

Kierownik zadania: **dr hab. Anetta Kuczyńska, prof. IGR PAN**

**Instytut Genetyki Roślin PAN**

**Zakład Fenomiki Zbóż**

e-mail: [akuc@igr.poznan.pl](mailto:akuc@igr.poznan.pl)

## **Postęp biologiczny w produkcji roślinnej (nabór 2020 r.)**

Tytuł zadania:

### **Zadanie nr 14. Badania asocjacyjne oraz molekularne uwarunkowania odporności jęczmienia jarego na stresy środowiskowe**

Celem projektu jest ocena reakcji form jęczmienia jarego będącego w kolekcji polskich firm hodowlanych na stres niedoboru wody w połączeniu z badaniami podatności jęczmienia na fuzariozę kłosów, powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz na plamistość siatkową jęczmienia wywoływaną przez *Pyrenophora teres*. Rośliny uprawne, w tym jęczmień, narażone są na wiele czynników stresowych, biotycznych i abiotycznych, spośród których stres suszy stanowi jedną z głównych przyczyn obniżających produktywność roślin, a fuzarioza kłosów oraz plamistość siatkowa jęczmienia są jednymi z ważniejszych chorób jęczmienia. Na projekt składają się zatem zintegrowane badania, które pozwolą poznać różnice między równoczesnym a oddzielnym wpływem suszy i stresów biotycznych na rośliny, zwłaszcza że skutki suszy i chorób jęczmienia mogą być bardziej szkodliwe, gdy występują symultanicznie w porównaniu do sytuacji, gdy działają na roślinę osobno. Integracja wyników otrzymanych z poszczególnych zadań pozwoli na głębsze poznanie odpowiedzi roślin jęczmienia na stresy abiotyczne i biotyczne.

Aby zrealizować założony cel planowane są:

- (i) identyfikacja wczesnych symptomów suszy poprzez zastosowanie automatycznego obrazowania roślin w warunkach deficytu wody na platformie do fenotypowania wyposażonej w najnowsze urządzenia służące do ciągłego, nieinwazyjnego mierzenia cech;
- (ii) fenotypowanie badanych form jęczmienia w doświadczeniu polowym z zastosowaniem inokulacji zarodnikami grzybów;
- (iii) ultraprzepustowe genotypowanie SNP oraz mapowanie asocjacyjne;
- (iv) opracowanie i walidacja markerów CAPS;
- (v) szczegółowe analizy omiczne wybranych genotypów.

Materiałem badawczym będą nowoczesne odmiany jęczmienia jarego oraz rody/linie hodowlane o różnym pochodzeniu – łącznie 120 form. Dobór materiału roślinnego będzie konsultowany ze specjalistami z firm hodowlanych (Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o.).

Na podstawie danych literaturowych i własnych doświadczeń można założyć, że dane fenotypowe i genotypowe uzyskane z zastosowaniem najnowszych metod analizy fenomu i genomu pozwolą na określenie zmienności badanych genotypów pod względem ich rozwoju w czasie trwania suszy oraz związku (korelacji) między cechami dynamicznymi (w tym wczesne symptomy suszy) a cechami plonotwórczymi. Dodatkowo obserwacje prowadzone w doświadczeniach polowych z zastosowaniem stresów biotycznych pozwolą określić reakcję badanych genotypów na infekcję grzybami z rodzaju *Fusarium* oraz *P. teres*. Dzięki zastosowaniu mapowania asocjacyjnego przy użyciu ultraprzepustowego genotypowania zidentyfikowane zostaną markery molekularne sprzężone z odpornością na stresy, komponentami plonu oraz cechami fenotypowymi mierzonymi w czasie rzeczywistym (wczesne symptomy stresu zobrazowane przy pomocy automatycznego fenotypowania nowej generacji). Umożliwi to wyznaczenie regionów w genomie jęczmienia związanych z rozwojem roślin w warunkach stresowych, a także regionów warunkujących cechy plonotwórcze. Identyfikacja związku marker-cecha dla analizowanych parametrów pozwoli ocenić potencjał różnorodności allelicznej obecnej w badanej kolekcji jęczmienia jarego. Zastosowanie głębokiego genotypowania (50k SNP) pozwoli na identyfikację markerów o polimorficznych allelach w obrębie całego genomu jęczmienia. To znacząco zwiększy prawdopodobieństwo wykrycia istotnych sprzężeń marker-cecha w mapowaniu asocjacyjnym. Znajomość fizycznej lokalizacji tak licznych markerów ułatwi identyfikację potencjalnych genów kandydatów, które mogą determinować poszczególne cechy, w tym geny odporności na choroby grzybowe i suszę. W przyszłości geny te mogą stać się użyteczne w programach hodowlanych. Ważnym rezultatem projektu będzie opracowanie oraz testowanie markerów CAPS jako użytecznych markerów funkcjonalnych do selekcji MAS. W proponowanym projekcie przeprowadzona seria komplementarnych i skoordynowanych doświadczeń pozwoli na wytypowanie genotypów jęczmienia o zwiększonej odporności na zastosowane czynniki stresowe. Natomiast, pogłębione analizy omiczne wybranych genotypów pozwolą określić wielopoziomowy profil reakcji jęczmienia na stres abiotyczny i biotyczny działające na tą samą roślinę. Umożliwi to identyfikację takich biomarkerów (genów, metabolitów), które zaangażowane są w reakcję na każdy z zastosowanych stresów. Odnosząc to do wyników mapowania asocjacyjnego opierającego się na danych fenotypowych, gdzie czynniki stresowe aplikowano osobno, będzie można wytypować geny, które mogą determinować odporność rośliny jednocześnie na różne czynniki stresowe.

Podjęte zintegrowane prace badawcze i uzyskane wyniki będą mogły stanowić odniesienie dla przyszłych hipotez badawczych dotyczących jęczmienia i innych zbóż. Ponadto formy jęczmienia wykorzystane w projekcie oraz głębiej poznane dzięki zaplanowanym analizom mogą w przyszłości stanowić źródło korzystnych alleli w selekcji odmian lepiej przystosowanych do stresowych warunków środowiska.