



Nr zadania **27**

**Współdziałanie odporności na mączniaka
(*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*)
warunkowanej genem mlo z wartością
cech gospodarczych jęczmienia ozimego**

Kierownik tematu: Prof. dr hab. Jerzy H. Czembor
Wykonawca: dr Aleksandra Pietrusińska

Krajowe Centrum Zasobów Genowych
Pracownia: Gromadzenia i Oceny Roślin

ZAŁOŻENIA

Projekt zakłada -

uzyskanie **genotypów jęczmienia ozimego o odporności na mączniaka prawdziwego jęczmienia (*B. graminis* f.sp. *hordei*) - warunkowanej wysoce efektywnym genem *mlo*** przy równoczesnym zachowaniu częściowej odporności wnoszonej przez odmiany biorców.

Oszacowanie **wartości jarych odmian jęczmienia - jako źródła odporności jęczmienia ozimego na mączniaka prawdziwego traw (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*)** dla uzyskania genotypów jęczmienia ozimego o wysokich wartościach ważnych cech gospodarczych.

Oryginalność badań wynika z faktu, w dostępnej literaturze brak doniesień o **odmianach jęczmienia ozimego z genem *mlo*** dobrze przystosowanych do **polskich warunków środowiska**.

Nie ma takich odmian również w doborze odmian jęczmienia ozimego w Niemczech, W. Brytanii, Danii, Czechach (Listy opisowe wymienionych krajów za 2012, 2013 lub 2014 rok).

Odmiany wielorzędowe, typu pastewnego – formy ozime

SOULEYKA (d. NORD 03025/3) DE

- **Plenność bardzo dobra.**
- **Przyrost plonu przy uprawie na wysokim poziomie agrotechniki wyższy niż średnio dla zarejestrowanych odmian w Polsce.**
- **Odporność na mączniaka warunkach polowych średnia**
- **Gen odporności na mączniaka MI Lv (Laverda).**

TITUS (d. BE200010170) DE

- **Plenność dobra do bardzo dobrej.**
- **Przyrost plonu przy uprawie na wysokim poziomie agrotechniki poniżej średniej.**
- **Odporność na mączniaka prawdziwego– średnia.**
- **Geny odporności na mączniaka Mla6, Mla14.**
- **Lista Opisowa Odmian COBORU 2015., Lista Opisowa Odmian, Niemcy 2015.**

Odmiiany dwurzędowe typu pastewnego – formy ozime

SU VIRENI (d. AC 03/248/15) DE

- **Plenność bardzo dobra.**
- **Przyrost plonu przy uprawie na wysokim poziomie agrotechniki przeciętny.**
- **Zimotrwałość prawie średnia.**
- **Odporność na mączniaka prawdziwego – dość mała.**
- **Odporność warunkowana genem Mlra (Ragusa).**

METAXA (d. AC 99/078/23) DE

- **Plenność średnia. Przyrost plonu przy uprawie na wysokim poziomie agrotechniki przeciętny.**
- **Odporność na mączniaka prawdziwego – średnia.**
- **Odporność na mączniaka warunkowana jest genami Mla6, Mla14.**
- **Lista Opisowa Odmian COBORU 2015; Lista Opisowa Odmian, Niemcy 2015.**

Cele tematów badawczych

Lp.	Cel	Czy cel został zrealizowany
1.	Rozmnożenie roślin F_3BC_2 homozygotycznych dla genu mlo uzyskanych w 2015 i ocena 867 sublinii F_4BC_2	tak
2.	Ocena cech wartości gospodarczej 200 linii w wielośrodowiskowym doświadczeniu 1-powtórzeniowym	tak
3.	Wybór na podstawie ocen w zadaniu 1 i 2 linii F_4BC_2 do doświadczeń w 3 miejscowościach i do reselekcji w roku 2017	tak
4.	Ocena fenotypowa i molekularna ok. 1000 roślin F_4BC_2 reprezentujących materiały wybrane do badań w roku 2017	tak

Temat badawczy 1 - Cele

- ▶ **rozmnożenie roślin 4 populacji pokolenia F_3BC_2**

(homozygotycznych dla genu *mlo*; uzyskanych w 2015 r.)

