Postęp Biologiczny w Produkcji Roślinnej, Temat PB7 / 3-1-00-3-02, rok 2021

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

Kierownik tematu: **dr hab. Paweł Czembor, prof. Instytutu**

Wykonawcy: dr Grzegorz Czajowski, mgr inż. Piotr Słowacki, dr Urszula Piechota,

mgr Dominika Piaskowska, dr inż. Magdalena Radecka-Janusik,

dr hab. Dariusz Mańkowski, prof. Instytutu

Rdza żółta zbóż i traw jest powodowana przez grzyba *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst). W sprzyjających warunkach pogodowych ten biotroficzny grzyb może doprowadzić do zupełnej utraty plonu ziarna. Populacja patogenu podlega dynamicznym zmianom i pojawiają się nowe patotypy stanowiące zagrożenie dla upraw.

**Celem projektu jest**: **1)** analiza struktury populacji (w tym zdolności chorobotwórczych) grzyba *P. striiformis* f. sp. *tritici* (sprawcy rdzy żółtej zbóż i traw) na pszenżycie, pszenicy zwyczajnej i durum, **2)** identyfikacja genów odporności *Yr* na rdzę żółtą w kolekcji odmian i linii pszenżyta, pszenicy zwyczajnej i durum i **3)** wprowadzenie efektywnych loci odporności na Pst do materiałów hodowlanych pszenżyta, pszenicy zwyczajnej i durum metodą krzyżowań wspomaganych markerami molekularnymi.

W roku 2021 wykonano następujące prace:

**Ad. 1)** Określono zmienność wśród 45 izolatów Pst wyprowadzonych z prób zebranych w roku 2021 w trzech miejscowościach. Próby analizowano zestawem markerów dla 19 loci SSR oraz 395 fragmentów obejmujących znane SNP. Dodatkowo wykonano analizę wirulencji izolatów w stosunku do zestawu znanych genów *Yr*. Wyniki typowania uzyskane na drodze molekularnej i fitopatologicznej były ze sobą w 100% zgodne. Wykazano, że populacja patogenu występująca w 2021 r. na terenie Polski była niejednorodna genetycznie. Zidentyfikowano przynajmniej cztery rasy (PstS13, PstS10, PstS7 oraz PstS8). W strukturze populacji dominowała rasa PstS13 (74% izolatów), która pochodzi z pszenżyta. Większość izolatów pobranych z pszenżyta oraz wszystkie izolaty z żyta przypisano do tej rasy. Natomiast izolaty pobrane z pszenicy reprezentowały wszystkie zidentyfikowane rasy.

**Ad. 2)** Zbadano polimorfizm DNA 59 genotypów, w tym po 17 genotypów pszenicy zwyczajnej i pszenicy durum oraz 25 – pszenżyta w loci markerów molekularnych sprzężonych z genami *Yr*: gwm413(*Yr*15), KASP-Yr5-Positive+Common(*Yr*5), uhw89(*Yr*36) oraz csLV46G22(*Yr*29). Analiza potwierdziła obecności genów w genotypach: Yr5 w UC1110 i Avocet S/Yr5, Yr15 w UC1110 i Cortez /Yr15 oraz genu Yr29 w siedmiu genotypach (Kasyno, Orinoko, Gringo, Corado, Meloman, MAH34859-1, MAH34762-2). Dla żadnego z badanych genotypów nie wykazano obecności genu Yr36. Do programu krzyżowań pszenicy zostały wybrane genotypy UC1110 (dawca) i Kariatyda (biorca), natomiast dla pszenżyta Kasyno (dawca) i Mondeo (biorca).

**Ad. 3)** Wykonano testy fitopatologiczne na siewkach zestawu 282 genotypów pszenicy i pszenżyta z użyciem dwóch izolatów: Pst19-75 (rasa PstS10, zw. Warrior(-) i Pst19-100 (rasa PstS13, zw. Triticale2015). W celu oceny odporności roślin dorosłych, zestaw 282 badanych genotypów wysiano jesienią w warunkach polowych. Dodatkowo wyizolowano DNA z badanych materiałów i zgenotypowano metodą DArTseq (Diversity Array Technology, Cambera, Australia). Uzyskane markery posłużą do mapowania asocjacyjnego odporności na rdzę żółtą po skompletowaniu danych fenotypowych w przyszłym roku.