



Zad. 2.2 Poszerzenie puli genetycznej jęczmienia

Kierownik zadania: **prof. dr hab. Jerzy H. Czembor** (KCRZG)

Wykonawcy: **dr hab. Paweł Cz. Czembor** (ZGiHR)
mgr Piotr Słowacki (ZGiHR)
mgr Urszula Piechota (KCRZG)

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych
Radzików, 05-870 Błonie

Program Wieloletni „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji i wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” (lata 2015-2020).

Cel zadania

Celem zadania jest określenie genetycznego uwarunkowania **odporności linii: Bgh255-3-3, Bgh569-3-3 i Bgh5317-1-1** na mączniaka prawdziwego oraz linii: **Ph860-4, Ph873-2 i Ph4779-4** na rdzę karłową oraz uzyskanie **nowych źródeł odporności** jęczmienia na te patogeny.

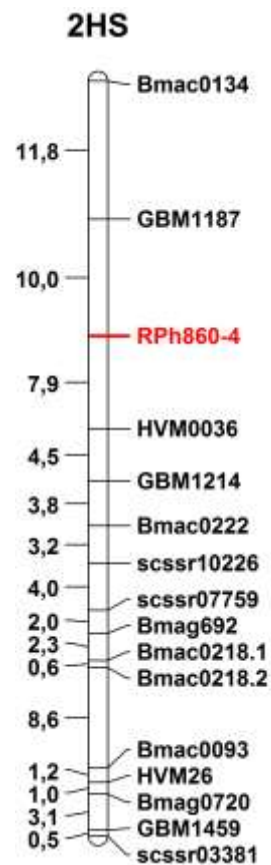
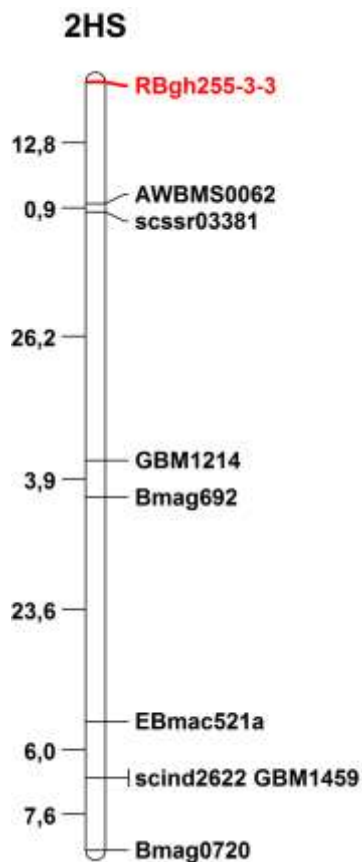
Zakres prac – 2017 r.

1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F_2 .
2. Linie odporne Bgh569-3-3 i Ph873-2: wytworzenie populacji mieszańcowych F_3 i ich ocena fenotypowa oraz rozpoczęcie analiz molekularnych.
3. Linie odporne Bgh5317-1-1 i Ph4779-4: wytworzenie populacji mieszańcowych F_1 .
4. Ocena odporności 200 odmian miejscowych w warunkach polowych i kontrolowanych (3 rok badań). Wyprowadzenie linii czystych odpornych na populacje patogenów jęczmienia występującą w Polsce.
5. Podsumowanie realizacji pierwszego etapu programu wieloletniego 2015-2017.

Ad 1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F₂.

