

Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia jarego włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego w roku 2022

Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) of spring barley varieties from the Post-registration Variety Testing program in 2022

Jerzy H. Czembor  , Elżbieta Czembor , Aneta Kisiela , Elżbieta Wnuk 

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie

 j.h.czembor@ihar.edu.pl

Mączniak prawdziwy zbóż i traw (MP) powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*), oprócz innych chorób jak np. plamistość siatkowa jęczmienia (*Pyrenophora teres*), należy do najważniejszych pod względem gospodarczym chorób jęczmienia. Dlatego podejmowane są badania mające na celu określenie uwarunkowań genetycznych odporności na tego patogenu odmian wprowadzonych do Krajowego Rejestru genami specyficznymi. W przeprowadzonych badaniach uwzględniono 52 odmiany jęczmienia jarego włączone do Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku. Z uwagi na efektywność genów specyficznych warunkujących odporność roślin już we wczesnych stadiach ich rozwoju, testy fitopatologiczne wykonano w stadium siewki. Stwierdzono, że odporność 32 odmian (61.5% badanych) uwarunkowana była genem *mlo5*, a objawy porażenia oceniano jako 0(4) lub genem *mlo5* powiązaniem z innymi genami dominującymi (objawy porażenia na wybrane izolaty z zestawu różnicującego oceniano jako 0). Odporność 5 odmian była uwarunkowana genem dominującym *Mla3* oraz innymi dominującymi genami dopełniającymi w tym *Mlk* (Magnus, MHR Filar, MHR Krajan, Poemat, RGT Gagarin). Odporność odmiany Bente i Sting uwarunkowana była genem *Sl-1*. W przypadku odmiany Kakadu postulowano, że jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* powiązaniem z innymi genami dopełniającymi. Gen *Sl-1* warunkuje odporność na większość patotypów mączniaka prawdziwego zbóż i traw występujących obecnie w populacji *Bgh* na terenie Polski.

Słowa kluczowe: *Blumeria graminis*, jęczmień jary, mączniak prawdziwy zbóż i traw, PDO, specyficzne geny odporności, odmiany

Powdery mildew of cereals and grasses caused by the fungus *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*), in addition to other diseases such as e.g. net blotch (*Pyrenophora teres* f. sp. *teres*), is one of the most important diseases of barley in economic terms. Therefore, this research was conducted to describe resistance to *Bgh* postulate introduced into the National Register with genes of specific resistance. In the presented study 52 varieties of spring barley were investigated which were included in the Post-registration Variety Testing program (PDO) conducted by the Research Centre for Cultivar Testing (COBORU) in 2022. Because specific resistance genes are effective in the early stages of plant development, phytopathological tests were performed at the seedling stage. Resistance of 32 cultivars (61.5% of the tested) was found to be determined by the *mlo5* gene and symptoms were scored as 0(4) or by the *mlo5* gene associated with other dominant genes (when the symptoms of infection by selected isolates belong to a differential set were scored as 0). The resistance of five cultivars was determined by the *Mla3* gene and other genes, including *Mlk* (Magnus, MHR Filar, MHR Krajan, Poemat, RGT Gagarin). The resistance of Bente and Sting cultivars was determined by the *Sl-1* gene. In the case of the Kakadu variety, it was postulated that its resistance was determined by the *Sl-1* gene associated with other genes. The *Sl-1* gene determines resistance to most pathotypes of powdery mildew present in the *Bgh* population in Poland.

Keywords: *Blumeria graminis*, powdery mildew, PDO, specific resistance genes, spring barley, cultivars

Wstęp

Jęczmień (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* Spenn.) jest czwartą rośliną uprawną na świecie, po pszenicy, kukurydzy i ryżu, pod względem powierzchni uprawy. Prawie połowa światowej powierzchni upraw jęczmienia znajduje się w Europie, gdzie jest drugą po pszenicy rośliną uprawną (FAOSTAT, 2022). Gatunek ten uprawiany jest na cele paszowe, browarne i spożywcze (Geng i in., 2022, Lukinac i Jukić, 2022, Kępińska-Pacelik i Biel, 2021). Mączniak prawdziwy zbóż i traw

(MP) powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* D.C. f. sp. *hordei* (Marchal) (*Bgh*), występuje powszechnie w głównych rejonach uprawy jęczmienia na całym świecie. Rozwojowi choroby sprzyja temperatura ok. 20°C i duża wilgotność powietrza – powyżej 80%. Na rozwój *Bgh* wpływają również takie czynniki jak odporność odmian, warunki glebowe, nawożenie azotem i gęstość siewu. Patogen ten ogranicza rozwój roślin poprzez porażanie liści, pochwy liściowych, źdźbeł i kłosów co powoduje ich zasychanie i zmniejszenie ich powierzchni fotosyntetycznej. W przypad-

ku infekcji roślin w stadium siewki lub krzewienia, choroba może powodować straty w plonie sięgające 25%, natomiast przy infekcji w późniejszych stadiach rozwoju roślin straty sięgają średnio ok. 10%. Obecność efektywnych genów odporności w roślinach nie tylko chroni uprawiane odmiany ale ogranicza wytwarzanie inokulum i rozprzestrzeniania się patogenu na większe obszary przeciwdziałając powstawaniu epifitoz.

Aby zapobiec stratom powodowanym przez MP wykorzystuje się zaprawy nasienne, fungicydy oraz właściwą agrotechnikę. Uprawa odmian odpornych lub tolerancyjnych jest najbardziej przyjazną środowisku metodą kontroli występowania tej choroby (Lamichhane i in., 2018). Ochrona chemiczna jest metodą efektywną i szybką w zastosowaniu, jednak może powodować efekty uboczne w postaci negatywnego wpływu na środowisko naturalne i zdrowie człowieka.

