

JERZY CZEMBOR**ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA****KINGA SMOLIŃSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Kierownik Tematu: prof. dr hab. Jerzy Czembor Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie, tel. 22 883273863, e-mail: j.h.czembor@ihar.edu.pl

Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.19.2018, Zadanie nr 27.

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

Interaction between powdery mildew (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) resistance determined by *mlo* gene and economical value characteristics in winter barley

Słowa kluczowe: *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*, gen *mlo*, jęczmień ozimy, mączniak prawdziwy

Straty w plonie jęczmienia jarego i ozimego powodowane przez mączniaka prawdziwego sięgają 30%. Recesywny gen *mlo* warunkuje odporność form jarych na wszystkie znane dotychczas patotypy *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*, sprawcy mączniaka prawdziwego (Czembor i in., 2016). Brak jest komercyjnych odmian jęczmienia ozimego, których odporność na mączniaka prawdziwego jest warunkowana tym genem. Do badań wykorzystano linie jęczmienia ozimego: 6-rzędowa BKH 5735 oraz 2-rzędowa: RAH 22, jako donory odporności na mączniaka warunkowanej genem *mlo* pochodzącym z form jarych. Jako biorców genu *mlo* wykorzystano dwie 2-rzędowe i dwie 6-rzędowe elitarnie odmiany jęczmienia ozimego zarejestrowane w Polsce, o wysokiej wartości cech gospodarczych, lecz podatne na patotypy mączniaka prawdziwego wirulentne w stosunku do genów M1 St, 1-B-53 i innych genów obecnych w nowszych odmianach jęczmienia jarego i ozimego.

Cele szczegółowe realizowane w roku 2018 to: (1) ocena linii pokolenia F₃BC₂ homozygotycznych dla genu *mlo* oraz wybór i rozmnożenie do dalszych badań sublinii F₆BC₂ na podstawie ocen ważnych pod względem gospodarczym cech, w tym odporności

na choroby i potencjału plonowania, (2) 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 warunkach polowych (3) określenie obecności genu *mlo* dla 1000 roślin F_6BC_2 , reprezentujących 100–150 linii wytypowanych do badań i reselekcji w warunkach polowych, na podstawie oceny fenotypowej w warunkach kontrolowanych i molekularnej.

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 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). Nie stwierdzono dużego nasilenia mączniaka prawdziwego, a odporność wszystkich 200 linii i 4 form rodzicielskich oceniono w zakresie 7–9. Znacznie większe zróżnicowanie stwierdzono dla rdzy karłowej. W obrębie populacji (Souleyka \times BKH 735) \times Souleyka oraz (Linia 42 \times Metaxa) \times Metaxa można było wydzielić kilka obiektów, których porażenie w Wiatrowie i Szelejowie oceniono na 4 (średni stopień porażenia dla tych populacji wahał się w zakresie 6,1–6,5). Linie należące do populacji (Titus \times BKH 735) \times Titus były w mniejszym stopniu porażone rdzą karłową w stosunku do pozostałych populacji (średnia powyżej 7,0 we wszystkich lokalizacjach). Natomiast były one bardziej podatne na rynchosporiozę (zakres ocen 3,0–9,0; średnie porażenie w zależności od lokalizacji 6,7–7,8). W żadnej z lokalizacji nie stwierdzono dużego nasilenia żółtej karłowatości jęczmienia.

Dodatkowo, 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* a 200 z nich wytypowano do dalszych badań wielośrodowiskowych i rozmnożono (po ok. 50 na populację).

Do doświadczeń poletkowych prowadzonych jedno środowiskowo, których celem była ocena plonowania i odporności na ważne choroby, włączono 35 linii F_5BC_2 jęczmienia ozimego, o genomie *mlomlo*. Układ doświadczeń: doświadczenie 4-powtórzeniowe; poletka 10 m² do zbioru. W okresie wegetacji wykonano oceny (wg metodyki COBORU): stan roślin przed zimą i po zimie, porażenie przez choroby: mączniak prawdziwy, rdza karłowa, żółta karłowatość jęczmienia, rynchosporioza oraz termin kłoszenia, wysokość roślin i plon. 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 wielośrodowiskowych. Łącznie wytypowano 9 linii 6-rzędowych i 7 2-rzędowych.

Do badań prowadzonych w warunkach kontrolowanych, mających na celu reselekcję pokolenia F_6BC_2 pod kątem obecności genu włączono 1000 roślin F_6BC_2 . W stadium pierwszego liści rośliny 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. Próbki drugiego liścia zostały wykorzystane do analiz molekularnych, które prowadzono z wykorzystaniem dwóch markerów HVMlo1 oraz HVMlo3. 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.

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 Vireni — 207 linii, (Linia 42 × Metaxa) × Metaxa — 250 linii. Zostaną ocenione pod względem odporności na choroby w warunkach polowych, a 200 rozmnożone w kolejnym roku badań. Prowadzenie równoczesnej selekcji metodami molekularnymi i na podstawie testów fitopatologicznych w obrębie populacji mieszańcowych zwiększa skuteczność trafnego wyboru roślin homozygotycznych o odporności typu Mlo (Czembor i in., 2016). Linie, które zostały wytypowane do dalszych badań na podstawie ocen odporności na ważne gospodarczo choroby oraz plonowania nasiennego ocenione na poziomie odmian wzorcowych lub być włączone również do programów hodowlanych.

LITERATURA

- Czembor J. H., Czembor P. Cz., Doraczyńska O., Pietrusińska A., Radecka-Janusik M. 2016. Wprowadzenie genu *mlo* do genomu jęczmienia ozimego. *Progress in Plant Protection* 56 (3): 379 — 387.
- 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.

