

Postęp biologiczny w produkcji roślinnej
Sprawozdanie roczne z realizacji zadania w 2023 roku

Temat PB 7 (3-1-00-3-02)

**Rdza żółta (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*): struktura populacji grzyba,
identyfikacja odporności w pszenicy zwyczajnej i pszenżycie oraz
wprowadzenie efektywnych genów odporności do materiałów hodowlanych.**

Kierownik Zadania: dr hab. Paweł Czembor prof. Instytutu; p.czembor@ihar.edu.pl

Wykonawcy:

- dr hab. Dariusz Mańkowski prof. Instytutu
- dr inż. Piotr Słowacki
- mgr Dominika Piaskowska
- dr Bogusław Łapiński
- mgr inż. Magdalena Pałuba
- Janina Włoszczewska
- Karolina Szafrńska

Cele zadania:

1. Analiza struktury populacji (w tym zdolności chorobotwórczych) grzyba *P. striiformis* f. sp. *tritici* (sprawcy rdzy żółtej zbóż i traw) na pszenzycie, pszenicy zwyczajnej. **Cel szczegółowy na rok 2023:** Analiza patogeniczności *Pst* – **cel osiągnięto w 100%**
2. Identyfikacja genów odporności *Yr* na rdzę żółtą w kolekcji odmian i linii pszenżyta i pszenicy zwyczajnej. **Cel szczegółowy na rok 2023:** Genotypowanie i fenotypowanie odporności na *Pst* dla pszenicy i pszenżyta w stadium rośliny dorosłej (zakażanie *Pst* i ocena odporności doświadczenia polowego - 2 oraz rozpoczęcie analiz Mapowania Asocjacyjnego) – **cel osiągnięto w 100%**
3. Wprowadzenie efektywnych loci odporności na *Pst* do materiałów hodowlanych pszenżyta i pszenicy zwyczajnej metodą krzyżowań wspomaganym markerami molekularnymi. **Cel szczegółowy na rok 2023:** Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC2 i uzyskanie F1BC3 – **cel osiągnięto w 100%**

Materiały i metody

TEMAT BADAWCZY 1: Analiza patogeniczności Pst

1. Zbiór liści pszenicy z objawami Pst w różnych miejscowościach w Polsce i uzyskanie izolatów *Pst* z pojedynczych uredinii
2. Testowanie reakcji zestawu różnicującego 20 odmian/linii pszenicy (zawierającego znane geny odporności Yr) na zakażenie izolatami *Pst*
3. Genotypowanie molekularne izolatów Pst przy użyciu markerów SSR (19 loci) i sekwencjonowania celowanego MARPLE (395 par starterów)

