

**4-1-04-3-01: „Współdziałanie odporności na mączniaka (*Blumeria graminis f.sp. hordei*) warunkowanej genem *mlo* z wartością cech gospodarczych jęczmienia ozimego (Prof. Jerzy H. Czembor).**

Cele zadania:

1. Zadanie obejmowało „3” tematy:

1). Temat badawczy 1. (A). Ocena polowa i selekcja linii  $F_5BC_2$  wysianych w doświadczeniu polowym 1-powtórzeniowym w trzech miejscowościach pod względem oceny plenności, odporności na choroby i wyleganie. (B). Wybór roślin oraz rozmnożenie homozygotycznego dla genu *mlo* (*mlomlo*) i *Mlo* (*MloMlo*) materiału roślinnego w celu przeprowadzenia doświadczeń z liniami  $F_6BC_2$ .

Celem tematu badawczego 1 była ocena linii  $F_5BC_2$  homozygotycznych dla genu *mlo* a uzyskanych w 2017 roku, a następnie wybór oraz rozmnożenie do dalszych badań sublinii  $F_6BC_2$  na podstawie ocen ważnych pod względem gospodarczym cech, w tym odporności na choroby i potencjału plonowania.

2). Temat badawczy 2. Ocena plenności i innych cech wartości gospodarczych w doświadczeniu 4-powtórzeniowym linii  $F_5BC_2$ . Wybór linii o wysokiej wartości cech gospodarczych do doświadczenia 4-powtórzeniowego w trzech miejscowościach 2018/19 roku w Radzikowie.

Celem tematu badawczego 2 była ocena plonowania i odporności na ważne choroby linii  $F_5BC_2$  wybranych na podstawie oceny pod kątem odporności na choroby oraz o korzystnych cechach gospodarczych w roku 2017 w Radzikowie.

3). Temat badawczy 3. Ocena fenotypowa i molekularna roślin  $F_6BC_2$  reprezentujących linie włączone do reSelekcji w warunkach polowych w 2018 roku.

Celem tematu badawczego 3 była ocena fenotypowa i molekularna ok. 1000 roślin  $F_6BC_2$  reprezentujących 100 - 150 linii wytypowanych do badań i reSelekcji w warunkach polowych w ramach realizowanych tematów badawczych.

Ad 1). Wyniki:

A. W warunkach polowych oceniono wielośrodowiskowo 200 linii wyprowadzonych z siewek pojedynczych roślin należących do 4 populacji mieszańcowych o genotypie *mlomlo* pokolenia  $F_5BC_2$  jęczmienia ozimego (po około 50 linii na populację). Homozygotyczność genotypu *mlomlo* określona została w ocenie fenotypowej i molekularnej, odpowiednio testem fitopatologicznym i markerami molekularnymi w roku poprzednim. W okresie wegetacji wykonane zostały oceny cech: stan roślin przed zimą, stan po zimie, odporność na choroby, wczesność i wysokość (zgodnie z metodyką COBORU). W trakcie sezonu wegetacyjnego nie stwierdzono dużego nasilenia mączniaka prawdziwego, a odporność wszystkich 200 linii i 4 form rodzicielskich oceniono w zakresie 7 – 9. Znacznie większe zróżnicowanie stwierdzono w przypadku wystąpienia rdzy karłowej. W obrębie populacji (*Souleyka* × *BKH 735*) × *Souleyka* oraz (*Linia 42* × *Metaxa*) × *Metaxa* można było wydzielić kilka obiektów, których porażenie w Wiatrowie i Szelejewie oceniono na 4 (średni stopień porażenia dla tych populacji wahał się w zakresie 6.1 – 6.5). Linie należące do populacji (*Titus* × *BKH 735*) × *Titus* były w mniejszym stopniu porażone rdzą karłowatą w stosunku do pozostałych populacji (średnia powyżej 7.0 we wszystkich lokalizacjach). Natomiast były one bardziej podatne na rynchosporiozę (zakres ocen 3 – 9, średnie w zależności od lokalizacji 6.7 – 7.8). W żadnej z lokalizacji nie stwierdzono dużego nasilenia żółtej karłowatości jęczmienia.

B. W warunkach polowych oceniono 490 siewek należących do 4 populacji mieszańcowych pokoleń  $F_5BC_2$  jęczmienia ozimego w genomie, których w roku poprzednim potwierdzono fenotypowo i molekularnie obecność genu *mlo*, rozmnożono i do dalszych doświadczeń wielośrodowiskowych wybrano 200.

Ad 2). Wyniki:

Do badań wykorzystano 35 linii  $F_5BC_2$  jęczmienia ozimego, o genomie *mlomlo* określonym w ocenie fenotypowej i molekularnej - odpowiednio testem fitopatologicznym i markerami molekularnymi.

