

VIII. STRESZCZENIE

Celem pracy było znalezienie funkcjonalnych markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na choroby grzybowe, które będą przydatne do selekcji materiałów hodowlanych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.), oraz ocena stopnia porażenia w zależności od genotypu rośliny.

Pierwszym zadaniem realizowanym w niniejszej pracy, było wykonanie krzyżowania odpowiednio dobranych odmian rodzicielskich pszenicy różniących się stopniem porażenia przez patogeny grzybowe. Wykonano 5 kombinacji krzyżowania, w wyniku których uzyskano rośliny pokolenia F₁, które następnie posłużyły do wyprowadzenia roślin pokolenia F₂. Kolejnym etapem prac, było założenie doświadczeń polowych w latach 2012-2014. Pierwsze doświadczenie polowe zostało wysiane jesienią 2012 roku w jednej lokalizacji w Strzelcach z odmianami rodzicielskimi oraz roślinami pokolenia F₁. W latach 2013-2014 doświadczenia polowe były zakładane w dwóch lokalizacjach (HR Strzelce, RGD KGiHR Dłoń). W doświadczeniach wysiewano odmiany rodzicielskie oraz rośliny pokolenia F₁ i F₂ wszystkich kombinacji krzyżowania w 3 powtórzeniach. Analizy molekularne stanowiły kolejny etap prac badawczych. Wykonano analizy mające na celu identyfikację funkcjonalnych markerów molekularnych sprzężonych z genami warunkującymi odporność na mączniaka prawdziwego zbóż i traw (*Pm2*, *Pm3a*, *Pm4b*, *Pm6*) oraz rdzę brunatną (*Lr11*, *Lr13*, *Lr16*, *Lr19*) pszenicy ozimej. Pozyskano z banku genów odmiany referencyjne zawierające poszczególne geny odporności. Odmiany te posłużyły jako wzorce do oceny swoistości wykonanych reakcji PCR dla poszczególnych markerów. Zoptymalizowano reakcję i wskazano funkcjonalne markery do identyfikacji genów odporności na mączniaka prawdziwego zbóż i traw *Xcfd81*, *Whs350* i *Xgwm205* (*Pm2*), *Pm3a*, *STS_241* (*Pm4b*), *NAU/STSB_{CD135-2}* (*Pm6*) i rdzę brunatną *wmc24* (*Lr11*), *Xgwm630* (*Lr13*), *Xwmc764* (*Lr16*), *Xwmc221* (*Lr19*). Analizy wykonano na odmianach rodzicielskich oraz mieszańcach pokolenia F₂, tych kombinacji krzyżowania, których rodzice różnili się pod względem obecności poszczególnych genów. Najwięcej analiz wykonano dla roślin pochodzących z kombinacji krzyżowania Tobak x Tonacja. Wykazano, że kumulacja kilku genów odporności na danego patogena zwiększa odporność roślin. Stwierdzono, że połączenie genów *Lr13* i *Lr11* powoduje wzrost odporności roślin. Obecność 4 genów *Pm* (*Pm2*, *Pm3a*, *Pm4b*, *Pm6*) w odmianie Torpeda warunkowała wyższą odporność. Potwierdziło to skuteczność piramidyzacji genów odporności. Poszukiwanie markerów

silicoDART i SNP sprzężonych z genami warunkującymi odporność na rdzę żółtą przy wykorzystaniu technologii DARTseq było kolejnym etapem realizowanej pracy. Analizy zostały wykonane przez firmę Diversity Arrays Technology w Australii. Analizie poddano 94 genotypy pochodzące z kombinacji krzyżowania Tobak x Tonacja, w tym odmiany rodzicielskie, genotyp pokolenia F₁ i 91 roślin pokolenia F₂. Uzyskane dane z genotypowania wykorzystano do mapowania asocjacyjnego, które wykonano za pomocą metody GWAS. Wyznaczone sekwencje w analizie GWAS poddano dalszym badaniom. W wyniku wykonanej analizy BLAST wyznaczono rejon na chromosomie 2B o największej istotności dopasowania analizowanych sekwencji. Wykonana adnotacja funkcjonalna dla sekwencji genów znajdujących się w wyznaczonym rejonie na chromosomie 2B przy użyciu programu Blast2GO, wskazała trzy sekwencje związane z cechą odporności na rdzę żółtą. W ramach realizacji pracy doktorskiej została wykonana ocena stopnia porażenia roślin pszenicy ozimej przez choroby grzybowe w warunkach naturalnego porażenia. Oceniano porażenie mączniakiem prawdziwy zbóż i traw (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*), rdzą brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) oraz rdzą żółtą (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*). Ocenie poddano rośliny rosnące w danym roku w doświadczeniu polowym w latach 2013-2015. Ocena została wykonana zgodnie z przyjętą przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) metodyką w skali 9-cio stopniowej. Wykazano dużą zmienność stopnia porażenia analizowanych roślin zależną od genotypu, warunków pogodowych oraz lokalizacji. Od 2013 roku na roślinach pszenicy obserwowano objawy porażenia rdzą żółtą, która nie występowała wcześniej na zasiewach pszenicy w Polsce, co wskazuje, że presja patogenów się zwiększa. Ostatnim etapem pracy była ocena cech morfologicznych i komponentów plonu badanych roślin pszenicy ozimej. Celem było zbadanie wpływu stopnia porażenia roślin pszenicy przez choroby grzybowe na kształtowanie się tych cech. Pomiary i analizy zostały wykonane na tych samych roślinach, które były ocenione pod względem odporności na porażenie przez patogeny grzybowe. Wykazano dodatnią istotną korelację pomiędzy stopniem odporności badanych roślin a masą tysiąca ziaren.

Identyfikacja funkcjonalnych markerów molekularnych dla genów warunkujących odporność na choroby grzybowe pszenicy ozimej dzięki przeprowadzonym badaniom, oraz wykonanej analizie markerów ułatwi wprowadzanie komponentów odpornych do nowo tworzonych odmian oraz ułatwi proces selekcji a tym samym hodowla nowych odmian odpornych pszenicy ozimej stanie się bardziej skuteczna.