- ▶ **wybór linii F_4BC_2 do dalszych badań**

(podstawa wyboru: oceny ważnych cech gospodarczych, w tym odporności na choroby, wyrównania i potencjału plonowania)

Temat badawczy 1 – Materiały i metody

- Rozmnażano **867** roślin (siewek) należących do 4 populacji mieszańcowych **mlomlo pokoleń F_3BC_2** (wytypowane do dalszych badań w 2015 r.)
- Lista populacji mieszańcowych pokoleń F_3BC_2 jęczmienia ozimego oraz liczba roślin w obrębie każdej populacji:
 - ✓ 6-rzędowe: (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka – **212** roślin,
(BKH 735 x Titus) x Titus – **193** roślin,
 - ✓ 2-rzędowe: (linia 42 x SU Vireni) x SU Vireni – **223** roślin,
(linia 42 x Metaxa) x Metaxa – **239** roślin.

Temat badawczy 1

- Rośliny pokoleń F_3BC_2 rozmnożono warunkach polowych 2015/16
- Siew punktowy, poletka doświadczalne w Radzikowie

Wykonane obserwacje – rok 2016:

- odporność na choroby: mączniak prawdziwy, rdza karłowa,
plamistość siatkowana
- wyrównanie
- potencjał plonowania

(zgodnie z metodyką COBORU; skala 1-9).

- Wytypowano 200 linii F_4BC_2 (po 50 z każdej kombinacji)
- Linie te charakteryzowały się wysoką odpornością na choroby oraz wysokim potencjałem plonowania
- wysiano w 3 lokalizacjach: Radzików, Wiatrowo, Szelejewo

Mierniki dla tematu badawczego 4.1.

Lp.	miernik ¹	wartość miernika planowana	Wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba badanych populacji mieszańcowych F_4BC_2	4	4
2.	Liczba ocenianych sublinii w szkółce polowej	867	867
3.	Liczba wybranych sublinii do oceny w 2017 roku.	200	200

Temat badawczy 2 - Cel

- ✓ Ocena wartości gospodarczej, w tym odporności na ważne choroby, **200 linii F₃BC₂** w różnych środowiskach przyrodniczo-rolniczych.

Temat badawczy 2 – Materiał i metody

- ✓ 200 linii pokolenia F₃BC₂ (wysiane w okresie jesiennym 2015r.)
- ✓ 3 lokalizacje: Radzików, Szelejewo, Wiatrowo
- ✓ układ doświadczeń: doświadczenie 1-powtórzeniowe; poletka 1-rzędkowe; wzorce: BKH 735, Souleyka, Titus, L42, SU Vireni, Metaxa.

Temat badawczy 2 - Wyniki

Warunki pogodowe w okresie zimowym w sposób istotny wpłynęły na przebieg doświadczeń i uzyskane wyniki :

- **WIATROWO** skrajnie niekorzystne; stan roślin poszczególnych linii po zimie oceniono w zakresie 1 - 3. Wyniki były podstawą likwidacji doświadczenia
- **RADZIKÓW** zima była bardziej łagodna. Stan przezimowania oceniono w zakresie 3 - 7, z przewagą ocen na 5. Pozwoliło na ocenę ich zdrowotności. Widoczne było różnicowanie pod względem odporności na plamistość siatkowaną. Nie stwierdzono występowania mączniaka prawdziwego traw, rdzy karłowej, rdzy żółtej
- **SZELEJEWO** stan roślin po zimie (przezimowanie) oceniono jako dobre i oceny zostały wykorzystane do wyboru linii następnego pokolenia (F_4BC_2) do dalszych badań (w sezonie 2016/2017). Nasilenie chorób było znikome, stwierdzono niewielkie porażenie mączniakiem. Dlatego podstawą wyboru linii do dalszych badań były oceny wartości cech gospodarczych – **łącznie 100 linii (z 200 włączonych do badań)**

Liczba linii wytypowanych do dalszych badań w obrębie populacji:

6-rzędowe łącznie 48 linii: (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka – **22**,
(BKH 735 x Titus) x Titus – **26**,

2-rzędowe łącznie 52 linie: (linia 42 x SU Vireni) x SU Vireni – **26**,
(linia 42 x Metaxa) x Metaxa – **26**.

Mierniki dla tematu badawczego 2

Lp.	miernik ¹	wartość miernika planowana	wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba linii pochodzących z 4 badanych populacji mieszańcowych F ₄ BC ₂ (badanych w 3 lokalizacjach)	200	200
2	Liczba obserwowanych cech	7	7



Temat badawczy 3 – Cel

- ✓ **Założenie doświadczeń i wybór linii F_4BC_2 do dalszych badań wielośrodowiskowych i reSelekcji**



Temat badawczy 3 – Materiały i metody

✓ 100 linii wytypowanych w Szelejewie (temat badawczy 2):

6-rzędowe łącznie **48 linii**: (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka – **22**,

(BKH 735 x Titus) x Titus – **26**,

2-rzędowe łącznie **52 linie**: (linia 42 x SU Vireni) x SU Vireni – **26**,

(linia 42 x Metaxa) x Metaxa – **26**.

