

Streszczenie

Dotychczas u owsa opisano i scharakteryzowano 10 genów odporności (*Pm*) na mączniaka prawdziwego. W programach hodowlanych owsa wykorzystywana jest tylko część z nich, a odporność warunkowana przez te geny została w znacznej mierze przełamana przez nowo powstające rasy patogenu. Istnieje zatem potrzeba poszukiwania nowych i efektywnych modeli odporności, utrzymujących się przez dłuższy okres czasu w różnych warunkach środowiskowych. Celem niniejszej pracy doktorskiej była identyfikacja i charakterystyka nowego genu odporności na mączniaka prawdziwego owsa pochodzącego z dzikiego gatunku *Avena sterilis* oraz opracowanie metody jego detekcji w genomie owsa. Spośród puli 350 genotypów *A. sterilis* pochodzących z różnych banków genów, na podstawie wyniku testów typu żywiciel-patogen oraz obserwacji polowych wyselekcjonowano genotyp o numerze akcesyjnym CN113536. Charakteryzował się on wysoką odpornością wobec wykorzystanych izolatów mączniaka prawdziwego. Uzyskany wzór porażenia był inny niż w odmian i linii kontrolnych posiadających scharakteryzowane do tej pory geny odporności, co pozwoliło na wykrycie obecności nowego źródła odporności na mączniaka prawdziwego. W dalszej części doświadczenia przeprowadzono serie krzyżowań mających na celu uzyskanie mieszańców między wrażliwą na mączniaka prawdziwego odmianą owsa (Sam), a wyselekcjonowanym genotypem *A. sterilis*. Uzyskano populację F₂ 'Sam' × CN113536 liczącą 146 osobników, segregującą pod względem odporności na mączniaka prawdziwego. Ziarniaki pokolenia F₃ zebrano od każdego osobnika populacji F₂. Na podstawie oceny segregacji odporności obydwu pokoleń stwierdzono, iż badana odporność warunkowana jest pojedynczym genem o dominującym charakterze dziedziczenia. W celu identyfikacji markerów sprzężonych z analizowanym nowym genem odporności na mączniaka prawdziwego w owsie wybrano metodę DArTseq. Genotypowaniu poddano 92 osobniki z pokolenia F₂ oraz formy rodzicielskie. Łącznie zidentyfikowano 30 620 markerów *silicoDarT* z których 202 było wysoce skorelowane z odpornością na mączniaka prawdziwego w analizowanej populacji. Do potencjalnej konwersji wybrano 71 z nich, z czego 42 dla roślin odpornych oraz 29 dla roślin wrażliwych. Specyficzne startery można było zaprojektować jedynie wobec grupy 40 markerów. Reakcje PCR z wykorzystaniem zaprojektowanych starterów prowadzono na grupie osobników populacji F₂ i całej populacji F₃. Na podstawie uzyskanych produktów wybrano po jednym z markerów o najlepszej korelacji z badaną cechą dla roślin odpornych oraz wrażliwych. Pozwoliło to na identyfikację homozygot odpornych oraz wrażliwych, jak również heterozygot. W celu kontynuacji

numeracji genów odporności na mączniaka dla nowego genu zaproponowano oznaczenie go symbolem *Pm11*.

Summary

Thus far, 10 major genes conditioning resistance to oat powdery mildew have been characterized and described. Only a part of them are used in oat breeding programs and the resistance conditioned by these genes in major perspective has been broken by the new pathogen races. Therefore, there is a need to look for new and effective sources of resistance, persisting for a long period of time under different environmental conditions. The aim of this doctoral thesis was to identify and characterize a new gene to powdery mildew from the wild species *Avena sterilis* and to develop a method for its detection in the oat genome. From the pool of 350 *A. sterilis* genotypes from different gene banks, the genotype with accession number CN113536 was selected on the basis of host-pathogen tests and field observations. It was characterized by high resistance to the used powdery mildew isolates. The obtained pattern of infection was different than in the varieties and control lines possessing resistance genes characterized so far, which allowed to detect the presence of a new source of resistance to powdery mildew. In the further part of the experiment, a series of crosses was carried out to obtain hybrids between susceptible cultivar to powdery mildew (Sam) and the selected genotype. The F₂ 'Sam' × CN113536 population was obtained, numbering 146 individuals, segregating in terms of resistance to powdery mildew. Seeds of the F₃ generation were collected from each individual of the F₂ population. On the basis of the assessment of the segregation of resistance of both generations, it was found that the resistance tested is conditioned by a single gene with the dominant character of inheritance. The DArTseq method was chosen to identify markers linked to the new gene for powdery mildew in the analyzed oat. 92 individuals from F₂ generation and parental forms were subjected to genotyping. A total of 30,660 silicoDarT markers were identified, of which 202 were highly associated with mildew resistance in the analyzed population. 71 of them were selected for potential conversion, of which 42 for resistant plants and 29 for sensitive plants. Only for group of 40 markers could be designed specific primers. PCR reactions using the designed primers were carried out on a group of individuals of the F₂ population and the whole F₃ population. On the basis of the products obtained, one of the best correlation markers was selected with the tested feature for resistant and susceptible plants. This allowed us to identify resistant and susceptible homozygotes as well as heterozygotes. In order to continue the numbering of mildew resistance genes for a new gene, the *Pm11* name was proposed.