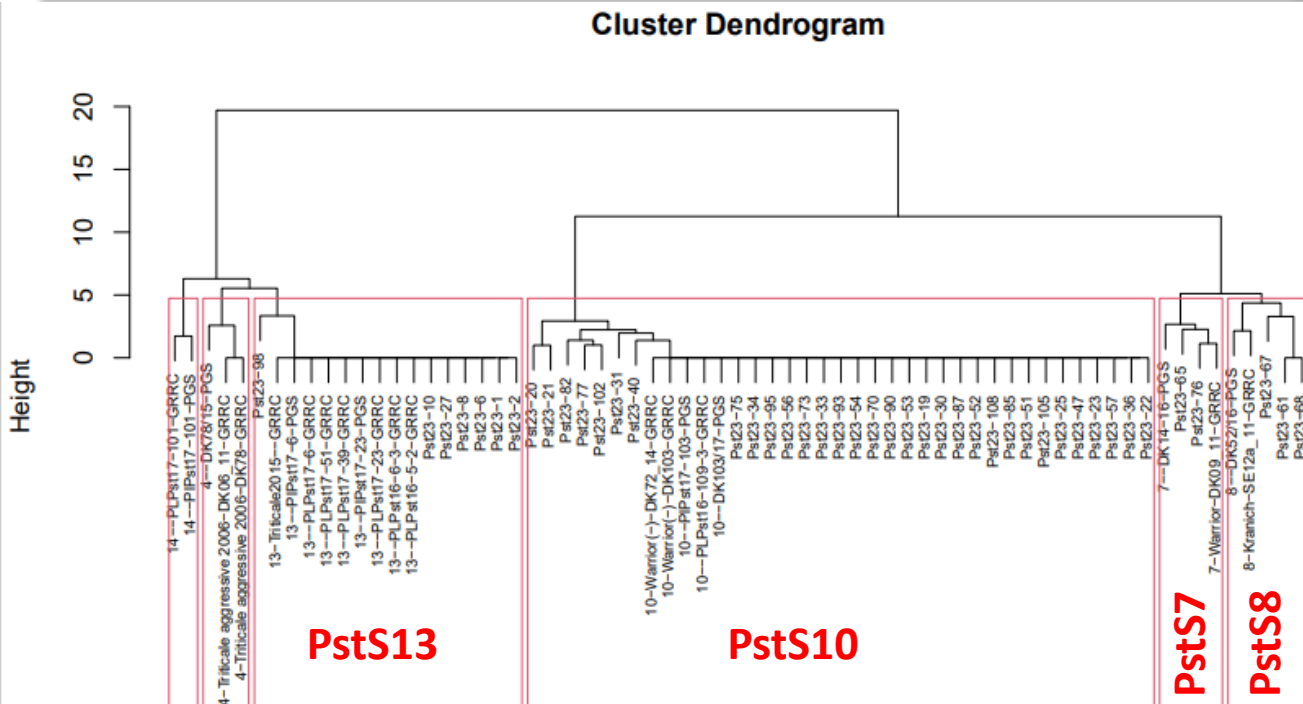
TEMAT BADAWCZY 2: Genotypowanie i fenotypowanie odporności na Pst dla pszenicy i pszenżyta w stadium rośliny dorosłej (zakażenie *Pst* i ocena odporności doświadczenia polowego - 2 oraz rozpoczęcie analiz Mapowania Asocjacyjnego)

1. Zakażenie doświadczenia (282 = 188 pszenica + 94 pszenżyto; oraz 2 wzorce podatności; 2 powtórzenia; 3 miejscowości) mieszaniną dwóch izolatów *Pst*. Ocena roślin dwukrotnie w skali 1–9 (1 – odporny, 9 – podatny).
2. Analizy statystyczne: analiza wariancji i porównania wielokrotne procedurą Tukeya-Kramera.
3. Wybór markerów DArTsnp do mapowania asocjacyjnego: znane położenie w genomie; brakach danych < niż 20%, częstotliwość allelu rzadszego > 5%. Obiekty z brakami danych < 20%. Imputacja brakujących danych o wariantach markerów.

TEMAT BADAWCZY 3: Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC2 i uzyskanie F1BC3

1. Dwie kombinacje krzyżówkowe pokolenia F1BC2: UC1110 × Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno × Mondeo (pszenżyto)
2. Analiza molekularna: markery specyficzne sprzężone z genami Yr5 (KASP-Yr5-Positive+Common), Yr15 (gwm413) oraz Yr29 (csLV46G22); kontrola tła genetycznego: platforma DArTseq (Diversity Arrays Technology, Australia).
3. Krzyżowanie wstecznie wybranych roślin z rodzicem wypierającym, odpowiednio odmianą Kariatyda i Mondeo, celem uzyskania pokolenia F1BC3.