Odporność jęczmienia na MP uwarunkowana jest zarówno genami specyficznymi jak i niespecyficznymi (Ge i in., 2021, Brown i Wulff, 2022, Czembor i in., 2022, Czembor i in., 2011, 2012, 2013, 2016, Hoseinzadeh, 2019). Geny specyficzne są efektywne zarówno w stadium siewki jak i rośliny dorosłej, natomiast odporność uwarunkowana wieloma genami niespecyficznymi odpowiada za odporność w stadium rośliny dorosłej. Odporność uwarunkowana wieloma genami niespecyficznymi jest bardziej trwała i trudniejsza do przełamania przez pojawiające się w populacji *Bgh* nowe patotypy. Jest to ważne, ponieważ populacja tego patogenu jest bardzo dynamiczna i uprawa odmiany z efektywnym specyficznym genem odporności na większych obszarach powoduje, że pojawiają się patotypy wirulentne w stosunku do tego genu (Dreiseitl, 2011, 2013, 2017, 2019, 2020, Gacek i in., 2004, Hovmöller, 2000, Kush i in., 2023). Dlatego należy dążyć do tego aby w genomie odmiany połączyć zarówno geny specyficzne jak i niespecyficzne. W warunkach klimatycznych Europy środkowej, w tym Polski, geny specyficzne zabezpieczają przed porażeniem roślin w okresie wiosennym, gdy są one efektywne w początkowych fazach rozwoju oraz zabezpieczają przed przejściem choroby z roślin ozimych na formy jare (Dreiseitl, 2020).

Prace nad poszukiwaniem źródeł odporności jęczmienia na MP, które są wprowadzane do odmian komercyjnych, prowadzono już w latach trzydziestych XX w. gdy intensyfikacja uprawy tego gatunku na terenie Niemiec (intensywne nawożenie i większa gęstość siewu) spowodowała załamanie odporności uprawianych tam odmian i doprowadziła do epifitozy. Prace te były i nadal są prowadzone równoległe z monitorowaniem populacji patogenu pod względem jego wirulencji.

Geny odporności identyfikowane są w gatunkach *H. vulgare* L. (*H. vulgare* subsp. *vulgare* i *H.*

vulgare subsp. *spontaneum*), *H. bulbosum* L. oraz *H. laevigatum*. Hodowcy wykorzystują w programach hodowlanych wiele genów odporności a zwłaszcza te, zidentyfikowane w locus *Mla* na chromosomie 1 (*Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12*, *Mla13*) oraz geny *MLk*, *MLg*, *MLLa*, *MLh*, *MLra*. Opisane specyficzne geny odporności, których źródłem jest dziki jęczmień to, *Mla16-Mla21*, *Mla25-Mla29*, *Mla32*, *MlaLv*, *Mlf*, *Mlj*, *mlt*, *ML(Ro)*, *ML(Ve)* (Dreiseitl, 2020) Jednak wiele z tych genów utraciło już swoją efektywność względem populacji MP występującej w Europie. Wyjątkiem są geny odporności *Mlo* i *ML(La)*, które uważane są za przykład odporności trwałej jęczmienia na MP. Gen odporności *ML(La)*, którego źródłem jest *H. laevigatum*, był efektywny ponad 10 lat pomimo, że wykorzystywano go na szeroką skalę.

Odporność *Mlo* nabrała bardzo dużego znaczenia w latach dziewięćdziesiątych XX w. (Czembor, 2000, Czembor i Czembor, 2003a,b,c, 2021a,b). Jest ona powszechnie używana w programach hodowlanych jęczmienia prowadzonych przez wszystkie znaczące firmy hodowlane w Europie. Nie jest ona odpornością rasowo-specyficzną i jest uwarunkowana jednym genem recesywnym. Mimo, że odmiany z tą odpornością uprawiane są od 30 lat na dużym areale w Europie, to dotychczas nie stwierdzono obecności w populacji *Bgh* patotypów posiadających gen wirulencji komplementarny do tej odporności (Jørgensen, 1992; Hovmöller i in., 2000, Dreiseitl, 2020).

W Polsce od lat 70. ubiegłego wieku dużą uwagę przywiązuje się do hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka prawdziwego. Celem prezentowanych prac było uzupełnienie charakterystyki odmian badanych w ramach programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w warunkach polowych o informacje dotyczące obecności w tych odmianach specyficznych genów odporności w oparciu o wyniki testów fitopatologicznych na siewkach przy użyciu zestawu różnicującego.

Materiały i metody

Materiał roślinny

Specyficzne geny odporności na mączniaka prawdziwego powodowanego przez *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (*Bgh*) identyfikowano w kolekcji 52 odmian jęczmienia jarego włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku. Były to odmiany wprowadzone do Krajowego Rejestru w okresie 05.02.2015-17.02.2023.

Zestaw izolatów różnicujących odmiany pod względem uwarunkowań genetycznych odporności na *Bgh*

W badaniach wykorzystano kolekcję 36 izolatów *Bgh*, które były wirulentne lub awirulentne w stosunku do genów odporności obecnych w zestawie różnicującym 38 linii i odmian (tab. 1). Były to linie izogeniczne Pallas opracowane przez Kolstera i in. (1986), reprezentujące geny, które identyfikowano już od lat 30-tych i wykorzystywano w hodowli jęczmienia od lat sześćdziesiątych (głównie w locus *Mla*, *Mla1*, *Mla3*, *Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12*). Są one mało efektywne w stosunku do patotypów *Bgh* dominujących obecnie w populacji *Bgh* na terenie Polski, a które wciąż są obecne w formach ozimych lub jarych. Zestaw linii izogenicznych Pallas został uzupełniony o odmiany dla których sukcesywnie określano nowe geny odporności i które są również wykorzystywane we współczesnych programach hodowlanych. Dla każdego genu odporności przypisany został swoisty tylko dla niego układ wirulencji i awirulencji izolatów.

