

Streszczenie

Tolerancja jęczmienia na stesy abiotyczne, takie jak susza czy niekorzystne warunki zimowe, jest cechą budzącą ciągłe zainteresowanie ze strony hodowców. Negatywny wpływ stresu na wzrost i rozwój roślin, a w konsekwencji ograniczenie plonu tej ekonomicznie ważnej rośliny stanowi obecnie istotny problem ekonomiczny. Postępujące zmiany klimatyczne wyeksponowały potrzebę wytworzenia nowych odmian roślin charakteryzujących się zwiększoną tolerancją zmiennych czynników środowiskowych. Klasyczne metody selekcji okazują się być często nieskuteczne wobec poligenicznego modelu dziedziczenia niektórych cech zakładającego zróżnicowany poziom wpływu poszczególnych loci na ekspresję genów je determinujących. Podejściem alternatywnym dla klasycznych metod prowadzenia selekcji jest wykorzystanie markerów molekularnych (selekcja wspomaganą markerami - MAS).

Głównym celem badań było opracowanie skutecznych systemów markerowych przeznaczonych do praktycznego wykorzystania w selekcji roślin jęczmienia jarego o zwiększonej tolerancji suszy, jak również roślin jęczmienia ozimego o zwiększonej zimotrwałości i mrozoodporności. Materiał badawczy stanowiły populacje 1214 genotypów jęczmienia jarego i 142 genotypów jęczmienia ozimego dostarczane przez współpracujące w ramach projektu GENMARK (PBS1/A&1/2012) firmy hodowlane. Były to odmiany, zaawansowane rody oraz linie DH i SSD.

Analizy polimorfizmu markerów molekularnych przeprowadzono techniką PCR po ich konwersji z systemu DArT. Uzyskane wyniki oznaczeń genotypowych korelowano z wynikami oceny fenotypowej roślin jęczmienia przeprowadzonej na podstawie polowo-laboratoryjnych testów mrozoodporności, jak również laboratoryjnej oceny parametrów fizjologicznych tolerancji suszy. Dodatkowo do fenotypowej charakterystyki badanych genotypów wykorzystano wyniki doświadczeń polowych (z trzech sezonów wegetacyjnych: 2012/13, 2013/14, 2014/15) prowadzonych niezależnie przez firmy hodowlane.

Przeprowadzona analiza zestawu 19 polimorficznych loci sprzężonych z tolerancją stresu suszy pozwoliła na wskazanie zestawu trzech markerów DArT: bPb-6721, bPb-6450 i bPb-1312 przydatnych w selekcji jęczmienia o zwiększonej tolerancji na ten stres. Ponadto, wykazano istotne korelacje obecności trzech markerów: bPb-6721, bPb-6399 i bPb-7786 z odpornością na choroby jęczmienia jarego powszechnie limitujące plon jęczmienia w Polsce. Szczególną przydatność w selekcji roślin o wysokim potencjale plonotwórczym w warunkach suszy wykazano dla markera bPb-7786.

W wyniku przeprowadzonych badań opracowano również zestaw trzech markerów mrozoodporności jęczmienia ozimego: bPb-1593, bPb-7975 i bPb-1815, które mogą być wykorzystywane w programach hodowlanych w celu identyfikacji genotypów o wysokiej mrozoodporności. Potwierdzono również przydatność dwóch markerów DArT w dyskryminacji osobników wrażliwych na stres mrozu.

Dodatkowo w pracy podjęto próbę zagęszczenia rejonów QTL dla cech fizjologicznych związanych z tolerancją suszy u polskich genotypów jęczmienia jarego nowymi markerami wyznaczonymi na podstawie asocjacji marker-cecha. Zidentyfikowano 16 nowych markerów DArTseq i 19 SNP istotnie asocjowanych z parametrami tolerancji suszy, które wykorzystano do zagęszczenia pięciu rejonów chromosomowych jęczmienia: 2H, 3H, 4H, 5H i 6H.

Przeprowadzono ponadto bioinformatyczną analizę sekwencji markerów DArT dla parametrów mrozoodporności jęczmienia ozimego w kontekście ich podobieństwa do genów potencjalnie zaangażowanych w kształtowanie różnic w odporności na mróz. Przeprowadzona analiza poziomu ekspresji proponowanych sekwencji u czterech genotypów o skrajnie zróżnicowanej mrozoodporności, pozwoliła na wskazania trzech, dotychczas niezidentyfikowanych u jęczmienia genów: *ATPase*, *DDMI* i *BIG*, jako kandydujących na geny związane z mrozoodpornością.