

„Lokalizacja rejonów QTL związanych z odpornością / tolerancją pszenżyta (*xTriticosecale* Wittm.) na porażenie mączniakiem prawdziwym (*Blumeria graminis*)”

Pszenżyto, syntetyczny mieszaniec uzyskany przez człowieka poprzez skrzyżowanie żyta i pszenicy, jest młodym gatunkiem o niestabilnym genomie, skomercjalizowanym pod koniec lat 60. XX wieku. Jest zbożem o wysokim znaczeniu gospodarczym, jednakże wraz ze wzrostem areалу upraw tego zboża w Polsce jest coraz częściej infekowane przez patogen grzybowy *Blumeria graminis* (DC.) Speer, powodujący chorobę zwaną mączniakiem prawdziwym. Rozwój metod biologii molekularnej, a w szczególności technik bazujących na markerach molekularnych DNA, stał się narzędziem wykorzystywanym w nowoczesnej hodowli roślin do monitorowania introgresji i kumulacji pożądanych genów w materiałach hodowlanych, a same markery molekularne mogą być wykorzystane w procesie selekcji wspartej markerami molekularnymi (MAS).

Głównym celem badań była lokalizacja rejonów QTL (ang. *Quantitative Trait Loci*) pszenżyta (*xTriticosecale* Wittm.) w oparciu o dane fenotypowe poziomu odporności badanych linii DH na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* (DC.) Speer) oraz wskazanie potencjalnych markerów alleli tej odporności. Dla dokładnej lokalizacji rejonów QTL skonstruowano wysoko wysyconą mapę genetyczną dla 168 linii DH populacji DH ‘Grenado’ x ‘Zorro’. Dodatkowo wykorzystano opisaną już mapę 89 linii DH populacji ‘Hewo’ x ‘Magnat’. Analizę rejonów QTL przeprowadzono metodą regresji liniowej (SMA) i złożonego mapowania interwałowego (CIM) wykorzystując program Windows QTLCartographer version 2.5. Obserwacje stopnia porażenia obu populacji mapujących przeprowadzono w warunkach polowych w trzech lokalizacjach należących do firmy DANKO - Choryń, Laski i Modzurów, w trzech sezonach wegetacyjnych - 2012/2013, 2013/2014 i 2014/2015. Ocenę stopnia porażenia wykonano w oparciu o 9-cio stopniową skalę, gdzie 9 oznacza roślinę całkowicie zdrową, a 1 całkowicie porażoną. Dane fenotypowe posłużyły do lokalizacji rejonów QTL związanych z odpornością / tolerancją pszenżyta na porażenie mączniakiem prawdziwym.

W oparciu o genotypowanie populacji mapującej DH ‘Grenado’ x ‘Zorro’, złożonej z 168 linii, opracowano mapę genetyczną o całkowitej długości 7527,1 cM, składającą się

z 1891 markerów (w tym 326 DArT, 1443 DArTseq i 122 SNP). W wyniku analizy QTL dla linii populacji DH 'Grenado' x 'Zorro' zidentyfikowano 40 rejonów QTL (11 QTL na chromosomach z grupy sprzężeń A, 15 dla grupy B i 14 dla grupy R), wyjaśniających 1,1 - 23,7% zmienności fenotypowej. Dla linii populacji DH 'Hewo' x 'Magnat' zidentyfikowano 25 rejony QTL (8 QTL na chromosomach z grupy sprzężeń A, 7 dla grupy B i 10 dla grupy R) wspólnych dla obserwacji z trzech lokalizacji i trzech sezonów wegetacyjnych, wyjaśniających 2,3 - 30,1% zmienności fenotypowej. W obrębie tych rejonów wytypowano 9 loci wspólnych dla obu populacji mapujących na chromosomach 1A, 5A, 1B, 3B, 4B, 3R i 5R, wyjaśniających 1,16 - 22,60% zmienności fenotypowej. W rejonach tych, z dużym prawdopodobieństwem wskazano obecność dotychczas opisanych i scharakteryzowanych genów odporności na mączniaka prawdziwego: *Pm3a*, *Pm4b*, *Pm5*, *Pm6* i *Pm4l* pochodzących od pszenicy i *Pm3* oraz *Pm4* pochodzących od żyta. Dodatkowo wytypowano 57 markerów molekularnych, które po dokładnej ich weryfikacji mogą zostać wykorzystane w selekcji materiałów hodowlanych pszenżyta pod kątem odporności na porażenie mączniakiem prawdziwym.