✓ Założono doświadczenie 1-powtórzeniowe w Radzikowie, poletka

5m² (jesień 2016)

✓ Wzorce odmiany / linie: BKH 735, Souleyka, Titus, L42, SU Vireni,

Metaxa.

- ✓ Złe warunki pogodowe w sezonie zimowym 2015 / 2016 spowodował wymarzenie rozmnażanych linii w Wiatrowie i Radzikowie (temat badawczy 2) oraz ograniczenie ilości dostępnego materiału siewnego
- ✓ Dlatego założono doświadczenie w 1 lokalizacji

Mierniki dla tematu badawczego 3

Lp.	miernik ¹	wartość miernika planowana	Wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba wybranych linii pochodzących z 4 populacji mieszańcowych włączonych do badań	100	100
2.	Liczba lokalizacji założonych doświadczeń	3	1*



Temat badawczy 4 – Cel

- ✓ Ocena fenotypowa i molekularna **1000 roślin F_4BC_2** reprezentujących **100 linii** wytypowanych do badań i reSelekcji w warunkach polowych w ramach tematu badawczego nr 3

- ✓ Ocena fenotypowa – warunki kontrolowane
- ✓ Siewki 1000 roślin F_4BC_2
- ✓ Izolat Bgh 27 - wirulentny w stosunku do odmian włączonych do krzyżowań, natomiast awirulentny w stosunku do wprowadzanego genu mlo
- ✓ Inokulacji siewek dokonywano przez strząsanie nad nimi zarodników konidialnych z roślin porażonych
- ✓ Po 8 dniach – ocena doświadczenia
- ✓ Pięciostopniowa skala uzupełniona o stopień 0(4) charakteryzujący reakcję odmian z genem mlo



