

# Streszczenie

---

**Temat:**

*Wykorzystanie biblioteki BAC do integracji map fizycznych i genetycznych oraz identyfikacji genów związanych z udomowieniem i odpornością na choroby żyta*

Żyto (*Secale cereale* L.) jest ważną rośliną uprawną w Europie Środkowej i Wschodniej, o dużej tolerancji na różne stresy abiotyczne i biotyczne. Celem pracy była integracja map fizycznych i genetycznych oraz identyfikacja genów związanych z udomowieniem i odpornością na choroby przy użyciu biblioteki BAC linii wsobnej żyta L318. Wykorzystując technologię DArTseq zgenotypowano 16 pul klonów BAC reprezentujących 41% całej biblioteki BAC i 65% genomu żyta (~ 5,2 Gpz). Uzyskano 221 122 adresów marker DArTseq-klon BAC. Wykazano, że technologia DArTSeq w połączeniu z trójwymiarową strategią pulowania jest efektywnym sposobem na zakotwiczenie klonów BAC na mapie genetycznej. Wykorzystanie wyników adnotacji funkcjonalnej sekwencji markerów DArT żyta i wdrożenie technologii Oxford Nanopore do sekwencjonowania pojedynczych klonów BAC umożliwiło identyfikację 28 genów przypuszczalnie związanych z odpornością na choroby. Dla jednego ze zidentyfikowanych genów (Sck33) przy pomocy techniki qRT-PCR wykazano prawdopodobną rolę w reakcji na zakażenie patogenem *Puccinia recondita* f. sp. *secalis*, powodującym rdzę brunatną. W sześciu klonach BAC odnaleziono sekwencje homologiczne do pięciu genów związanych z udomowieniem: Q, GIF1, BTR2, VRN1 i VRN2. Dodatkowo w pełnych sekwencjach klonów BAC zidentyfikowano 128 przypuszczalnych genów o różnych funkcjach biologicznych. Uzyskane wyniki stanowią punkt wyjścia do dalszych badań nad funkcją zidentyfikowanych genów i ich zróżnicowaniem allelicznym, co przyczyniłoby się do lepszego poznania genetycznej kontroli istotnych cech żyta.