

PIOTR SŁOWACKI
PAWEŁ C. CZEMBOR
JERZY H. CZEMBOR

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie
p.slowacki@ihar.edu.pl

Mapowanie genu odporności linii Ph873-2 jęczmienia jarego na rdzę karłową (*Puccinia hordei*)*

Mapping of resistance gene in line Ph873-2 of spring barley to leaf rust (*Puccinia hordei*)

Odporność uprawianych współcześnie odmian jęczmienia w Polsce na ważne gospodarczo choroby, uwarunkowana jest kilkoma genami, których większość jest mało efektywna. Wąska pula genetyczna odporności przy pojawianiu się nowych agresywnych ras patogenu prowadzi często do dużego porażenia. Źródłem nowych genów odporności są przede wszystkim populacje odmian miejscowych z obszarów pochodzenia jęczmienia uprawnego (*Hordeum vulgare*), tj. Bliskiego Wschodu oraz innych rejonów o tradycyjnej jeszcze kulturze rolnej. Celem prowadzonych badań była identyfikacja nowego genu odporności na rdzę karłową (*Puccinia hordei*) w linii jęczmienia wyprowadzonego z odmiany miejscowej.

Populacja mapująca powstała poprzez skrzyżowanie odpornej linii Ph873-2 oraz podatnej linii L94. Poddano ją testom fitopatologicznym w pokoleniu F_{2:3}. Pozwoliło to na potwierdzenie i wyłonienie osobników homozygotycznych pokolenia F₂ pod względem odporności i podatności na badane patogeny. Na potrzeby analiz molekularnych wyizolowano DNA z tkanki roślin F₂ przy użyciu metody CTAB.

Do poszukiwania markerów molekularnych potencjalnie sprzężonych z badanym genem odporności wykorzystano metodę łącznej analizy segregantów (ang. Bulk Segregant Analysis, BSA). Wybrano 10 homozygot odpornych i 10 podatnych, których DNA posłużyło do utworzenia puli (mieszanina równych ilości) DNA odpowiednio, podatnej i odpornej. DNA dwojga rodziców i pule DNA odporna i podatna były

* Prace zostały wykonane w ramach programu wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR-PIB a finansowanego przez MRiRW.

amplifikowane w reakcji PCR (ang. Polymerase Chain Reaction) z udziałem kolejnych starterów wybranego zestawu 103 markerów SSR (ang. Simple Sequence Repeat). Wybrany zestaw markerów SSR jest rozłożony równomiernie po całym genomie jęczmienia. Otrzymane wyniki pozwoliły na wybranie chromosomu 2H jako zawierającego gen RPh873-2.

Aby wysycić chromosom 2H w dodatkowe markery, zbadano polimorfizm DNA rodziców dla 34 dodatkowych markerów SSR. Spośród wszystkich badanych markerów SSR dla 19 uzyskano dane o pełnej segregacji, którą określono wykorzystując populację mapującą składającą się z 94 osobników F₂. Analiza sprzężeń pozwoliła na utworzenie częściowej mapy molekularnej chromosomu 2H o długości 105cM, która zawierała 11 markerów SSR i gen odporności RPh873-2 oflankowany markerami Bmac0134 (w odległości 14,1 cM) i HVM0036 (11,1 cM).