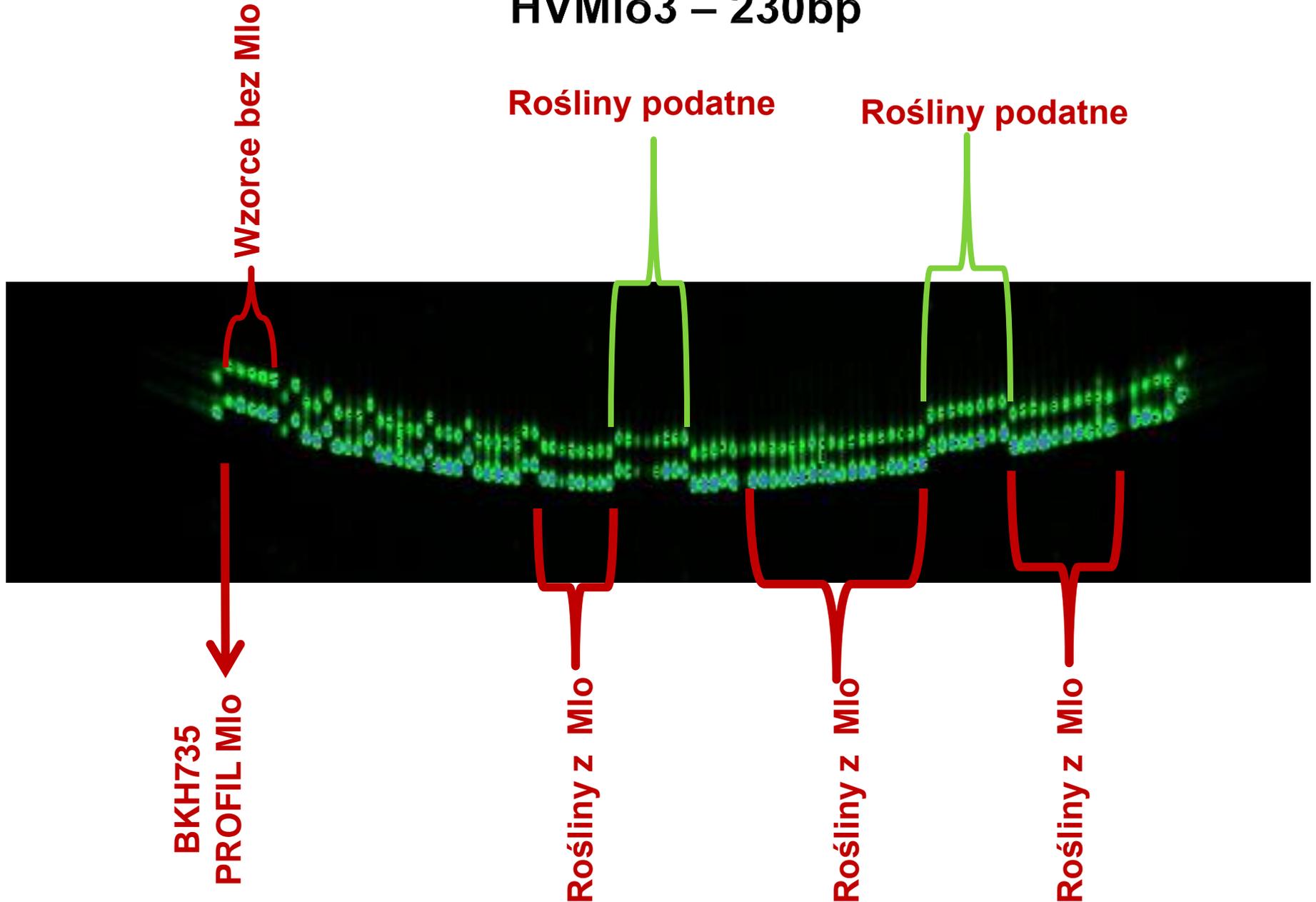
Temat badawczy 4 – Selekcja molekularna

W celu określenia występowania genu **mlo** w selekcjonowanym materiale roślinnym zostały wykorzystane dwa markery mikrosatelitarne (SSR):

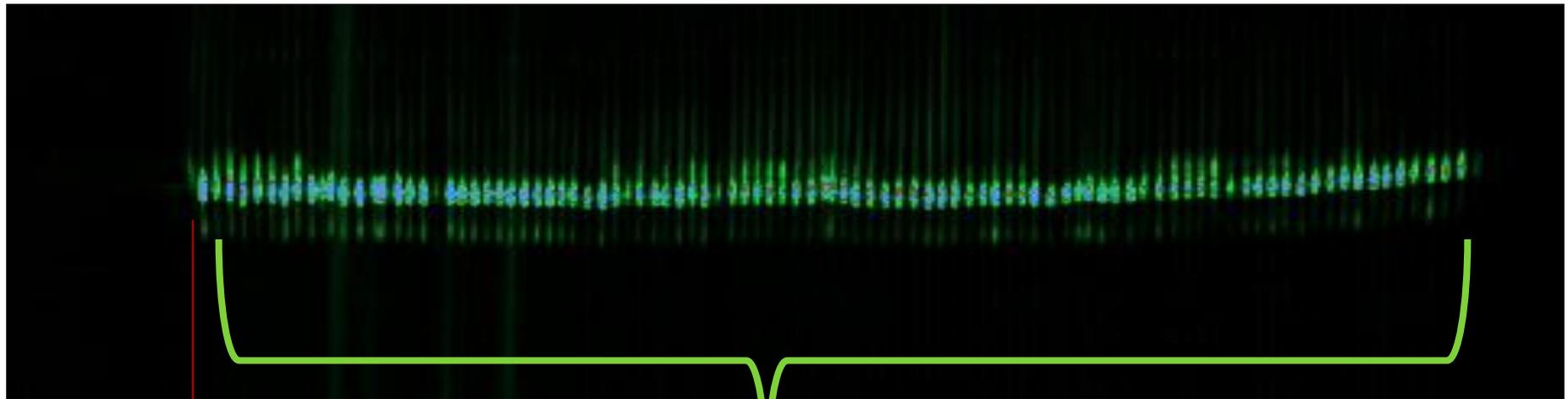
HVMlo1 – 176bp

HVMlo3 – 230bp

Populacja (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka HVMIo3 – 230bp



