

## Streszczenie

Susza jest jednym z najgroźniejszych stresów środowiskowych ograniczających prawidłowy wzrost i rozwój roślin oraz głównym czynnikiem powodującym straty w rolnictwie. Wśród zbóż, czwartą pozycję na świecie pod względem wielkości produkcji rolnej zajmuje jęczmień zwyczajny (*Hordeum vulgare* L.), który ze względu na duże zdolności adaptacyjne jest chętnie uprawiany w niesprzyjających warunkach klimatycznych. Rośliny na drodze ewolucji wykształciły wiele różnych strategii pozwalających na ich przystosowanie do okresowego niedoboru wody w glebie. Identyfikacja molekularnych mechanizmów kontrolujących zmienność cech w warunkach stresu suszy jest trudna ze względu na złożony, ilościowy charakter dziedziczenia tolerancji na deficyt wody, będący wynikiem łącznej ekspresji wielu genów o niewielkich efektach fenotypowych.

Prezentowane badania przedstawiają kompleksowe podejście do poznania molekularnych podstaw tolerancji jęczmienia na stres suszy, obejmujące skonstruowanie wysokorozdzielczej mapy genetycznej markerów SNP i SSR, na której zlokalizowano funkcjonalne geny kandydackie oraz rejony QTL dla parametrów fizjologicznych i biochemicznych, związanych z odpowiedzią na deficyt wody. Otrzymaną mapę genetyczną zintegrowano z fizyczną sekwencją genomu w celu identyfikacji nowych, nie badanych dotąd u jęczmienia, genów w przedziałach ufności wyznaczonych loci cech ilościowych.

W pierwszym etapie badań stworzono konsensusową mapę genetyczną dla trzech populacji mapujących RIL, otrzymanych w wyniku krzyżowania odmian europejskich z syryjskimi liniami hodowlanymi i zlokalizowano na niej 64 jęczmienne ortologi genów białek regulatorowych oraz funkcjonalnych, związanych z odpowiedzią na stres suszy u gatunków modelowych, oraz geny wyróżnione na podstawie analizy transkryptomów genotypów wykorzystanych w pracy. Skonstruowana mapa o długości 941,86 cM, zawierała ogółem 875 loci z rozdzielczością 1,1 cM i składała się z 13 grup sprzężeń, co związane było z wystąpieniem regionów genomu grupujących markery wykazujące odchylenia od oczekiwanego wzoru segregacji alleli 1:1, wyraźnie oddzielonych od sąsiadujących segmentów chromosomów. Zidentyfikowano 66 loci cech ilościowych kontrolujących zmienność 26 parametrów fizjologicznych i biochemicznych, charakteryzujących bilans wodny, wydajność procesu fotosyntezy, zawartość osmoprotektantów i hormonów oraz aktywność antyoksydantów u badanych genotypów.

Po raz pierwszy dla jęczmienia zmapowano QTL dla takich cech jak: zawartość etylenu, glukozy, sacharozy, maltozy, rafinozy,  $\alpha$ -tokoferolu,  $\gamma$ -tokotrienolu, aktywność katalazy oraz dla niektórych parametrów charakteryzujących przebieg procesu fotosyntezy. Wśród zidentyfikowanych loci cech ilościowych, opisano 33 QTL dla 18 cech fizjologicznych i biochemicznych w stresie suszy lub wskaźników stresu (ang. SI - stress index), przy czym wszystkie loci zakwalifikowano jako tzw. główne QTL, wyjaśniające co najmniej 10% obserwowanej zmienności cech. Zmapowane loci cech ilościowych charakteryzowały się tendencją do grupowania w określonych regionach genomu. Wyznaczono 11 hotspotów, zawierających 61% wszystkich zidentyfikowanych QTL, o całkowicie bądź częściowo pokrywających się przedziałach ufności, z czego aż cztery w chromosomie 2H. Występowanie hotspotów sugeruje wspólne podłoże genetyczne analizowanych cech fizjologicznych i biochemicznych, zmapowanych w rejonach tego typu lub bliskie sprzężenie kontrolujących je genów. Integrację mapy genetycznej i fizycznej przeprowadzono na podstawie pozycji w genomie jęczmienia markerów definiujących początek i koniec przedziałów ufności wyznaczonych QTL. Zidentyfikowano 1101 pozycyjnych genów kandydackich we fragmentach genomu, odpowiadających rejonom QTL kontrolującym wykształcenie badanych cech w stresie suszy. W wyniku analizy wzbogacania terminów Ontologii Genów (ang. GO enrichment), pulę tę zredukowano do 143 genów powiązanych z procesami biologicznymi istotnie nadreprezentowanymi w grupach genów dla cech charakteryzujących bilans wodny, wydajność procesu fotosyntezy, zawartość osmoprotektantów i hormonów oraz aktywność antyoksydantów, w stosunku do częstości ich występowania w genomie jęczmienia. Wyróżniono geny kodujące m.in. antyoksydanty, enzymy szlaku biosyntezy kwasów organicznych, białka szoku cieplnego, małe RNA indukowane auksyną, syntazę tlenu azotu, ATP sulfurylasy, białka zaangażowane w metabolizm substratów syntezy kofaktora molibdenowego oraz uczestniczące w regulacji czasu kwitnienia.