

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

Kierownik: prof. dr hab. Jerzy H. Czembor

Celem badań jest określenie interakcji genu mlo z wybranymi cechami wartości gospodarczej w genomie form ozimych. Zakłada się, że gen recesywny mlo warunkujący wysoką odporność na *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* może mieć korzystny dla wpływ na wysokość i stabilność plonu ziarna jęczmienia ozimego. Wykorzystane są linie jęczmienia ozimego: BKH 5735, forma 6-rzędowa oraz linia 2-rzędowa: RAH 22, jako donory odporności na mączniaka warunkowanej genem mlo pochodzącym z form jarych.

Rozmnożenie roślin F_3BC_2 homozygotycznych dla genu mlo uzyskanych w 2015 i ocena 867 sublinii F_4BC_2

Do badań włączono 867 siewek należących do 4 populacji mieszańcowych mlo pokoleń F_3BC_2 jęczmienia ozimego, w genomie których w 2015 roku stwierdzono obecność genu mlo (na podstawie oceny fenotypowej stopnia odporności na *B. graminis* f.sp. *hordei* oraz na podstawie analiz molekularnych). W okresie wegetacji wykonano ocenę odporności na choroby (mączniak prawdziwy, rdza karłowa, plamistość siatkowana), wyrównania i potencjału plonowania. Do dalszych badań w roku 2017 wybrano oraz wysiano w 3 lokalizacjach po 50 sublinii pokolenia F_4BC_2 z każdej z 4 kombinacji, które charakteryzowały się wysoką odpornością na choroby i wysokim potencjałem plonowania

Wstępna ocena cech wartości gospodarczej linii w doświadczeniu 1-powtórzeniowym – pokolenie F_3BC_2

W okresie jesiennym 2015 wysiano 200 linii pokolenia F_3BC_2 i w 2016 oceniono je wielośrodowiskowo. W ocenie uwzględniono: stan roślin po zimie, porażenie przez choroby: mączniak prawdziwy, rdza karłowa, plamistość siatkowana i inne jeśli wystąpią, wyleganie. W jednej lokalizacji rośliny wymarły. W drugiej 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.

Założenie doświadczeń polowych z liniami F_4BC_2 do badań wielośrodowiskowych i reselekcji.

Celem prac było założenie doświadczeń i wybór linii F_4BC_2 do dalszych badań wielośrodowiskowych i reselekcji - doświadczenie 1-powtórzeniowe; poletka 5m²; co 5 poletko na przemian dwie odmiany wzorcowe stosowane w doświadczeniach COBORU oraz odpowiednio odmiany rodzicielskie jako obiekty doświadczenia poszczególnych kombinacji krzyżówkowych: BKH 735, Souleyka, Titus, L42, SU Vireni, Metaxa. Doświadczenie będzie kontynuowane w roku 2017 i będą prowadzone obserwacje - stan roślin po zimie, porażenie przez choroby: pleśń śniegowa, rdza karłowa, wyleganie, plamistość siatkowana i inne jeśli wystąpią oraz wartość gospodarcza (plonowanie).

Ocena fenotypowa i molekularna roślin F_4BC_2 reprezentujących linie włączone do reselekcji w warunkach polowych w 2017 roku.

Materiałem badawczym były siewki 1000 roślin F_4BC_2 . Siewki w stadium pierwszego liścia zostały zakażone izolatem Bgh 27 i po 8 dniach od zakażenia były ocenione fenotypowo w pod względem reakcji na infekcję w skali: 0(4) odporność typu Mlo i podatność 4. Próbkę drugiego liścia zostały wykorzystane do analiz molekularnych.

Stwierdzono, że: (1) testy fitopatologiczne stanowią niezbędną część doświadczenia podczas selekcji wspomaganą markerami molekularnymi, (2) analizy molekularne mające na celu wykazanie obecności genu mlo należy prowadzić z wykorzystaniem dwóch markerów HVmlo1 oraz HVmlo3. Marker HVmlo1 okazał się mniej efektywny dla populacji F_4BC_2 ponieważ często uzyskane profile genetyczne roślin w stosunku do rodziców były nie polimorficzne, to umożliwił on potwierdzenie obecności genu mlo w genomie roślin, dla których na podstawie analiz markerem HVmlo3 obecności tego genu nie wykazano, lub które włączono do grupy roślin o niezidentyfikowanym profilu lub grupy o profilu heterogenicznym a testy fitopatologiczne również potwierdzały jego obecność, (3) w

pokoleniach F_2BC_1 jęczmienia ozimego, których jedną z form rodzicielskich jest genotyp z genem mlo, proporcje występowania roślin podatnych i odpornych są różne (4) obecność genu mlo w populacjach F_4BC_2 odmian o wysokiej wartości gospodarczej umożliwi dalsze prace nad możliwością wprowadzenia genu mlo do form ozimych jęczmienia.