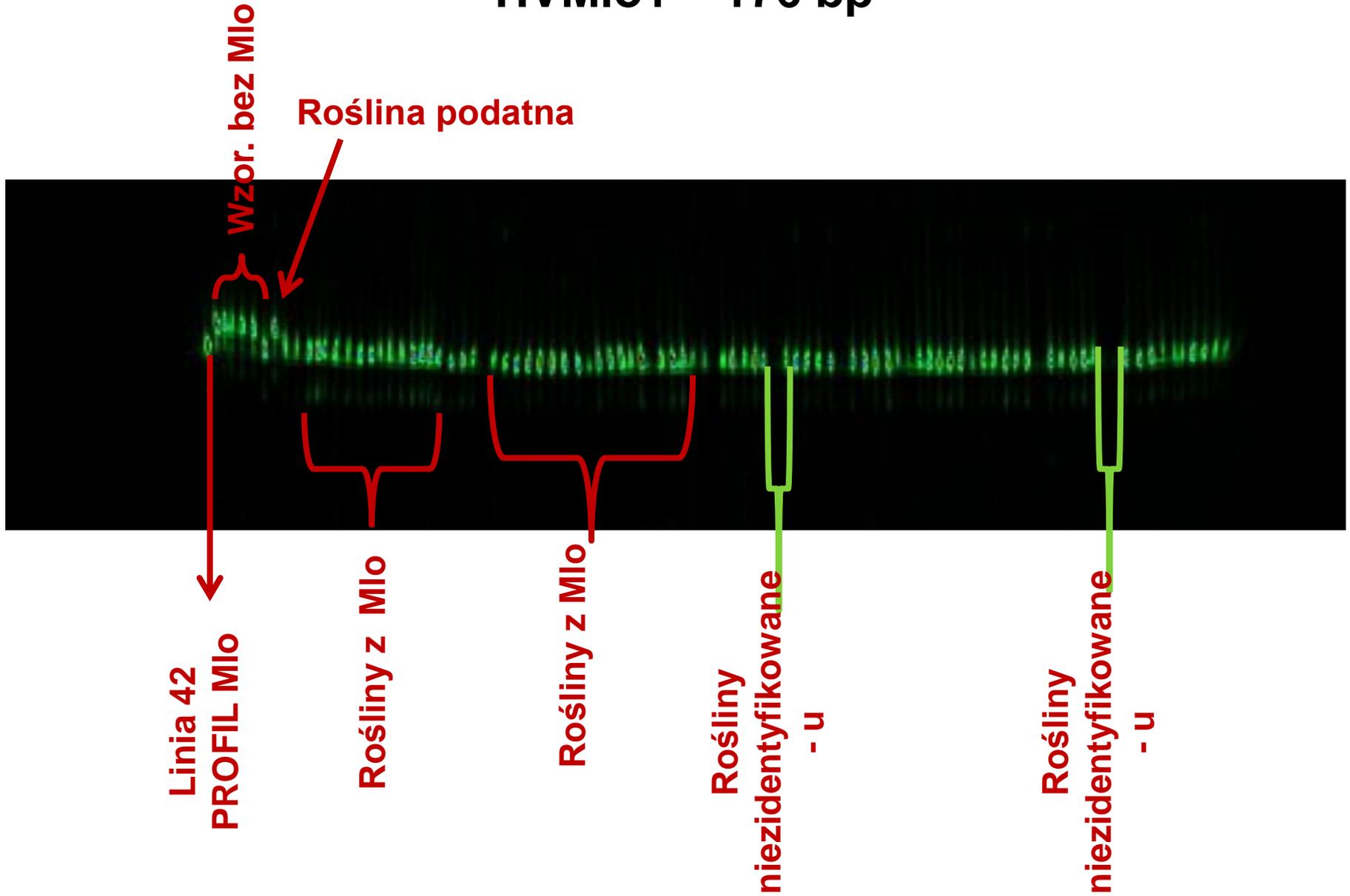
Populacja (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka HVMIo1



**PROFIL
MIO**

Brak polimorfizmu

Populacja (linia 42 x SU Vireni) x SU Vireni HVMIo1 – 176 bp



Temat badawczy 4 – Wyniki

✓ **Populacja jęczmienia 6-rzędowego: (BKH 735 x Souleyka) x Souleyka**

- Badano 250 roślin
- Dla 52 stwierdzono obecność genu mlo (HVMlo3)
- Marker HVMlo1 - brak polimorfizmu

✓ **Populacja jęczmienia 6-rzędowego: (BKH 735 x Titus) x Titus**

- Badano 250 roślin
- Dla 97 stwierdzono obecność genu mlo
- Selekcja materiału za pomocą HVMlo3
- Marker HVMlo1 – brak polimorfizmu