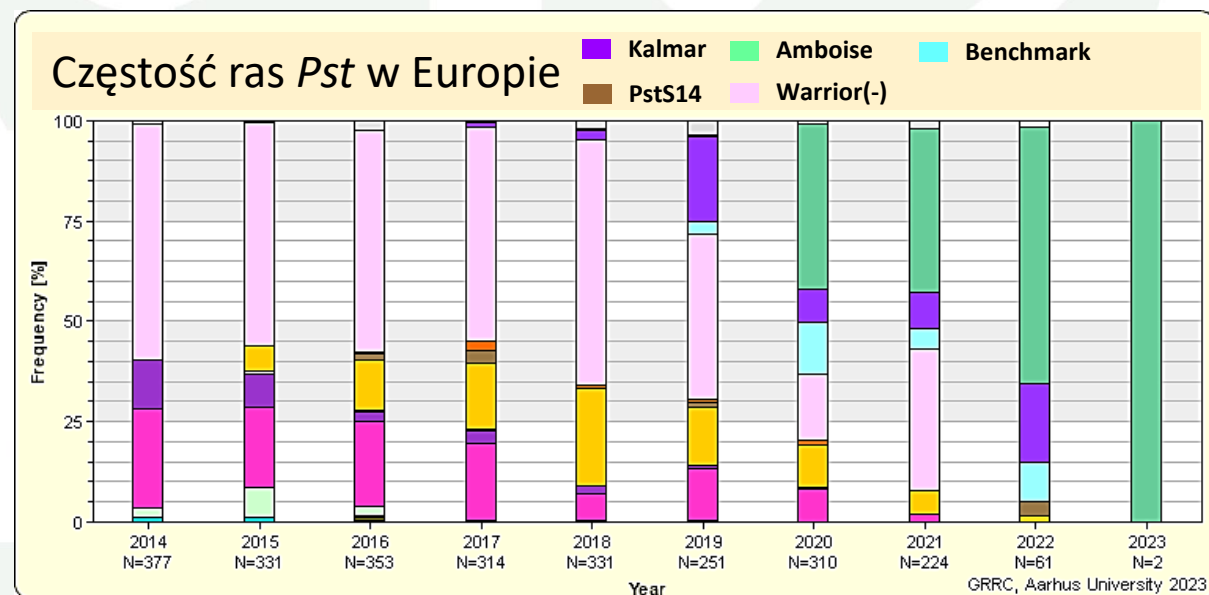
Wyniki i wnioski – Temat badawczy 1: Analiza patogeniczności *Pst*



1. Wykazano, że trzy izolaty należą do linii genetycznej PstS7, dwa izolaty – PstS8, 30 izolatów – PstS10, 7 izolatów – PstS13 oraz 2 izolaty które okazały się mieszaniną różnych grup genetycznych.
2. Brak możliwości wyróżnienia nowych ras Pst w obrębie linii genetycznej PstS10 przy pomocy markerów molekularnych i stosowanego zestawu różnicującego w testach fitopatologicznych (rysunek poniżej).

Proponowane zmiany w metodyce

Powiększyć zestaw różnicujący co najmniej o odmiany pszenicy Benchmark, Kalmar, Amboise w celu wyróżnienia w obrębie linii genetycznej PstS10 (Warrior(-)) nowych ras: ‚Benchmark‘, ‚Kalmar‘, ‚Amboise‘.



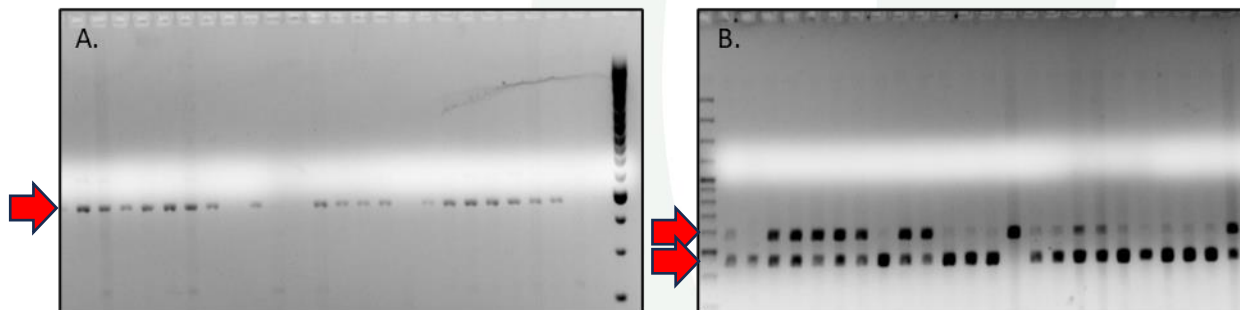
Wyniki i wnioski – Temat badawczy 2: Genotypowanie i fenotypowanie odporności na Pst dla pszenicy i pszenżyta w stadium rośliny dorosłej (zakażenie Pst i ocena odporności doświadczenia polowego - 2 oraz rozpoczęcie analiz Mapowania Asocjacyjnego)