Bgh255-3-3

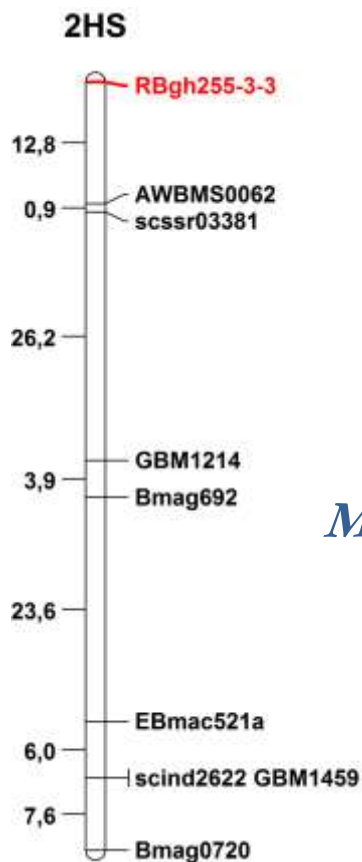
Ph860-4



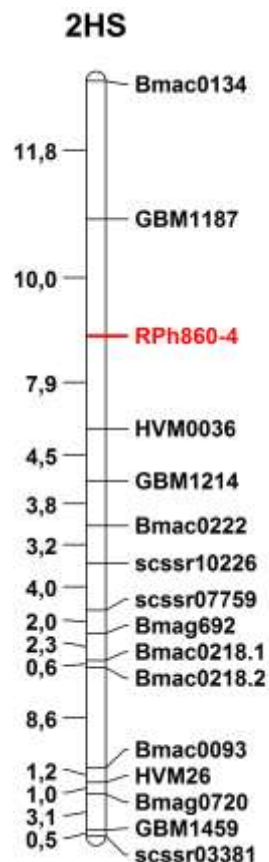
Ad 1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F₂.

Bgh255-3-3

Ph860-4



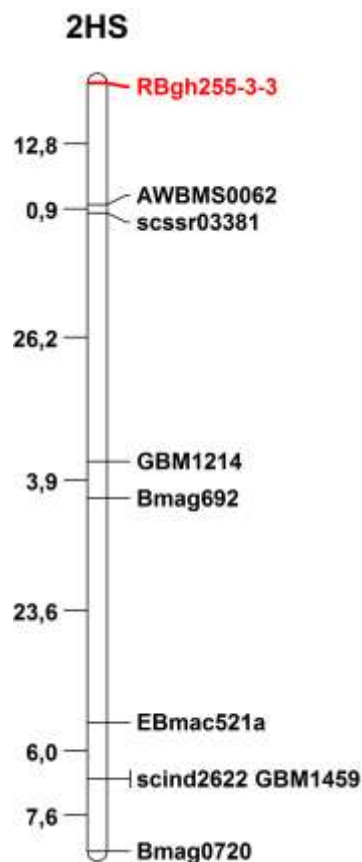
Ml(La) H. laevigatum
2HL



Rph1 Sudan
Rph14 PI584760
Rph15 Bowman
Rph16 Hs680-1
Rph17 81882/BS1
Rph22 2HL

Ad 1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F₂.

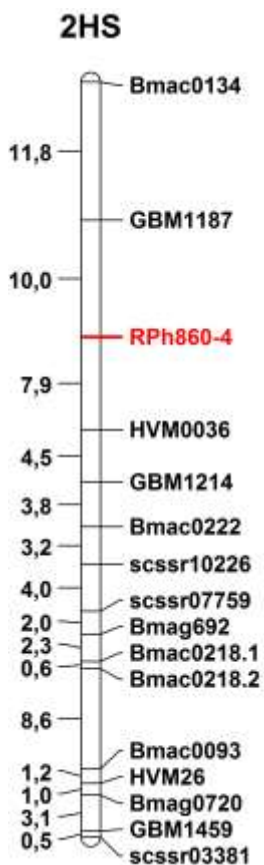
Bgh255-3-3



- Odporność na mączniaka prawdziwego linii Bgh255-3-3 jest warunkowana nie opisanym w literaturze *locus* odporności na chromosomie 2HS.

Ad 1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F₂.

Ph860-4



| | | | |
|--------------|-----------|---------|----------|
| <i>Rph1</i> | Sudan | F1-1 | 162:0 |
| <i>Rph14</i> | PI584760 | Rub3-1 | 61:43:21 |
| <i>Rph15</i> | Bowman | IPO25-4 | 193:3 |
| <i>Rph16</i> | Hs680-1 | F1-2 | 133:0 |
| <i>Rph17</i> | 81882/BS1 | Rub3-2 | 14:55:60 |

Ad 1. Linie odporne Bgh255-3-3 i Ph860-4: wykonanie testu alleliczności na populacjach mieszańcowych F₂.

Ph860-4

| | | | |
|--------------|-----------|---------|----------|
| <i>Rph1</i> | Sudan | F1-1 | 162:0 |
| <i>Rph14</i> | PI584760 | Rub3-1 | 61:43:21 |
| <i>Rph15</i> | Bowman | IPO25-4 | 193:3 |
| <i>Rph16</i> | Hs680-1 | F1-2 | 133:0 |
| <i>Rph17</i> | 81882/BS1 | Rub3-2 | 14:55:60 |

- Odporność na rdzę karłową linii Ph860-4 nie jest warunkowana genem *Rph15*.

