Streszczenie

Rośliny uprawne narażone są na wiele czynników stresowych, abiotycznych i biotycznych, spośród których stres wywołany presją patogenów stanowi jedną z głównych przyczyn obniżających produktywność roślin. Jedną z ważniejszych chorób zbóż drobnoziarnistych zwłaszcza pszenicy i jęczmienia o światowym znaczeniu gospodarczym, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. jest fuzarioza kłosów (FHB, ang. Fusarium Head Blight). Patogen poraża kłosy, powodując uszkodzenie zarodków, co prowadzi do niewykształcenia ziarniaków w kłosie lub obniżenia masy ziarna i osłabienia ich siły kiełkowania. Infekcja kłosów następuje podczas kwitnienia i tuż po kwitnieniu powodując obniżenie plonów nie tylko pod względem ilościowym, ale także jakościowym, gdyż zakumulowane w porażonym ziarnie mykotoksyny są szkodliwe zarówno dla człowieka, jak i dla zwierząt.

W przedłożonej pracy doktorskiej dokonano charakterystyki pod względem zmienności cech agronomicznych i odporności na fuzariozę kłosów populacji linii rekombinacyjnych jęczmienia jarego, otrzymanych z mieszańców odmiany europejskiej Maresi i linii syryjskiej Cam/B1/CI08887/CI05761, na podstawie wyników doświadczeń polowych z zastosowaniem inokulacji zarodnikami *Fusarium culmorum* (W.G.Sm.) Sacc. Wykorzystanie materiału roślinnego uzyskanego z mieszańców o zróżnicowanej podatności na porażenie *F. culmorum* posłużyło do poznania genetycznych uwarunkowań obserwowanych cech, jak również umożliwiło identyfikację regionów genomu jęczmienia (loci cech ilościowych) determinujących te cechy wraz z ich adnotacją funkcjonalną.

Badania obejmowały charakterystykę fenotypową 100 rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL, ang. Recombinant Inbred Lines) w warunkach polowych, w układzie losowanych bloków, w trzech powtórzeniach, dwóch wariantach (kontrola – K i inokulacja – I) oraz trzech lokalizacjach (Antoniny, Nagradowice, Tulce). Zastosowano technikę inokulacji poprzez opryskiwanie w fazie kwitnienia, a następnie oprysk powtarzano dwukrotnie w odstępach trzydniowych. Obserwowano osiem cech: wysokość roślin (cm), długość kłosa (cm), liczbę kłosków w kłosie (szt.), liczbę ziaren w kłosie (szt.), masę ziarna z kłosa (g), masę 1000 ziaren (g), plon ziarna z poletka (g) oraz termin kłoszenia (liczba dni). Po wystąpieniu objawów choroby przeprowadzono ocenę nasilenia fuzariozy kłosów na podstawie proporcji porażonych kłosków w kłosie oraz proporcji kłosów porażonych na poletku. Z tych wartości wyliczono indeks fuzariozy kłosów (FHBi, ang. Fusarium Head

Blight index). Z kolei po wymłóceniu kłosów określono wizualnie udział ziarniaków uszkodzonych przez *F. culmorum*, poprzez podział próby na ziarniaki zdrowe (HLK, ang. Healthy Looking Kernels) i ziarniaki z objawami porażenia (FDK, ang. Fusarium Damaged Kernels), a także oznaczono zawartość deoksyniwalenolu (DON) w ziarnie. Dane fenotypowe analizowano w kontekście mapy genetycznej uzyskanej na podstawie genotypowania SNP (ang. Single Nucleotide Polymorphism) przy użyciu platformy Illumina 9k Infinium iSelect. Przeprowadzono identyfikację QTL dla analizowanych cech według metody opisanej przez Malosettiego i in. (2013), przy użyciu programu Genstat 18 (VSN Int. 2015). Interpretacja funkcjonalna QTL przeprowadzona została w oparciu o dostępne zasoby genomowe, a ich adnotacje przy użyciu BARLEYMAP (http://floresta.eead.csic.es/barleymap). Analizę nadreprezentacji terminów GO (ang. Gene Ontology enrichment) wykonano z zastosowaniem bazy danych i narzędzi GeneOntology (http://geneontology.org).