1. Wykazano istotne różnice: pomiędzy genotypami, terminami pomiarów, przeciętnymi wynikami uzyskanych w lokalizacjach; istotne interakcje: (2-rzędu) genotyp \times lokalizacja; ocena \times lokalizacja; ocena \times genotyp; (3-rzędu) genotyp \times lokalizacja \times ocena.
2. Istotnie wyższe oceny odnotowano w Kobierzycach (średnia ocen = 2,50), a niższe w Radzikowie (średnia ocen = 2,24) i Smolicach (średnia ocen = 2,18).
3. Genotypy o istotnie najniższych ocenach (średnia ocena 0,33 – 2,67): 173 pszenicy + 67 pszenżyta; ocenach pośrednich (średnia ocena 2,75 – 5,50): 15 pszenicy + 26 pszenżyta; najwyższych ocenach (średnia ocena 6,50 – 8,15): 1 pszenica + 1 pszenżyto.
4. Analiza molekularna pszenicy: uzyskano 56 994 markerów DArTsnp, a po selekcji pozostało 8 357 markerów. Analiza molekularna pszenżyta: uzyskano 132 047 markerów DArTsnp, a po selekcji pozostało 12 840 markerów.
5. Zgodnie z harmonogramem prac, pełne wyniki mapowania asocjacyjnego będą dostępne w roku 2024.

Wyniki i wnioski – Temat badawczy 3: Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC2 i uzyskanie F1BC3

1. Wyselekcjonowano 47 roślin pokolenia F1BC2 z kombinacji UC1110 × Kariatyda oraz 89 roślin Kasyno × Mondeo posiadające odpowiednio geny *Yr5+Yr15* oraz *Yr29*. Udział tła genetycznego rodzica wypierającego w populacji F1BC2 na podstawie wariantów markerów DArTseq wynosił od 49% do 95%.
2. Specyficzne markery molekularne jak i kontrolujące tło genetyczne, pozwalają na wysoce efektywne wprowadzanie pożądanych genów przy równoczesnym wyborze osobników o najwyższej zawartości genomu rodzica wypierającego.
3. Do krzyżowań wypierających wyselekcjonowano 20 roślin UC1110 × Kariatyda oraz 25 roślin Kasyno × Mondeo, które umożliwiły uzyskanie pokolenia F1BC3.
4. Geny odporności *Yr5* i *Yr15*, jak dotąd zapewniają pełną ochronę przed infekcją przez Pst. Natomiast *Yr29* niesie efekt plejotropowy odporności na kilka patogenów biotroficznych, w tym rdzę brunatną i żdźbłową oraz mączniaka (*Yr29/Lr46/Sr58/Pm39*) i stanowi cenne poszerzenie źródeł odporności w programach hodowlanych.

Przykładowy obraz żeli agarozowych uzyskanych po rozdziale produktów PCR dla markerów: A.) KASP-*Yr5*-Positive+Common; B.) *csLV46G22*



Mierniki zadania

Lp.	Miernik	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana	Stopień realizacji miernika
1	2	3	4	5
temat badawczy 1				
1.1	Analiza wirulencji izolatów <i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	co najmniej 27 izolatów	27 izolatów	100%
1.2.	Analiza molekularna (genotypowanie) izolatów <i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	co najmniej 44 izolatów	44 izolaty	100%
temat badawczy 2				
2.1	Ocena reakcji pszenicy i pszenżyta na zakażenie <i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> w trzeciej serii doświadczeń polowych	282 obiektów	282 obiekty	100%
2.2	Rozpoczęcie analiz mapowania asocjacyjnego	Rozpoczęcie 1 analizy	1 analiza	100%
temat badawczy 3				
3.1	Analiza molekularna pokolenia F1BC2	2 kombinacje krzyżówkowe	2 kombinacje krzyżówkowe	100%
3.2	Uzyskanie pokolenia F1BC3	2 kombinacje krzyżówkowe	2 kombinacje krzyżówkowe	100%
			ŚREDNIA	100
			% REALIZACJI ZADANIA	100

Wykaz publikacji wyników projektu

Wystąpienie ustne, „Assessing stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) population structure using molecular methods” podczas konferencji Eucarpia, sekcja zbożowa, Segedyn, Węgry (Sprawozdanie 2022 rok, str 3-7).



Dziękuję za uwagę.

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy

Radzików
05-870 Błonie
tel. 22 733 45 00
NIP-PL: 5290007029
REGON: 000079480
e-mail: postbox@ihar.edu.pl
www.ihar.edu.pl/

dr hab. Paweł Czembor prof. Instytutu

Zakład Biologii Stosowanej
IHAR-PIB
Radzików
05-870 Błonie
tel. 22 733 45 55
e-mail: p.czembor@ihar.edu.pl