

Streszczenie

Blumeria graminis f.sp. *avenae* powodujący mączniaka prawdziwego zbóż i traw, jest jednym z najgroźniejszych patogenów grzybowych owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.). Powoduje straty plonu na poziomie 10-39% w latach niskiego i wysokiego nasilenia choroby. Najbardziej efektywną metodą ochrony upraw przed tym patogenem jest uprawa odmian odpornych. Uzyskanie długotrwałej i efektywnej odporności wymaga dokładnego poznania populacji patogena, w szczególności poziomu jego wirulencji i zróżnicowania genetycznego.

Celem pracy doktorskiej była charakterystyka zmian zachodzących w populacji *B.graminis* f.sp. *avenae* występującej w Polsce pozwalająca na określenie możliwości wykorzystania genów odporności w programach hodowlanych. Cel ten został osiągnięty poprzez określenie wirulencji oraz ocenę zróżnicowania genetycznego populacji *B.graminis* f.sp. *avenae*.

Przedmiotem badań były jednozarodnikowe izolaty *B.graminis* f.sp. *avenae* reprezentujące populacje patogena kolekcjonowane na terenie Polski w latach 2014-2020. Chorobotwórczość patogena została przetestowana na zestawie linii i odmian z opisanymi dotychczas genami oraz efektywnymi źródłami odporności na mączniaka prawdziwego w owsie. Profile porażenia poszczególnych form kontrolnych posłużyły do oceny częstości i kompleksowości wirulencji, zróżnicowania populacji oraz określenia liczby patotypów. Analiza zróżnicowania genetycznego została przeprowadzona w oparciu o markery molekularne ISSR (ang. *Inter Simple Sequence Repeat*) oraz SCoT (ang. *StartCodonTargeted*). Matryca binarna uzyskana na podstawie polimorfizmów została wykorzystana do obliczenia indeksów podobieństwa pomiędzy analizowanymi izolatami oraz wykonania analizy skupień metodą UPGMA (ang. *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), a także analizy PCoA (ang. *Principal Coordinates Analysis*).

Przeprowadzone badania wykazały, że dynamika zmian zachodzących w populacji *B.graminis* f.sp. *avenae* w latach obserwacji 2014-2020 utrzymywała się na niskim poziomie. Zarówno analiza wirulencji jak i polimorfizmu genetycznego pozwoliła zaklasyfikować te zmiany jako niewielkie, które świadczą o niskim potencjale ewolucyjnym populacji patogena, a tym samym o niewielkiej zdolności do przełamывania odporności warunkowanej efektywnymi genami.

Słowa kluczowe: *Avena sativa* L., *Blumeria graminis* f.sp. *aveane*, chorobotwórczość patogena, mączniak prawdziwy zbóż i traw, polimorfizm DNA

Summary

Blumeria graminis f.sp. *avenae*, which causes powdery mildew of cereals and grasses, is one of the most dangerous fungal pathogens of oats (*Avena sativa* L.). Causes yield losses of 10-39% in low years and high severity of the disease. The most effective method of protecting crops from this pathogen is the cultivation of resistant cultivars. Obtaining long-term and effective resistance requires a thorough understanding of the pathogen population, in particular the level of its virulence and genetic diversity.

The doctoral thesis aimed to characterize the changes occurring in the population of *B.graminis* f.sp. *avenae* occurring in Poland. This goal was achieved by determining the virulence, structure, and dynamics of change and assessing the genetic diversity of the population of *B.graminis* f.sp. *avenae*.

The subject of the study was single-spore isolates of *B.graminis* f.sp. *avenae* representing pathogen populations collected in Polish in 2014-2020. The pathogenicity of the pathogen was tested on a set of lines and varieties with the genes described so far and effective sources of resistance to powdery mildew in oats. Profiles of infection of individual control forms were used to assess virulence frequency and complexity, population diversity, and pathotype count. The analysis of genetic diversity was carried out based on molecular markers ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) and SCoT (*Start Codon Targeted*). A binary matrix obtained from polymorphisms was used to calculate similarity indices between the analyzed isolates and perform cluster analysis using the UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) method and analysis of the PCoA (*Principal Coordinates Analysis*).

The study showed that the dynamics of changes occurring in the population of *B.graminis* f.sp. *avenae* in the years 2014-2020 remained at a low level. Both virulence and genetic polymorphism analysis allowed us to classify these changes as small, which indicates a low evolutionary potential of the pathogen population, and thus a low ability to break the resistance conditioned by effective genes.

Keywords: *Avena sativa* L., *Blumeria graminis* f.sp. *avenae*, pathogenicity of pathogens, powdery mildew of cereals and grasses, DNA polymorphism