Testy odpornościowe

Identyfikację specyficznych genów odporności obecnych w odmianach prowadzono w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowym Instytucie Badawczym w Radzikowie warunkach szklarniowych (długość dnia 16 h, temp. 16°C-22°C) w okresie zimowym 2022-2023. Odmiany i linie zestawu różnicującego oraz badane odmiany wysiewano do multiplatów (5 siewek na genotyp). Izolaty namnażano na siewkach podatnej odmiany Manchuria CI 2330. Zakażenia sztuczne prowadzono strząsając zarodniki konidialne każdego izolatu osobno nad siewkami odmian i linii Pallas zestawu różnicującego oraz odmian włączonych do doświadczeń rejestrowych i porejestrowych w fazie 2 w pełni rozwiniętego liścia. W trakcie wszystkich testów siewki podatnej odmiany Manchuria CI 2330 stanowiły kontrolę. Po 8–10 dniach od zakażeń sztucznych oceniano stopień porażenia roślin w uaktualnionej pięciostopniowej skali Mainsa i Dietza (1930) w której 0 = brak widocznych objawów porażenia; 1 = niewielkie nekrozy, 2 = nekrozy powiększają się, chlorozy, niewielkie zarodnikowanie; 3 = chlorozy, grzybnia rozwinięta lecz słabo zarodnikująca; 4 = dobrze rozwinięta i zarodnikująca grzybnia, uzupełnionej o stopień 0(4) charakteryzujący reakcję odmian z genem *mlo* (Czembor i Czembor, 2001).

Postulowanie genów warunkujących odporność odmian na mączniaka prawdziwego

Postulowanie obecności genów odporności prowadzono zgodnie z hipotezą „gen na gen” na podstawie porównania reakcji badanych odmian z reakcjami odmian i linii różnicujących dla których w genomie stwierdzono obecność znanego genu odporności. Rośliny o reakcji 0–1 klasyfiko-

wano jako odporne. Rośliny o reakcji 2-4 jako podatne. Ocena 0(4) świadczyła o obecności genu *mlo*. Pierwszym etapem było zdefiniowanie i wyeliminowanie genów odporności nieobecnych w badanych odmianach. Wystąpienie reakcji zgodnej z danym izolatem (oceny 3 i 4) oznaczało, że odmiana nie posiadała alleli odporności dla których izolata był awirulentny (Flor, 1971).

Wyniki

W kolekcji odmian włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) stwierdzono odporność *Mlo* w 32 (61.5%) badanych odmianach, a objawy porażenia oceniano jako 0(4) (tab. 2). Odporność typu *Mlo* wybranych odmian powiązana była również z innymi genami odporności. W tych przypadkach reakcję na porażenie przez wybrane izolaty oceniano na 0, co oznaczało brak objawów choroby, podobnie jak u odmian Oberek i Podarek w zestawie odmian różnicujących. Odporność odmian Mecenas i Schiwago uwarunkowana była genami *Ml(St1)* i *Ml(St2)*, które były wspomagane przez inne geny odporności. Odmiana Bente, została włączona zarówno do zestawu różnicującego, jak i była włączona do PDO. Odporność odmiany Bente i Sting uwarunkowana była bardzo efektywnym genem *Sl-1*. Dla odmiany Kakadu stwierdzono, że potencjalnie jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* powiązany z innymi genami.

Genem dominującym warunkującym odporność 5 odmian (Magnus, MHR Filar, MHR Krawan, Poemat, RGT Gagarin) był *Mla3*. Jego obecność w tych odmianach była powiązana z innymi nieznanymi genami oraz *Mlk* co zapewniało, że ich odporność była bardziej efektywna w stosunku do zestawu izolatów różnicujących.

Dyskusja

Odporność jęczmienia na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (MP) powodowanego przez *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*), należy do grupy ważnych gospodarczo cech warunkujących wielkość plonu ziarna oraz jego jakość (Czembor i in., 2018, 2022, Dreiseitl, 2020, Czembor i Czembor, 2022). Sprzyjającymi warunkami dla rozwoju *Bgh* są temperatury poniżej 20°C oraz wysoka wilgotność powietrza. Pomimo ocieplającego się klimatu, takie warunki występują okresowo również w Polsce (Michalska, 2011). Wynika to z faktu, że na wzrost średniej rocznej temperatury o ok. 1°C mają wpływ głównie temperatury lipca i sierpnia, a nie temperatury w okresie wiosennym gdy rośliny jęczmienia są w fazie krzewienia czy strzelania w źdźbło. Są one wówczas szczególnie są podatne na infekcję przez *Bgh*. Uprawa odmian odpornych na MP jest ważna zarówno dla rolnictwa ekologicznego, konwencjonalnego a także intensywnego. Postęp biologiczny w podnoszeniu odporności roślin uprawnych na patogeny i szkodniki jest podstawą spełnienia zaleceń