Ad 2. Linie odporne Bgh569-3-3 i Ph873-2: wytworzenie populacji mieszańcowych F₂ i ich ocena fenotypowa oraz rozpoczęcie analiz molekularnych.

Bgh569-3-3 × Manchurian

Ph873-2 × L94

| | | |
|----------------|--------|----------|
| F ₂ | Bgh129 | 88:32 |
| F ₃ | Bgh129 | 36:52:32 |

| | | |
|----------------|-------|----------|
| F ₂ | Ph604 | 71:23 |
| F ₃ | Ph604 | 23:48:23 |

- Odporność na mączniaka prawdziwego linii Bgh569-3-3 jest warunkowana pojedynczym genem dominującym.
- Odporność na rdzę linii karłową Ph873-2 jest warunkowana pojedynczym genem dominującym.

Ad 3. Linie odporne Bgh5317-1-1 i Ph4779-4: wytworzenie populacji mieszańcowych F₁.

Bgh5317-1-1 × Manchurian

Ph4779-4 × L94

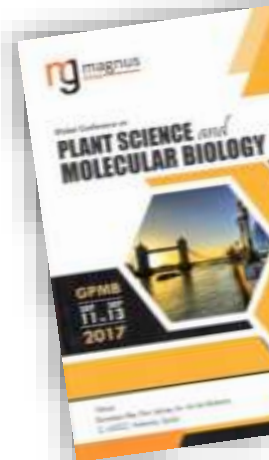
Ad 4. Badanie 200 odmian miejscowych (20 populacji) w warunkach polowych i kontrolowanych (3 rok badań). Wyprowadzenie linii odpornych na populacje patogenów jęczmienia występującą w Polsce.

| linia | Bgh | | Ph | | Bgh | Ph |
|-------|------|-----|-----|-----|--------------|----|
| | 4714 | 314 | 25 | 29 | ocena polowa | |
| 614 | 4 | 4 | 0; | 0; | 5 | 7 |
| 625 | 4 | 4 | 0; | 0; | 5 | 7 |
| 647 | 4 | 4 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 655 | 0 | 0i4 | 2i4 | 2i4 | 7 | 7 |
| 656 | 4 | 0i4 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 691 | 4 | 4 | 2 | 2 | 5 | 7 |
| 695 | 4 | 4 | 2 | 2 | 7 | 5 |
| 700 | 4 | 4 | 0; | 0; | 7 | 9 |
| 711 | 4 | 2 | 2i4 | 2i4 | 7 | 7 |
| 719 | 4 | 1i4 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 724 | 4 | 4 | 0 | 0 | 7 | 9 |
| 726 | 4 | 1i4 | 2 | 2 | 7 | 8 |
| 728 | 4 | 4 | 2 | 2 | 5 | 7 |
| 729 | 4 | 1i4 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 730 | 4 | 1 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 731 | 4 | 0 | 0; | 0; | 7 | 7 |
| 737 | 4 | 2 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 740 | 4 | 2 | 2 | 2 | 7 | 7 |
| 745 | 4 | 4 | 1 | 1 | 7 | 7 |
| 748 | 4 | 4 | 1 | 1 | 7 | 7 |
| 784 | 4 | 4 | 2 | 2 | 5 | 7 |
| 813 | 4 | 2 | 2i4 | 2i4 | 7 | 7 |
| 828 | 4 | 4 | 2 | 2 | 7 | 7 |

Wymierne rezultaty Zadania 2.2

- Odporność na mączniaka linii Bgh569-3-3 jest uwarunkowana pojedynczym genem dominującym.
- Odporność na rdzę karłową linii Ph873-2 jest uwarunkowana pojedynczym genem dominującym.
- Odporność na mączniaka prawdziwego linii Bgh255-3-3 jest warunkowana nie opisanym w literaturze *locus* odporności na chromosomie 2HS.
- Odporność na rdzę linii Ph860-4 nie jest warunkowana genem *Rph15*.
- Wyprowadzenie 23 linii odpornych.

Czembor J.H., Piechota U., Czembor P., 2017. *New locus of barley resistance gene to powdery mildew*. Global Conference on Plant Science and Molecular Biology, 11-13.09.2017, Walencja, Hiszpania, książka streszczeń str. 149.