Temat badawczy 4 – Wyniki

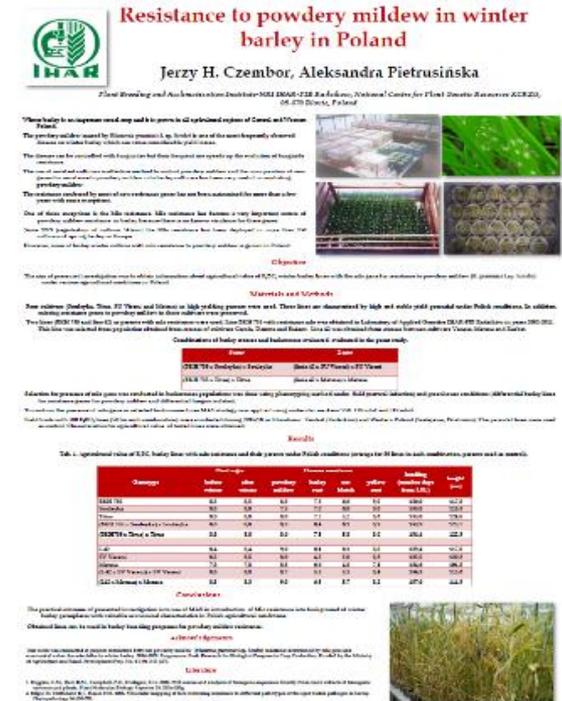
- ✓ Populacja jęczmienia 2-rzędowego: (linia 42 x SU Vireni) x SU Vireni
 - Badano 250 roślin
 - Dla 120 stwierdzono obecność genu mlo (HVMlo3; HVMlo1)
- ✓ Populacja jęczmienia 2-rzędowego: (linia 42 x Metaxa) x Metaxa
 - Badano 250 roślin
 - Dla 107 stwierdzono obecność genu mlo
 - Selekcja materiału za pomocą HVMlo3, HVMlo1

PODSUMOWANIE

- ✓ Dla 376 siewek stwierdzono obecność genu mlo
- ✓ Rośliny te, zostały włączone do badań w ramach tematu badawczego 2 (rozmnożenie w warunkach polowych).

Prezentacja wyników w 2016 roku

- EUCARPIA, 20th General Congress, Zurich, Szwajcaria, 29.08 - 1.09.2016. –
- Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska 2016. Resistance to powdery mildew in winter barley in Poland. Abstracts “20th EUCARPIA General Congress”, ETH Zurich, Szwajcaria 29.08-1.09. 2016, str. 211



Resistance to powdery mildew in winter barley in Poland

Jerzy H. Czembor, Aleksandra Pietrusińska

Plant Breeding and Biotechnology Institute-MIH IJAR-ITP & Institute, National Centre for Plant Genetic Resources (KCRZG), 06-200 Dział, Poland

Abstract

The winter barley is an important crop and it grows in all ecological regions of Central Europe. The powdery mildew caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *hordei* is one of the most frequently observed diseases on winter barley. It can also cause considerable yield losses. The disease can be controlled with fungicides but this treatment can affect the yield of the crop. The use of resistant varieties is a more sustainable way to control powdery mildew and the aim of the present study was to identify winter barley varieties with high resistance to powdery mildew. The resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait.

Conclusions

The study of genetic variability was to identify winter barley varieties with high resistance to powdery mildew. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait.

Materials and Methods

Four winter barley varieties (Dziękuję, Dwa, FT Three, and Dwa) in high yielding parent were used. These lines are characterized by high and stable yield potential under Polish conditions. In addition, the lines (Dziękuję and Dwa) are parents with high resistance to powdery mildew. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait.

Results

The study of genetic variability was to identify winter barley varieties with high resistance to powdery mildew. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait.

Change	infected	non-infected	powdery mildew	barley yield	yield	yield	yield	yield
Dziękuję	62	62	62	72	62	62	62	62
Dwa	62	62	62	72	62	62	62	62
FT Three	62	62	62	72	62	62	62	62
Dwa	62	62	62	72	62	62	62	62
Dziękuję + Dwa	62	62	62	72	62	62	62	62
Dwa	62	62	62	72	62	62	62	62
Dziękuję	62	62	62	72	62	62	62	62
Dziękuję + FT Three	62	62	62	72	62	62	62	62
Dziękuję + Dwa	62	62	62	72	62	62	62	62

Conclusions

The study of genetic variability was to identify winter barley varieties with high resistance to powdery mildew. The study was conducted in 2015 and 2016. The results show that the resistance to powdery mildew in winter barley is a quantitative trait.

DZIĘKUJĘ

