

GRZEGORZ CZAJOWSKI**PAWEŁ CZ. CZEMBOR****PIOTR SŁOWACKI**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

e-mail: g.czajowski@ihar.edu.pl

Wirulencja i zmienność genetyczna *Puccinia triticina* na pszenżycie*

Rdza brunatna pszenicy powodowana przez *Puccinia triticina* Erikss. jest jedną z najważniejszych chorób grzybowych pszenicy i pszenżyta. Występuje corocznie z różnym nasileniem uzależnionym od warunków pogodowych. Przez wiele lat pszenżyto było jednym z odporniejszych zbóż na choroby grzybowe, w tym również na rdzę brunatną. Jednak wraz ze wzrostem areału uprawy, zaczęły pojawiać się nowe, wirulentne rasy patogenu.

Celem przeprowadzonych badań była ocena zmienności genetycznej *P. triticina* występującej na pszenżycie w Polsce. Badaniami objęto grupę 242 jednonarodnikowych izolatów patogenu zebranych w latach 2012–2015, w czterech miejscowościach: Grodkowice, Kraków, Krzeczowice i Małyszyn z wrażliwej odmiany pszenżyta Marko. Analizę wirulencji dla poszczególnych izolatów wykonano w oparciu o zestaw 33 blisko-izogenicznych linii pszenicy z pojedynczymi genami *Lr* odporności na rdzę brunatną. Analizę molekularną przeprowadzono w oparciu o zestaw 34 markerów SSR. Do pogrupowania izolatów na subpopulacje zastosowano oprogramowanie STRUCTURE. Genotypy SSR zostały dodatkowo zgrupowane przy użyciu dwuwymiarowego wykresu współrzędnych głównych (PCoA) wykonanego w programie GenAlEx wersja 6.5, który zastosowano również do obliczenia średnich parametrów pojedynczego locus dla każdej grupy SSR: liczba alleli (N_a), liczba efektywnych alleli (N_e) i indeks Shannona (H), obserwowana heterozygotyczność (H_o), nieobciążona oczekiwana heterozygotyczność (uH_e), wskaźnik wsobności (F), a także współczynników zróżnicowania genetycznego: R_{ST} , F_{ST} , ϕ_{PT} i testu Mantela bazującego na korelacji pomiędzy profilem SSR, a wirulencją.

* Badania przeprowadzono w ramach zadania 3.2: „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji biotroficznych patogenów zbóż podstawowych”, w Programie Wieloletnim IHAR — PIB, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

W oparciu o wyniki analizy molekularnej populację patogenu podzielono na dwie grupy. W obydwu grupach wystąpiły izolaty pochodzące z analizowanych lokalizacji. Indeks Shannona (I) wykazał średnie zróżnicowanie na poziomie 0,35. Obserwowana heterozygotyczność ($H_o=0,51$) uzyskała wyższą wartość od nieobciążonej oczekiwanej heterozygotyczności ($uHe=0,35$). Ujemna wartość indeksu wsobności ($F=-0,46$), a także test Mantela ($r=0,48$, $P=0,001$) wskazują na występowanie reprodukcji klonalnej w polskiej populacji *P. triticina* pochodzącej z pszenżyta.

Zmienność genotypów między grupami SSR analizowano za pomocą R_{ST} i F_{ST} . Wartości współczynników wskazywały na niewielką zmienność na poziomie 0,12 i 0,125. Zróżnicowanie fenotypowe między grupami SSR, bazujące na wirulencji analizowano za pomocą ϕ_{PT} . Wskazuje on na średnie zróżnicowanie na poziomie 0,32.

Obserwowano zróżnicowanie w częstotliwości wirulencji wobec genów *Lr* odporności na rdzę brunatną. Izolaty przypisane do grupy I SSR wykazały zdecydowanie mniejszą częstotliwość wirulencji wobec genów: *Lr1*, *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr15*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr26*, *Lr32*, *Lr63* i *LrB (PI)*, niż izolaty zaklasyfikowane do grupy II SSR. Podczas gdy, izolaty z grupy II SSR wykazywały mniejszą częstotliwość wirulencji jedynie w przypadku genów *Lr2b* i *Lr2c*.

Zróżnicowanie genetyczne i fenotypowe pomiędzy izolatami *P. triticina* pogrupowanymi w oparciu o ich geograficzne pochodzenie, analizowano za pomocą R_{ST} , F_{ST} i ϕ_{PT} . Znaczące zróżnicowanie genetyczne zaobserwowano jedynie pomiędzy izolatami pochodzącymi z Krzeczowic-Małyszyna i Grodkowic-Małyszyna. W przypadku zróżnicowania fenotypowego analizowanego w oparciu o ϕ_{PT} zaobserwowano istotne statystycznie zróżnicowanie dla wszystkich par lokalizacji.

Podsumowując, populację *P. triticina* zebraną z podatnej odmiany pszenżyta Marko można podzielić na dwie grupy SSR. Pomędzy tymi grupami występowało niewielkie genetyczne i średnie fenotypowe zróżnicowanie, ale nie na poziomie geograficznym. W oparciu o uzyskane wartości R_{ST} i F_{ST} można wnioskować, że na poziom zmienności genetycznej w populacji wpływ mają zarówno mutacje, jak i dryf genetyczny. Bazując zarówno na obecnych, jak i na wcześniejszych wynikach frekwencji wirulencji można wyciągnąć wnioski na temat pochodzenia poszczególnych izolatów *P. triticina*. Prawdopodobnie izolaty zaklasyfikowane do grupy I SSR mogą należeć do populacji pochodzącej z pszenżyta, natomiast izolaty z grupy II SSR do populacji wywodzącej się z pszenicy.