Tabela 1

Table 1

Reakcje odpornościowe zestawu różnicującego linii izogenicznych Pallas i odmian o znanych specyficznych genach odporności na zakażenie zestawem różnicującym 36 izolatów *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*
Resistance reactions of barley Pallas near-isogenic lines differential set and cultivars with known resistance genes after inoculation with 36 isolates of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Lp.	Źródło pochodzenia / Source of origin	Linie izogeniczne i odmiany / Near isogenic lines, cultivars	Geny odporności / resistance genes	Zestaw izolatów Bgh (1–15) / Bgh isolates set (1–15)														
				Bgh 19-64	Bgh 19-65	Bgh 20-19	Bgh 20-20	Bgh 19-19	Bgh 20-31	Bgh 11/R	Bgh 12/R	Bgh 20-32	Bgh 19-33	Bgh 20-28	Bgh 20-33	Bgh 22-1	Bgh 22-2	Bgh 22-3
1	Helis Hanna (CI 1017)	Pallas - standard	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
2	Algerian CI 1179	P01	<i>Mla1</i>	4	4	0	4	4	0	4	4	1	0	4	0	4	4	
3	Ricardo CI 6303	P02	<i>Mla3</i>	4	1	4	0	4	1	4	4	4	0	1	1	1	4	
4	<i>H. santonum</i> (Voldagsen 8141/44)	P03	<i>Mla6, Mla14</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	4	4	4	
5	Lyallpur 3645, Kwan	P04	<i>Mla7, Mlk</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	0	4	4	
6	Lyallpur 3645, Long Glumes	P06	<i>Mla7, MILG2</i>	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	
7	Monte Cristo (CI 1017), Kwan	P07	<i>Mla9, Mlk</i>	0	2	0	0	0	0	4	4	0	3	0	0	0	3	
8	Monte Cristo (CI 1017), Kwan	P08A	<i>Mla9, Mlk</i>	0	2	1	0	0	0	4	4	0	2	0	0	0	3	
9	Monte Cristo (CI 1017)	P08B	<i>Mla9</i>	0	2	0	0	0	0	4	4	0	4	0	0	4	3	
10	Iso 12	P09	<i>Mla10, MIDu2</i>	2	4	2	4	2	2	4	0	4	4	4	2	4	4	
11	Arabische	P10	<i>Mla12, Mla(Em 2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	3	4	4	4	
12	Rupece (CI 16155)	P11	<i>Mla13, Mla(Ru 3), Mla(Ru 4)</i>	0	2	4	4	0	0	4	0	0	4	0	0	4	4	
13	HOR 1657	P12	<i>Mla22</i>	4	4	4	3	4	4	3	4	0	0	0	2	4	4	
14	HOR1402	P13	<i>Mla23</i>	1	3	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	1	4	
15	Ragusa	P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	
16	Rupece (CI 16155)	P15	<i>Ml(Ru2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	
17	Kwan	P17	<i>Mlk</i>	4	2	2	1	-	3	4	2	2	4	2	2	3	2	
18	Nigrinudum	P18	<i>Mlm</i>	4	4	3	4	4	4	4	3	2	4	4	4	4	1	
19	Nigrate	P19	<i>Mlp</i>	4	3	3	4	-	4	4	4	2	-	2	2	4	3	
20	Atlas CI 4118	P20	<i>Mlat</i>	3	3	3	4	2	3	2	2	2	2	2	2	2	4	
21	Goldfoil CI 928 (Hilde)	-	<i>Mlg</i>	4	4	4	4	-	2	4	-	4	4	4	4	-	-	
21	Weihenstephan 127422 CI 13125	P21	<i>Mlg, Ml(CP)</i>	4	4	0	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	
22	Mutant Carlsberg II R 5678	P22	<i>mlo5</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	
23	<i>H. laevigatum</i>	P23	<i>Ml(La)</i>	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	3	4	4	
24	Hauters	P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	
25	Benedicte	Benedicte	<i>Mla9, Ml(IM9)</i>	4	4	0	3	4	0	4	3	0	0	3	0	4	4	
26	Lenka	Lenka	<i>Mla13, Ml(Ab)</i>	0	4	4	4	4	0	4	0	0	4	0	0	3	4	
27	Oberek	Oberek	<i>Ml(Ab)</i>	4	4	4	4	-	4	0	-	2	4	4	4	2	4	
28	Gunnar	Gunnar	<i>Mla3, Ml(Tu2)</i>	0	0	4	0	0	0+3	1	0	0	0	0	0	0	4	
29	Steffi	Steffi	<i>Ml(Si1), l(Si2)</i>	4	4	4	4	4	3	4	4	4	0	4	4	4	4	
30	Triumph	Triumph	<i>Mla7, Ml(Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
31	Borwina	Borwina	<i>Ml(Bw)</i>	4	4	4	4	4	1	4	4	3	4	4	3	4	4	
32	Iron	Iron	<i>l-B-53</i>	4	4	0	0	0	4	4	4	4	0	4	4	4	4	
33	Souleyka	Souleyka	<i>Lv</i>	1	4	4	0	0	-	4	4	0	1	2	4	4	4	
34	Galleon	Galleon	<i>MlGa</i>	2	4	4	2	2	3	2	2	2	2	3	3	4	3	
35	Bgh 255	Bgh 255	<i>Mor</i>	1	1	2	3	0	2	4	4	1	1	2	1	2	4	
36	Bgh 173	Bgh 173	<i>mr</i>	0	0	3	2	2	0	3	0	-	0	-	-	2	4	
37	Bgh 569	Bgh 569	<i>569</i>	1	1	1	1	1	1	3	2	2	1	2	2	2	2	
38	Bgh 5317	Bgh 5317	<i>5317</i>	4	0	2	2	0	0	0	0	2	2	1	0	0	2	
39	Bgh 39408	Bgh 39408	<i>39408</i>	4	0	3	2	3	3	4	4	2	2	2	2	3	4	
40	Bente	Bente	<i>Sl-1</i>	2	1	0	1	4	1	0	0	2	0	2	1	1	0	
41	Salome	Salome	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	
42	Rubinek	Rubinek	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	

Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia

Tabela 1 C.d.
Table 1 Cont.

