

OPIS PROJEKTU
na lata 2014-2020
Postęp Biologiczny

Zadanie nr 88. Efekty plejotropowe genów *Ppd-H1* i *Ppd-H2* a podatność roślin jęczmienia jarego na fuzariozę kłosów i akumulację mikotoksyn

Nazwa jednostki: Instytut Genetyki Roślin PAN, 60-479 Poznań, ul. Strzeszyńska 34
Kierownik projektu : dr hab. Anetta Kuczyńska

1. STRESZCZENIE

Projekt obejmuje badania nad efektami plejotropowymi genów warunkujących wczesność w aspekcie podatności jęczmienia na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Materiałem do badań będą dwie populacje linii rekombinacyjnych (RIL) jęczmienia (łącznie 200 genotypów) stanowiących półrodzeństwo oraz około 60 odmian. Populacje będą genotypowane z wykorzystaniem markerów SNP na platformie iSelect obejmującej ponad 7842 markerów oraz fenotypowane w doświadczeniach polowych w warunkach naturalnego porażenia oraz z zastosowaniem inokulacji zarodnikami grzybów *Fusarium avenaceum*, *F. graminearum* i *F. culmorum*. Analizowany będzie stopień porażenia kłosów i ziarna oraz zawartość mikotoksyn (deoksyniwalenolu) metodą przesiewową. Na podstawie przeprowadzonych analiz statystycznych i bioinformatycznych skonstruowana będzie mapa genetyczna wysycona markerami SNP, na której zlokalizowane zostaną QTL-e dla obserwowanych cech. Markery sprzężone z QTL-ami wykrytymi we wszystkich doświadczeniach weryfikowane będą na podstawie analizy odmian i rodów, które będą także oceniane w doświadczeniach polowych pod względem odporności na FHB. Adnotacja funkcjonalna markerów SNP w odniesieniu do opublikowanej sekwencji genomu jęczmienia dostarczy informacji o genach kształtujących reakcję roślin oraz warunkujących ich odporność.

2. CEL BADAŃ

Celem badań jest wyjaśnienie molekularnego podłoża związku między reakcją fotoperiodyczną roślin jęczmienia a reakcją na infekcję grzybami powodującymi fuzariozę kłosów. W tym celu wykorzystane będą 2 populacje mapujące linii rekombinacyjnych (RIL) wytworzone dla projektu POLAPGEN-BD, zróżnicowanych pod względem wczesności i odporności na choroby, w tym na FHB (stwierdzone we wstępnych doświadczeniach). Populacje te będą fenotypowane w doświadczeniach polowych w zakresie cech określających reakcję linii na infekcję grzybami z rodzaju *Fusarium*. Populacje zostały zgenotypowane z zastosowaniem markerów SSR i SNP (na platformie zawierającej 1536 SNP). W proponowanym projekcie, dla zrealizowania założonego celu, planowane jest zagęszczenie obecnej mapy nowymi markerami SNP opracowanymi na podstawie EST-ów (Illumina iSelect, łącznie 7842 markery). Mapa zagęszczona takimi markerami pozwoli na bardziej precyzyjną niż dotychczas identyfikację QTL-i dla cech określających porażenie kłosów i ziarna oraz dla zawartości mikotoksyn. a także genów-kandydatów dla zlokalizowanych QTL-i. Ponadto efektywność markerów sprzężonych z QTL-ami związanymi z reakcją roślin na infekcję będzie weryfikowana na zestawie około 60 odmian jęczmienia

jarego, które również będą badane pod względem odporności na FHB w doświadczeniach polowych z zastosowaniem sztucznej inokulacji.

3. PLANOWANY OKRES REALIZACJI PROJEKTU

1.01.2015 - 31.12.2017 (36 miesięcy)

4. UDOSTĘPNIANIE WYNIKÓW BADAŃ

Wyniki badań w kolejnych latach realizacji zadania będą zamieszczane na stronie internetowej Instytutu Genetyki Roślin PAN (<http://www.igr.poznan.pl/pl/dzialalnosc-naukowa/projekty-badawcze/krajowe-projekty-badawcze/ministry-of-agriculture-grants-pl/2014-2020>), nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku i będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.