Na podstawie uzyskanych wyników w warunkach naturalnego porażenia oraz z zastosowaniem inokulacji odnotowano efekty transgresji w odniesieniu do większości cech analizowanych w obrębie populacji MCam. Wpływ stresu biotycznego był mniej widoczny u odmiany Maresi, a poziom zmian nie przekraczał około 6% wartości cechy mierzonej w warunkach kontrolnych, zaś plon z poletka został zredukowany jedynie o 1,1%. W warunkach inokulacji, zarówno w obrębie populacji MCam jak również między formami rodzicielskimi, najmniejszy negatywny wpływ fuzariozy kłosów obserwowano dla długości kłosa oraz liczby kłosków w kłosie. Stwierdzono, że infekcja miała większy wpływ na większość cech linii CamB1 w porównaniu do Maresi. Jedynie wartości dotyczące liczby i masy uszkodzonych ziarniaków w warunkach inokulowanych były znacznie większe u Maresi, dla której odnotowano ponad 60-krotny wzrost wartości tych cech, natomiast u CamB1 wzrost był jedynie 10–12 razy większy względem kontroli.

Stwierdzono na ogół dodatnie korelacje fenotypowe między cechami plonotwórczymi niezależnie od środowiska. Wyjątek stanowił indeks fuzariozy kłosów, którego współczynniki korelacji były ujemne we wszystkich badanych przypadkach. Stwierdzono również, że nie zawsze wzrost stopnia porażenia ziarna w kłosie skutkował zwiększoną zawartością DON w ziarnie. Ponadto zidentyfikowano linie, dla których stwierdzono niskie porażenie kłosów na poletku, natomiast ich ziarno wykazało obecność DON. Mimo znacznych różnic zawartości DON w ziarnie, zarówno w warunkach kontrolnych jak i w warunkach inokulacji zarodnikami grzybów w rodzaju *Fusarium*, nie stwierdzono istotnej korelacji pomiędzy zawartością DON w ziarnie a pozostałymi analizowanymi cechami.

Przeprowadzona w ramach rozprawy analiza QTL obejmująca osiem cech związanych z potencjałem plonowania oraz pięć cech związanych z fuzariozą kłosów, a także zawartością DON w badanym ziarnie, pozwoliła zidentyfikować 40 loci rozproszonych w całym genomie. W pracy zidentyfikowano 29 QTL dla cech plonotwórczych oraz 11 związanych z fuzariozą kłosów. Dodatkowo wyróżniono cztery regiony genomu zawierające ponad dwa loci blisko sąsiadujące, tj. zgrupowane w przedziale o długości 6 cM (± 3 cM od centralnego QTL).

Wytypowano sześć linii (MCam1, MCam10, MCam26, MCam49, MCam56, MCam129) charakteryzujących się niskim stopieniem porażenia kłosów we wszystkich badanych warunkach środowiskowych, przy jednoczesnej niskiej zawartości DON w ziarnie. Dzięki integracji wyników dla QTL związanych z fuzariozą kłosów z loci cech plonotwórczych z poprzednich badań populacji MCam (dotyczących oceny relatywnego efektu suszy (RDE, ang. Relative Drought Effect), wykorzystujących populację jęczmienia jarego MCam do analizy sprzężeń w warunkach deficytu wody) zawężono je do czterech (MCam10, MCam26, MCam56, MCam129). Linie te mogą stanowić źródło korzystnych alleli warunkujących dobre plonowanie w warunkach suszy i jednocześnie związanych z odpowiedzią na fuzariozę kłosów.

Wykorzystanie w rozprawie doktorskiej materiału roślinnego uzyskanego z mieszańców o zróżnicowanej wczesności i wysokości, jak i odmiennej podatności na fuzariozę kłosów oraz odmiennym przystosowaniu do suszy, umożliwiło zidentyfikowanie dwóch regionów genomu jęczmienia w obrębie chromosomów 2H i 3H, zaangażowanych w odpowiedź rośliny na fuzariozę kłosów i deficyt wody jednocześnie. Tym samym podjęte badania w ramach rozprawy doktorskiej dostarczyły nowej wiedzy o adaptacji roślin do warunków stresowych, stając się szczególnie użytecznymi w programach hodowlanych wspomagając postęp biologiczny.