Lp.	Linie izogeniczne i odmiany / Near isogenic lines, cultivars	Geny odporności / resistance genes	Zestaw izolatów Bgh (16–36) / Bgh isolates set (16–36)																				
			Bgh 22-4	Bgh 22-5	Bgh 22-6	Bgh 22-7	Bgh 22-8	Bgh 22-9	Bgh 22-10	Bgh 22-11	Bgh 22-12	Bgh 22-13	Bgh 22-14	Bgh 22-15	Bgh 22-16	Bgh 22-17	Bgh 22-18	Bgh 22-19	Bgh 22-20	Bgh 22-21	Bgh 22-22	Bgh 22-23	Bgh 22-24
1	Pallas - standard	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
2	P01	<i>Mla1</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
3	P02	<i>Mla3</i>	3	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	1	4	4	2	4	4	4	4	4
4	P03	<i>Mla6, Mla14</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
5	P04	<i>Mla 7, Mlk</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
6	P06	<i>Mla7, MILG2</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
7	P07	<i>Mla9, Mlk</i>	1	1	2	1	1	0	2	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
8	P08A	<i>Mla9, Mlk</i>	1	4	4	1	2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
9	P08B	<i>Mla9</i>	4	4	4	4	3	0	4	4	4	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
10	P09	<i>Mla10, MIDu2</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	2	4	4	4	4	4
11	Arabische	<i>Mla 12, Mla(Em 2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
12	P11	<i>Mla 13, MI (Ru 3), Mla (Ru 4)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	4
13	P12	<i>Mla22</i>	4	4	4	4	4	1	4	4	4	4	2	0	4	0	2	4	2	2	2	4	4
14	P13	<i>Mla23</i>	2	2	4	4	1	2	4	2	2	4	1	2	4	2	2	2	2	2	3	2	2
15	P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
16	P15	<i>MI(Ru2)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
17	P17	<i>Mlk</i>	2	4	4	4	3	4	4	4	4	1	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
18	P18	<i>Mlm</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	3	3	3	4	4	4	4	2
19	P19	<i>Mlp</i>	4	3	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
20	P20	<i>Mlat</i>	2	2	4	2	2	2	4	2	4	4	3	2	4	3	3	2	2	3	3	4	2
21	-	<i>Mlg</i>	-	-	-	-	-	-	4	4	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	P21	<i>Mlg, MI (CP)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
22	P22	<i>mlo5</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)
23	P23	<i>MI(La)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
24	P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
25	Benedicte	<i>Mla9, MI (IM9)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
26	Lenka	<i>Mla13, MI (Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	4
27	Oberek	<i>MI(Ab)</i>	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	3	0	3	4	4	4	4	4	4	4
28	Gunnar	<i>Mla3, MI (Tu2)</i>	2	1	2	1	3	2	4	1	2	1	1	0	0	1	1	0	1	1	2	2	1
29	Steffi	<i>MI(St1), I (St2)</i>	4	4	4	4	4	4	1	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
30	Triumph	<i>Mla7, MI (Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
31	Borwina	<i>MI(Bw)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
32	Iron	<i>I-B-53</i>	3	4	4	4	2	4	4	4	4	4	2	2	2	2	4	2	2	0	0	4	4
33	Souleyka	<i>Lv</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
34	Galleon	<i>MIGa</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
35	Bgh 255	<i>Mor</i>	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
36	Bgh 173	<i>mr</i>	2	0	2	0	0	4	4	4	0	4	0	0	0	3	4	0	0	0	0	0	0
37	Bgh 569	<i>569</i>	1	1	2	2	2	0	4	2	2	2	1	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2
38	Bgh 5317	<i>5317</i>	0	1	1	0	0	1	3	0	0	3	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0
39	Bgh 39408	<i>39408</i>	3	3	3	4	1	4	0	4	2	4	4	4	4	4	4	2	2	4	3	3	4
40	Bente	<i>SI-1</i>	0	1	2	1	2	1	0	1	2	1	2	4	2	4	2	4	2	2	2	2	1
41	Salome	<i>mlo, +?</i>	0	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0	0(4)	0(4)
42	Rubinek	<i>mlo, +?</i>	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0	0(4)	0(4)	0(4)

Tabela 2
Table 2

Reakcje odpornościowe na zakażenie zestawem różnicującym 36 izolatów *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* odmian jęczmienia jarego, dla których nie postulowano obecności genu *mlo5* oraz lista odmian, których odporność uwarunkowana była genem *mlo5*

Resistance reactions after inoculation with differential set of 36 *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* isolates cultivars for which the presence of resistance gene *mlo5* was not postulated, and a list of varieties for which the presence of the *mlo5* gene was postulated

Lp.	Nazwa odmiany	Zestaw izolatów Bgh (1–18) / Bgh isolates set (1–18)															Postulowane geny odporności			
		Bgh 19-04	Bgh 19-65	Bgh 20-19	Bgh 20-20	Bgh 19-19	Bgh 20-31	Bgh 11/R	Bgh 12/R	Bgh 20-32	Bgh 19-35	Bgh 20-28	Bgh 20-35	Bgh 22-1	Bgh 22-2	Bgh 22-3		Bgh 22-4	Bgh 22-5	Bgh 22-6
1	LG Flamenco	4	0	0	0	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	2	4	?
2	Tilmor	3	0	4	2	0	4	4	4	2	4	4	4	0	3	0	3	0	4	?
3	Mariola	3	0	3	0	0	3	4	0	3	3	3	3	4	3	0	3	0	2	?
4	Pasjonat	3	0	0	0	4	4	4	4	3	3	3	3	1	4	4	3	0	4	?
5	Burbon	3	0	4	0	4	3	4	4	3	3	4	4	4	3	4	4	0	4	?
6	Loxton	4	0	0	0	4	4	4	4	4	3	3	3	2	3	4	4	4	4	?
7	LG Belcanto	3	0	0	0	4	4	3	4	4	3	3	3	2	3	4	4	0	4	?
8	KWS Premis	3	0	0	2	4	4	3	4	3	3	3	3	4	3	4	4	0	4	?
9	LG Rumba	3	0	0	0	4	4	3	4	3	3	4	4	2	4	4	4	2	4	?
10	Mecenas	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
11	Schiwago	3	0	3	3	4	4	4	4	4	0	4	3	2	4	4	4	0	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
12	Magnus	4	1	4	1	1	2	4	0	4	4	4	4	0	4	2	4	2	2	<i>Mla3</i> , +?
13	MHR Filar	4	0	3	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
14	MHR Krajan	4	0	3	0	0	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
15	Poemat	4	0	4	0	1	4	4	0	2	4	4	4	0	4	2	3	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
16	RGT Gagarin	3	0	4	0	2	4	3	4	3	0	3	3	1	0	4	4	1	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
17	Bente	2	1	0	1	4	1	0	0	2	0	2	1	1	1	0	0	1	2	<i>Sl-1</i>
18	Sting	1	1	0	1	2	2	1	0	2	0	1	1	4	1	0	1	1	3	<i>Sl-1</i>
19	Kakadu	1	1	0	1	1	3	3	0	1	1	0	0	4	0	1	-	1	0	<i>Sl-1</i> , ?
20	Trofeum	2	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	3	?
21–52	KWS Vermont, Etoile, Rezus, Avatar, Jovita, Rekrut, RGT Planet, Radek, KWS Harris, Farmer, MHR Fajter, Pilote, Runner, Brandon, Forman, KWS Fantex, Adwokat, Amidala, Brigitta, Feedway, Avus, KWS Jessie, Laser, Wirtuoz, Bizon, Florence, Cecha, Amaretto, Lexy, Masimo, Ismena																		<i>mlo 5</i>	
Lp.	Nazwa odmiany	Zestaw izolatów Bgh (19–36) / Bgh isolates set (19–36)															Postulowane geny odporności			
		Bgh 22-7	Bgh 22-8	Bgh 22-9	Bgh 22-10	Bgh 22-11	Bgh 22-12	Bgh 22-13	Bgh 22-14	Bgh 22-15	Bgh 22-16	Bgh 22-17	Bgh 22-18	Bgh 22-19	Bgh 22-20	Bgh 22-21		Bgh 22-22	Bgh 22-23	Bgh 22-24
1	LG Flamenco	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	0	4	4	4	4	?
2	Tilmor	4	0	0	0	3	0	3	4	4	0	0	4	0	4	4	4	4	4	?
3	Mariola	3	0	0	0	3	2	3	4	3	0	0	4	0	4	4	4	4	4	?
4	Pasjonat	3	0	0	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	?
5	Burbon	4	0	4	4	3	4	3	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
6	Loxton	4	0	4	4	3	4	3	4	4	3	3	4	4	4	4	4	4	2	?
7	LG Belcanto	4	4	4	4	4	4	3	4	4	3	3	4	0	4	4	4	4	4	?
8	KWS Premis	4	4	4	0	3	4	4	4	0	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
9	LG Rumba	4	3	2	4	3	4	3	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	?
10	Mecenas	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	2	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
11	Schiwago	4	4	4	0	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>Ml(S1)</i> , <i>Ml(S2)</i> , +?
12	Magnus	4	4	0	2	4	4	4	2	4	0	4	4	0	4	4	4	2	4	<i>Mla3</i> , +?
13	MHR Filar	4	4	4	4	4	4	0	2	0	0	0	1	4	2	2	0	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
14	MHR Krajan	4	4	4	4	3	4	0	2	0	0	2	1	2	1	0	2	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
15	Poemat	4	4	0	4	4	4	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	4	2	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
16	RGT Gagarin	4	4	4	4	4	4	0	2	4	3	0	0	0	2	1	0	4	4	<i>Mla3</i> , <i>Mlk</i> +?
17	Bente	1	2	1	0	1	2	1	2	4	2	4	2	4	2	2	2	2	1	<i>Sl-1</i>
18	Sting	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	4	0	2	2	2	1	0	0	<i>Sl-1</i>
19	Kakadu	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2	1	1	1	<i>Sl-1</i> , ?
20	Trofeum	4	0	0	0	3	2	3	3	0	4	0	4	4	2	2	3	2	1	?
21–52	KWS Vermont, Etoile, Rezus, Avatar, Jovita, Rekrut, RGT Planet, Radek, KWS Harris, Farmer, MHR Fajter, Pilote, Runner, Brandon, Forman, KWS Fantex, Adwokat, Amidala, Brigitta, Feedway, Avus, KWS Jessie, Laser, Wirtuoz, Bizon, Florence, Cecha, Amaretto, Lexy, Masimo, Ismena																		<i>mlo 5</i>	