Doświadczenie założono w jednej lokalizacji w Radzikowie. Układ doświadczeń: doświadczenie 4-powtórzeniowe; poletka 10m<sup>2</sup> do zbioru. W okresie wegetacji wykonano oceny w skali stosowanej w COBORU: stan roślin przed zimą (1) oraz po zimie (2), porażenie przez choroby: mączniak prawdziwy (3),

rdza karłowa (4), żółta karłowatość jęczmienia (5), rynchosporioza (6), oznaczony zostanie termin kłoszenia (7), wysokość roślin (8) oraz plon (9). Na podstawie analiz statystycznych wykonanych za pomocą programu ADOWBLOK-(TP) wykazano istotne zróżnicowanie pomiędzy badanymi liniami w obrębie każdej populacji, oraz wskazano linie plonujące powyżej odmian wzorcowych i wytypowano je do dalszych badań. Łącznie wytypowano 9 linii 6-rzędowych i 7 2-rzędowych.

#### *Ad 3). Wyniki:*

Siewki 1000 roślin  $F_6BC_2$  w stadium pierwszego liścia zostały zakażone izolatem Bgh 27 i po 8 dniach ocenione w pod względem reakcji na infekcję w skali: 0(4)-4 gdzie 0(4) oznacza odporność typu *Mlo* i 4 – podatność. Próbkę drugiego liścia zostały wykorzystane do analiz molekularnych, które prowadzono z wykorzystaniem dwóch markerów HVMlo1 oraz HVMlo3.

Liczba obiektów wytypowanych do dalszych badań na podstawie wyników testu fitopatologicznego i analiz molekularnych to: formy sześciorzędowe (Souleyka × BKH 735) × Souleyka - 194 linii; Titus × BKH 735) × Titus - 185 linii, formy dwurzędowe (Linia 42 × SU Vireni) × SU Virerni - 207 linii, (Linia 42 x Metaxa) x Metaxa – 250 linii

## **2. Podsumowanie i wnioski:**

### *Najważniejsze osiągnięcia naukowe i praktyczne*

Gen *mlo* warunkuje odporność form jarych na wszystkie znane patotypy *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*, sprawcy mączniaka prawdziwego. Brak jest form ozimych, których odporność na mączniaka prawdziwego jest warunkowana tym genem. Prowadzenie równoczesnej selekcji metodami molekularnymi i na podstawie testów fitopatologicznych w obrębie populacji mieszańcowych pod względem recesywnego genu *mlo* warunkującego odporność na mączniaka prawdziwego jęczmienia (*B. graminis* f.sp. *hordei*) zwiększa skuteczność trafnego wyboru homozygotycznych roślin o odporności typu *Mlo*. Brak jest doniesień na temat odmian jęczmienia ozimego z genem odporności *mlo* na mączniaka. Analizy molekularne mające na celu wykazanie obecności genu *mlo* należy prowadzić z wykorzystaniem dwóch markerów HVMlo1 oraz HVMlo3. W populacjach  $F_6BC_2$ , które włączono do bieżących badań marker HVMlo1 okazał się mniej efektywny ponieważ często nie wykazywał polimorfizmu. Jednak analizy prowadzone z wykorzystaniem tego markera pozwoliły również wskazać genotypy z genem *mlo*, które na podstawie analiz prowadzonych z wykorzystaniem markera HVMlo3 włączono do grupy roślin o niezidentyfikowanym profilu lub do grupy roślin o profilu heterogenicznym. Testy fitopatologiczne również potwierdzały jego obecność.

### *Wykorzystanie uzyskanych wyników:*

Linie pokolenia  $F_5BC_2$ , jęczmienia ozimego o wysokiej odporności na mączniaka prawdziwego, inne ważne pod względem choroby oraz o wysokiej plenności mogą zostać wykorzystane w dalszych programach hodowlanych.

### *Krótką informacją o wynikach współpracy naukowo-technicznej krajowej*

Ocena polowa linii pokolenia  $F_5BC_2$ , jęczmienia ozimego pod względem plenności, wylegania i odporności na choroby przy infekcji naturalnej prowadzona była we współpracy z Poznańską Hodowlą Roślin oraz HR Danko.

### *Wykaz prac opublikowanych w roku sprawozdawczym:*

#### *Wykłady:*

#### *Plakaty:*

Czembor J.H., Pietrusińska A., Smolińska K. 2018. Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in winter barley in Poland. 6<sup>th</sup> Global Summit on Plant Science Theme: "Plants in a Changing Environment, 29-30.10.2018r, Hiszpania, Walencja.