locus or closely linked. However the infection types for *Rph873-2* and *Rph1* differed, which suggests that they are two independent genes. Allelism test for *Rph4974-4* has shown its presence in the *locus* of *Rph4* or a close linkage. The infection types for both genes were different which suggests that they are also two independent genes. The relationship of *Rph4974-4* and *Rph<sub>MBR1012</sub>* has not been defined.