Unii Europejskiej dotyczących Integrowanej Ochrony Roślin z dnia 1 stycznia 2014 roku. Wykorzystanie w produkcji odmian odpornych oraz tolerancyjnych równoległe z adekwatnymi metodami technologii uprawy ogranicza rozprzestrzenianie się organizmów szkodliwych oraz umożliwia ochronę ważnych organizmów pożytecznych, stwarza również warunki do ich powszechniejszego występowania (Dreiseitl, 2020).

W charakterystyce odmian jęczmienia wpisanych do Krajowego Rejestru uwzględnia się, obok innych ważnych gospodarczo cech, również odporność na MP. W warunkach polowych określana jest w stadium rośliny dorosłej i jest uwarunkowana zazwyczaj poligenicznie, natomiast w stadium siewki uzyskuje się informacje o uwarunkowaniach odporności genami głównymi, specyficznymi, w stosunku do wybranych patotypów grzyba niezależnie od stadium rozwoju rośliny.

Obecność specyficznych genów odporności w odmianach wprowadzanych do produkcji określana jest w Polsce już od lat 70-tych (Czembor 1972, 1976), a obecnie określa się ją w sposób systematyczny dla odmian włączonych do doświadczeń rejestrowych lub porejestrowych (Czembor 2003, 2008, Czembor i Czembor 1998, 2001, Czembor i in. 2011, 2012, 2013, 2016). Dlatego, w bieżących badaniach, które są kontynuacją prac prowadzonych w poprzednich latach, uwzględniono 52 odmiany wprowadzone do Krajowego Rejestru w okresie 05.02.2015-17.02.2023. Na podstawie uzyskanych wyników reakcji na zakażenie zestawem 36 izolatów *Bgh* wirulentnych lub awirulentnych do znanych genów odporności w zestawie odmian różnicujących stwierdzono, że podobnie jak w latach poprzednich w kolekcji odmian włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku wciąż dominowały odmiany, których odporność uwarunkowana była genem *mlo* w kombinacjach z innymi genami dominującymi. Gen *mlo* jest genem recesywnym, niespecyficznym, a jego obecność warunkuje charakterystyczną reakcję obronną rośliny na porażenie ocenianą jako 0(4). Jest on zlokalizowany w locus *mlo* na chromosomie 4H i koduje białko błonowe MLO (mildew resistance locus) sygnalizacji komórkowej (Piffanelli i in. 2002, Czembor i Czembor 2003a, b, c). Odmiany których odporność uwarunkowana jest tym genem są uprawiane na szeroką skalę w Niemczech, Holandii i Danii już od lat osiemdziesiątych, a do polskich odmian komercyjnych został on wprowadzany pod koniec lat osiemdziesiątych. Gen ten wciąż warunkuje odporność na wszystkie znane dotychczas patotypy występujące w populacji *Bgh* w Europie. Jego obecność stwierdzono jedynie w grupie form jarych jęczmienia. Rozpoczęto realizację progra-

mów hodowlanych, których efektem będzie wprowadzenie genu *mlo* do genomu jęczmienia ozimego. Obecnie bardzo efektywny jest nowy gen, którego obecność została określona m.in. dla odmiany Bente (Dreiseitl, 2022). Odmiana ta była również w kolekcji odmian włączonych do programu PDO w 2022 roku, a uzyskane wyniki ocen tej odmiany umożliwiły stwierdzenie dodatkowo obecności tego genu w genomie 2 innych odmian, Sting, Kakadu. Ponieważ pojawianie się nowych patotypów w populacji jest ściśle związane z uwarunkowaniami genetycznymi odmian uprawianych na dużych powierzchniach, należy brać pod uwagę, że i ten gen straci swoją efektywność w wyniku dużej presji selekcyjnej na populację *Bgh* (Dreiseitl, 2020).

