

## STRESZCZENIE WYNIKÓW

otrzymanych w zadaniu na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2024 r.

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

W ramach zadania realizowano trzy tematy badawcze: 1) Analiza patogeniczności Pst; 2) Genotypowanie i fenotypowanie odporności na Pst dla pszenicy i pszenżyta w stadium rośliny dorosłej (kontynuacja analiz Mapowania Asocjacyjnego); 3) Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC3 i uzyskanie F1BC4. W ramach prac wykonanych w temacie 1, przeanalizowano 44 izolaty *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) z różnych regionów Polski, identyfikując cztery główne linie genetyczne: PstS7, PstS8, PstS10 i PstS13. Dominującą linią genetyczną w 2024 roku była PstS10, reprezentowana głównie przez rasę „Warrior(-)”. Metody molekularne i testy fitopatologiczne pozwoliły na skuteczną klasyfikację ras i wykazały wysoką zgodność wyników obu podejść. W ramach prac wykonanych w temacie 2, przeprowadzono mapowanie asocjacyjne, które pozwoliło na identyfikację 54 haplotypów w 49 haploblokach związanych z odpornością na Pst, zlokalizowane na 16 chromosomach. Spośród nich, 37 haplotypów miało efekt fenotypowy powyżej 5% ( $R^2 > 5\%$ ), z czego 22 wpływały negatywnie na odporność, a 14 pozytywnie. Kluczowe haplotypy były związane z locus genów odporności *Yr5* i *Yr29*. W ramach tematu 3, prowadzono prace nad analizą genotypów w celu wprowadzenia efektywnych genów odporności do materiałów hodowlanych. W analizach wykorzystano markery DArTseq w celu identyfikacji korzystnych alleli i ich transferu do linii hodowlanych. Prace zakończono uzyskaniem pokolenia F1BC4, które jest gotowe do dalszych analiz i selekcji.