New locus of barley resistance gene to powdery mildew
Jerzy H. Czembor¹, Urszula Piechota¹, Paweł C. Czembor²

¹ Institute of Plant Genetic Resources (IPGR), Polish Breeding Plant Breeding and Acclimatization Institute (IAR), Kraków, Poland
² Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute (IAR), Kraków, Poland

Introduction
Barley genome (up to date) is the most extensive reservoir center pathogen of barley. The widespread large vector-like disease, powdery mildew, and other loci are risk up to 32 QTLs. Resistance for powdery mildew is the aim of numerous breeding programmes.
Barley resistance are rich source of new resistance genes in elite pathogen.

Materials and methods
Phenotypic tests for powdery mildew resistance of 4 000 landraces.
Barley landraces from ICRP (resistance) were included by breeding germplasm. Landraces include in seedling stages of growth in controlled conditions in greenhouse. Tests for resistance were conducted in field conditions.
Resistant lines selection
Resistant lines selected according to them and DNA made (PCR). Combined gene results in selection of 4 outstanding resistant lines to powdery mildew. Line Bgh569-3-3 was one of the elite lines.
Mapping population formation
As mapping population was used F1 generation from crossed resistant line Bgh569-3-3 and susceptible cultivar 'Mikula'. F1 and F2 plants were tested for powdery mildew resistance - to define resistance and homo- or heterozygotes.
Identification of molecular markers linked to resistance.
Thousands of PCR markers based on 20K and 50K of mapped in DNA chips (Illumina/Agilent Technology) were used to identify in linkage with powdery mildew resistance. Details may be submitted for using Illumina® (Illumina Inc) and by Research Express.

Results
Barley line Bgh569-3-3 resistance gene is located on 2H chromosome.
The nearest markers of this gene are:
Dw-TS20111 - 2.3 Mb distance (chr2H 363391 to 363420)
Dw-TS21196 - 15.6 Mb distance (chr2H 409676 to 409727)

The aim of the study...
was to broaden barley gene pool available for breeders - by describing new resistance genes and by stabilisation new varieties for these genes.

National Centre for Plant Genetic Resources NCPGR - Polish GeneBank
<http://barleygenbank.pl/>
Over 75 000 accessions in long-term storage (36 in Europe)
Over 20 000 unique items in Herbarium collections
Over 1000 registered molecular lab
Qualified staff with passion on botany

References
Mikula (var. Mikula) Plant Breeding and Acclimatization Institute (IAR), Kraków, Poland
Czembor J.H. et al. (2017) New locus of barley resistance gene to powdery mildew. Global Conference on Plant Science and Molecular Biology, Valencia, Spain, 11-13.09.2017.

This work is supported by programme "Creation of scientific basis for biological improvement and plant genetic resources protection at source of resistance and support of sustainable agriculture and national food security" funded by Ministry of Agriculture and Rural Development Polish Project No. 5-2-06-0-00 "Breeding of barley gene pool".

Wykonanie miernika dla Zadania 2.2

| Miernik dla zadania | | | |
|--|----------------|------------------|-----------------------|
| Nazwa miernika | Wartość bazowa | Wartość docelowa | Wartość uzyskana 2017 |
| <u>liczba wyprowadzonych linii i form roślin</u> (pod względem użyteczności rolniczej, cech morfologicznych, technologicznych, odporności na stresy lub elementów struktury plonu): | 41 | 60 | 64(23) |
| <u>liczba analiz</u> cytologicznych, chemicznych, biochemicznych lub molekularnych form roślin uprawnych: | 180 | 180 | 180(0) |

Wykonanie założonego celu 100%

Ad 5. Podsumowanie realizacji pierwszego etapu Programu Wieloletniego 2015-2017.

6 populacji mapujących F₂

Bgh255-3-3 × Manchurian, Bgh569-3-3 × Manchurian,
Bgh5317-1-1 × Manchurian, Ph860-4 × L94, Ph873-2 × L94,
Ph4779-4 × L94

Ocena fitopatologiczna 828 obiektów

pojedynki F₂, rodzin F₃ i linii wsobnych rekombinacyjnych

Analiza BSA 180 markerów SSR

miernik 100%

Pełna analiza segregacji 66 markerów SSR

Dwie mapy genetyczne

Bgh255-3-3, Ph860-4

Test alleliczności

Ph860-4

Ocena odporności polowej i po sztucznej inokulacji

200 linii 3 lata badań

Wyprowadzono 63 linie odporne
w tym 3 o wysokiej odporności

miernik 100%

737, 740, 720

Wyniki przedstawiono na 2 konferencjach

12th Euro Biotechnology Congress 2016, Hiszpania;
Global Conference on Plant Science and Molecular
Biology, 2017, Hiszpania.

Dziękuję