Podstawą uzyskania postępu w hodowli jęczmienia dla odporności na *Bgh* jest wykorzystanie w programach hodowlanych nowych efektywnych źródeł odporności, dla których określona jest obecność genów specyficznych i niespecyficznych oraz zachowanie bioróżnorodności funkcjonalnej tego gatunku poprzez uprawę odmian zróżnicowanych genetycznie (Dreiseitl, 2020, Czembor i Czembor, 2021a, b, 2022, Piechota i in., 2019, 2020). Bardzo ważną rolę pełnią nowoczesne technologie pozwalające na określenie podłoża genetycznego odporności na *Bgh* oraz skrócenie cykli hodowlanych (Czembor i Czembor, 2022, Piechota i in. 2017). Coraz większe znaczenie mają nowoczesne technologie IT umożliwiające budowę specjalnych platform zapewniających analizę danych molekularnych i wizualizację uzyskanych wyników (m. in. Czembor i Czembor 2023).

Wnioski

1. Odporność większości badanych odmian jęczmienia jarego (61,5%) włączonych do programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) prowadzonego przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w 2022 roku uwarunkowana była tylko genem *mlo5* lub genem *mlo5* w kombinacjach z innymi genami dominującymi.
2. W genomie odmian zagranicznych Bente i Sting stwierdzono obecność nowego, efektywnego genu *Sl-1*. Dla odmiany Kakadu stwierdzono, że jej odporność była uwarunkowana genem *Sl-1* i wspomagana innymi genami.

Podziękowanie

Autorzy składają podziękowanie Pani mgr inż. Joannie Starzyńskiej z Pracowni WGO Roślin Zbożowych, Zakład Badania i Oceny Wartości Gospodarczej Odmian, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych za udostępnienie prób nasion do badań.

Literatura

- Brown, J.K.M., Wulff, B.B.H. (2022). Diversifying the menu for crop powdery mildew resistance. *Cell*, 185(5), 761–763. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.02.003>
- Czembor, H.J. (1972). Studia nad dziedziczeniem się odporności jęczmienia na mączniaka (*Erysiphe graminis* D.C. f.sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim. i Nasien.*, 16, 5, 403–411. (praca doktorska)
- Czembor, H.J. (1976). Źródła odporności na mączniaka jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *Hordei*. *Hod. Rośl. Aklim. i Nasien.*, 5(20), 467–490. (praca habilitacyjna)
- Czembor, J.H., Czembor, H.J. (1998). Powdery mildew resistance in cultivars of spring barley from Polish Register. *Plant Breed Seed Sci.*, 42(2), 87–89.
- Czembor, J.H. (2000). Resistance to powdery mildew in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from Egypt. *Plant Genet Resour Newsl.*, 123, 52–60.
- Czembor, H.J. (2008). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w latach 2004–2006. *Biul. IHAR*, 248, 33–42.
- Czembor, H.J., Czembor, J.H. (2001). Resistance to powdery mildew in barley cultivars and breeding lines included in 1998–2000 Polish registration trials. *Plant Breed. Seed Sci.*, 45(1), 21–41.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003a). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part I. Genetics, phenotype, mechanism and molecular investigations. *Biul. IHAR*, 230, 335–354.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003b). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part II. Sources of resistance and their use in barley breeding. *Biul. IHAR*, 230, 355–374.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2003c). Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) Part III. Durability of resistance. *Biul. IHAR*, 230, 375–386.
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2021a). Mlo Resistance to Powdery Mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in Barley Landraces Collected in Yemen. *Agronomy*, 11(8), 1582. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11081582>
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2021b). Sources of Resistance to Powdery Mildew in Barley Landraces from Turkey. *Agriculture*, 11(10), 1017. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture11101017>
- Czembor, J.H., Czembor, E. (2022). Genome-Wide Association Study of Agronomic Traits in European Spring Barley from Polish Gene Bank. *Agronomy*, 12(9), 2135. <https://doi.org/10.3390/agronomy12092135>
- Czembor, J.H., Czembor, E., Krystek, M., Pukacki, J. (2023). AgroGenome, Interactive Genomic-Based Web Server Developed Based on Data Collected for Accessions Stored in Polish Genebank. *Agriculture*, 13(1), 193. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13010193>
- Czembor, J.H., Czembor, E., Suchecki, R., Watson-Haigh, N. S. (2022). Genome-wide association study for powdery mildew and rusts adult plant resistance in European spring barley from Polish Gene Bank. *Agronomy*, 12(1), 7. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12010007>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Czembor, H. (2016). Odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2013. *Biul. IHAR*, 280, 3–12. <https://doi.org/10.37317/biul-2016-0001>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Czembor, H. J. (2018). Barley genetic resources in plant breeding and research 1998–2018. *Biul. IHAR*, 283, 149–150. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2018-0070>
- Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Smolińska, K. (2019). Interaction between powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) resistance determined by *mlo* gene and economical value characteristics in winter barley. *Biul. IHAR*, 286, 101–103. DOI: <https://10.37317/biul-2019-0022>
- Czembor, H.J., Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Domeradzka, O. (2011). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2010. *Biul. IHAR*, 260/261, 219–227. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2011-0036>
- Czembor, H.J., Czembor, J.H., Pietrusińska, A., Domeradzka, O. (2012). Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2011. *Biul. IHAR*, 265, 23–33. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2012-0036>
- Czembor, J.H., Doraczyńska, O., Pietrusińska, A., Czembor, H. J. (2013). Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *Hordei*) in barley cultivars included to registration trials in Poland in 2012. *Biul. IHAR*, 268, 35–45. DOI: <https://doi.org/10.37317/biul-2013-0030>
- Czembor, E., Kaczmarek, Z., Pilarczyk, W., Mańkowski, D., Czembor, J.H. (2022). Simulating Spring Barley Yield under Moderate Input Management System in Poland. *Agriculture*, 12(8), 1091. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture12081091>
- Dreiseitl, A. (2011). Differences in powdery mildew epidemics in spring and winter barley based on 30-year variety trials. *Ann. Appl. Biol.*, 59, 49–57. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2011.00474.x>
- Dreiseitl, A. (2013). Genes for resistance to powdery mildew in European winter barley cultivars registered in the Czech Republic and Slovakia to 2010. *Plant Breed.*, 132, 558–562. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.12108>
- Dreiseitl, A. (2017). Genes for resistance to powdery mildew in European barley cultivars registered in the Czech Republic from 2011 to 2015. *Plant Breed.*, 136, 351–356. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.12471>
- Dreiseitl, A. (2019). Great pathotype diversity and reduced virulence complexity in a Central European population of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in 2015–2017. *Eur. J. Plant Pathol.*, 53, 801–811. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1593-6>
- Dreiseitl, A. (2020). Specific resistance of barley to powdery mildew, its use and beyond. A concise critical review. *Genes*, 11, 971. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes11090971>
- Dreiseitl, A. (2022). Powdery Mildew Resistance Genes in European Barley Cultivars Registered in the Czech Republic from 2016 to 2020. *Genes*, 13(7), 1274 <https://doi.org/10.3390/genes13071274>
- Dreiseitl, A., Jørgensen, J.H. (2000). Powdery mildew resistance in Czech and Slovak barley cultivars. *Plant Breed.*, 119, 203–209. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2000.00473.x>
- FAOSTAT. (2022). <https://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/>
- Flor, H.H. (1971). Current status of the gene-for-gene concept. *Ann. Rev. Phytopathol.*, 9, 275–296.
- Gacek, E., Bilinski, Z. R., Czembor, H.J., Czembor, J.H. (2004). Pathogenicity of barley powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in Poland during 1993–1996. *Biul. IHAR*, 231, 365–376.

- Ge, C., Wentzel, E., Ellwood, S.R., Souza, N.D., Chen, K., Oliver, R.P. (2021). Adult resistance genes to barley powdery mildew confer basal penetration resistance associated with broad-spectrum resistance. *Plant Genome*, 14(3), e20129. DOI: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20129>
- Geng, L., Li, M., Zhang, G., Ye, L. (2022). Barley, A Potential Cereal for Producing Healthy and Functional Foods. *Food Qual. Saf.*, 6, 1–13.
- Hoseinzadeh, P., Zhou, R., Mascher, M., Himmelbach, A., Niks, R.E., Schweizer, P., Stein, N. (2019). High Resolution Genetic and Physical Mapping of a Major Powdery Mildew Resistance Locus in Barley. *Front Plant Sci.*, 10, 146. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00146>
- Hovmøller, M.S., Caffier, V., Jalli, M., Andersen, O., Besenhofer, G., Czembor, J.H., Dreiseitl, A., Flath, K., Fleck, A., Heinrics, F., Jönsson, R., Limpert, E., Mercer, P., Plesnik, S., Rashal, I., Skinnes, H., Slater, S., Vronska, O. (2000). The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery 1993-1999. *Agronomie*, 20(7), 729–744. DOI: <https://doi.org/10.1051/agro:2000172>
- Jørgensen, J. H. (1992). Discovery, characterisation and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. *Euphytica*, 63, 141–152. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00023919>
- Kępińska-Pacelik, J., Biel, W. (2021). Wartość odżywcza zbóż niechlebowych i możliwość ich wykorzystania w przemyśle. *Przemysł Spożywczy*, 75, 20–27.
- Kolster, P., Munk, L., Stolen, O., Lohde, J. (1986). Near-isogenic barley lines with genes for resistance to powdery mildew. *Crop Sci.*, 26, 903–907. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1986.0011183X002600050014x>
- Kusch, S., Qian, J., Loos, A., Kümmel, F., Spanu, P. D., Panstruga, R. (2023). Long-term and rapid evolution in powdery mildew fungi. *Mol Ecol.*, 2. DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.16909>
- Lukinac, J., Jukić, M. (2022). Barley in the Production of Cereal-Based Products. *Plants*, 11, 3519. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11243519>
- Mains, E.B., Dietz, S.M. (1930). Physiologic forms of barley mildew, *Erysiphe graminis hordei* Marchal. *Phytopathol.*, 20, 229–239.
- Michalska, B. (2011). Tendencje zmian temperatury powietrza w Polsce, *Prace i Studia Geograficzne*, 47, 67–75.
- Piffanelli, P., Zhou, F., Casais, C., Orme, J., Jarosch, B., Schaffrath, U., Collins, N. C., Panstruga, R., Schulze-Lefert, (2002). The Barley MLO Modulator of Defense and Cell Death Is Responsive to Biotic and Abiotic Stress Stimuli. *Plant Physiol.*, 129, 1076–1085. DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.010954>
- Piechota, U., Pietrusińska, A., Smolińska, K., Czembor, J.H. (2017). Nowoczesne technologie genotypowania wykorzystywane do analizy zmienności w obrębie kolekcji zgromadzonych w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie (IHAR – PIB). *Agronomy Sci.*, 72(4), 67–76. DOI: <https://doi.org/10.24326/as.2017.4.7>
- Piechota, U., Czembor, P.C., Czembor, J.H. (2020). Evaluating barley landraces collected in North Africa and the Middle East for powdery mildew infection at seedling and adult plant stages. *Cereal Res Comm.*, 48, 179–185. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42976-020-00021-4>
- Piechota, U., Czembor, P.C., Słowacki, P., Czembor, J.H. (2019). Identifying a novel powdery mildew resistance gene in a barley landrace from Morocco. *J Appl Genet.*, 60(3), 243–254. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00505-y>