

Identyfikacja mechanizmu molekularnego odporności żyta ozimego na rdzę brunatną.

Numer zadania 11 *(w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 29 lipca 2015 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa; Dz. U. poz. 1170, z późn. zm.)*

Okres realizacji: 2023 r., 12 miesięcy

Zespół badawczy:

dr hab. Kamila Nowosad prof. uczelni

prof. dr hab. Henryk Bujak

dr Kamil Kostyn

mgr Jakub Matkowski

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Cele projektów w ramach poszczególnych zadań

Lp.	Zadanie	Status
1	Ocena podatności genotypów żyta ozimego na porażenie przez rdzę brunatną w warunkach sztucznej inokulacji.	ZREALIZOWANO
2	Genotypowanie populacji mapującej F_2	W TRAKCIE REALIZACJI
3	Identyfikacja markerów użytecznych w genotypowaniu populacji mapującej.	ZREALIZOWANO

Temat badawczy nr 1:

Ocena podatności genotypów żyta ozimego na porażenie przez rdzę brunatną w warunkach sztucznej inokulacji.

Cel	Materiał i metody	Wyniki
<p>Wytypowanie genotypów żyta o największej tolerancji lub całkowitej odporności na porażenie rdzą brunatną (<i>Puccinia recondita</i>).</p>	<p>Materiał badawczy stanowiły przekazane przez hodowców materiały wyjściowe do hodowli nowych odmian żyta ozimego, linie wsobne z kolekcji oraz zarejestrowane odmiany, łącznie 170 genotypów żyta ozimego. Ocenę podatności genotypów żyta na porażenie przez rdzę brunatną (<i>Puccinia recondita</i>) wykonano metodą laboratoryjną. Oceny porażenia wykonano po dziesięciu dniach od inokulacji, w skali czterostopniowej, gdzie 1 – brak porażenia, a 4 - silne objawy porażenia rdzą brunatną na liściu.</p>	<p>W badaniu oceniano podatność 170 genotypów żyta na rdzę brunatną, wywołaną przez <i>Puccinia recondita</i>. Analiza wariancji wykazała istotne różnice w odporności genotypów na infekcję. Spośród analizowanych, 14 genotypów wykazało wysoką odporność, tworząc pierwszą jednorodną grupę odporną. Były to genotypy: S63N/23, S80N/23, S113N/23, SOA 3/23, Szk 07/22R, HRSM 658 - 4R, HRSM 701 - 3R, HRSM 720 - 2R, HRSM 785 - R, NS419N/1/20, NS151N/14, 3574/1, 4014/1, 4000/2. Pozostałe genotypy, bardziej podatne na rdzę brunatną, tworzyły kolejne grupy jednorodne.</p>

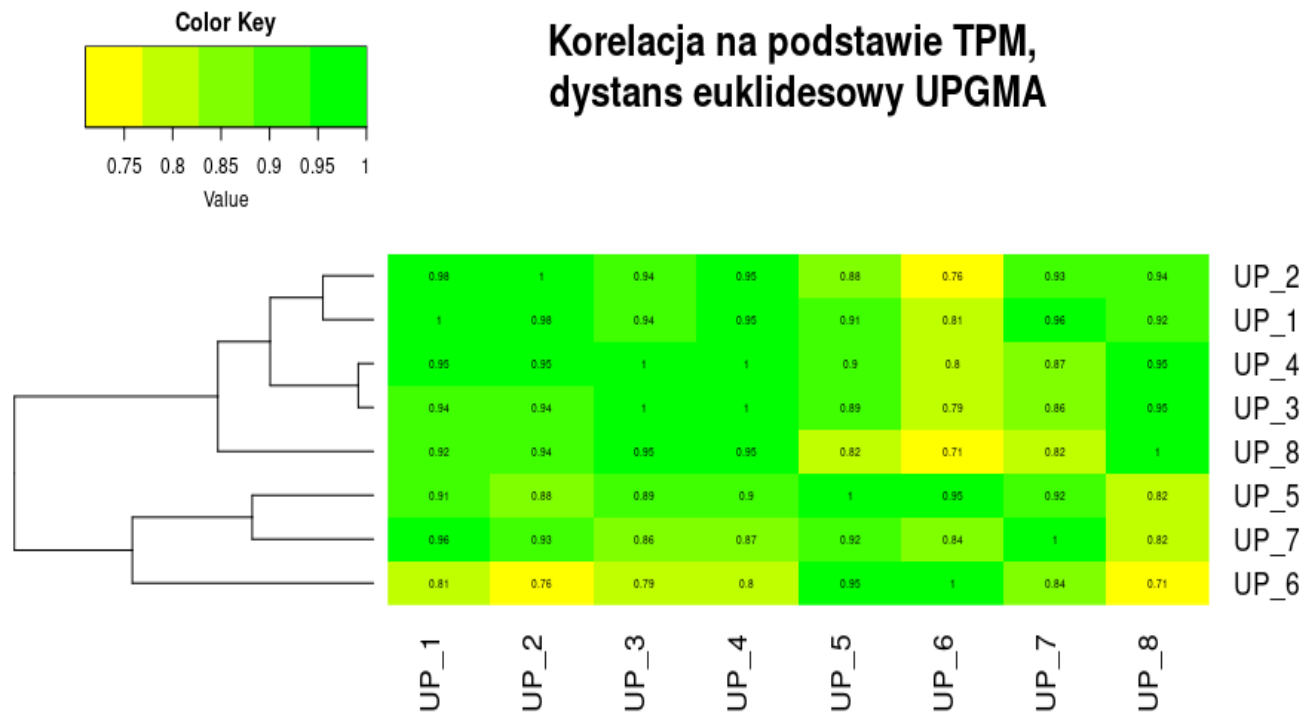
Temat badawczy 2: Genotypowanie populacji mapującej F₂

Cel	Materiał i metody	Wyniki
<p>Uzyskanie informacji o genotypie osobników populacji F₂ niezbędnych do utworzenia mapy genetycznej.</p>	<p>Materiał badawczy stanowił genomowe DNA rośliny pokolenia F₂, które uzyskano w poprzednim roku badań. Wykorzystano dwie metody genotypowania:</p> <ol style="list-style-type: none">1. opartą o mikromacierze genotypowanie technologią Illumina Infinium Array w oparciu o zestaw markerów SNP Rye 5K zawierający 4800 markerów [Haseneyer i in. 2011]2. opartą o sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) wykonaną techniką DArTseq. Genotypowanie wykonano jako usługę zleconą firmie Diversity Arrays Technology Pty Ltd.	<p>Wyniki w trakcie opracowywania</p>

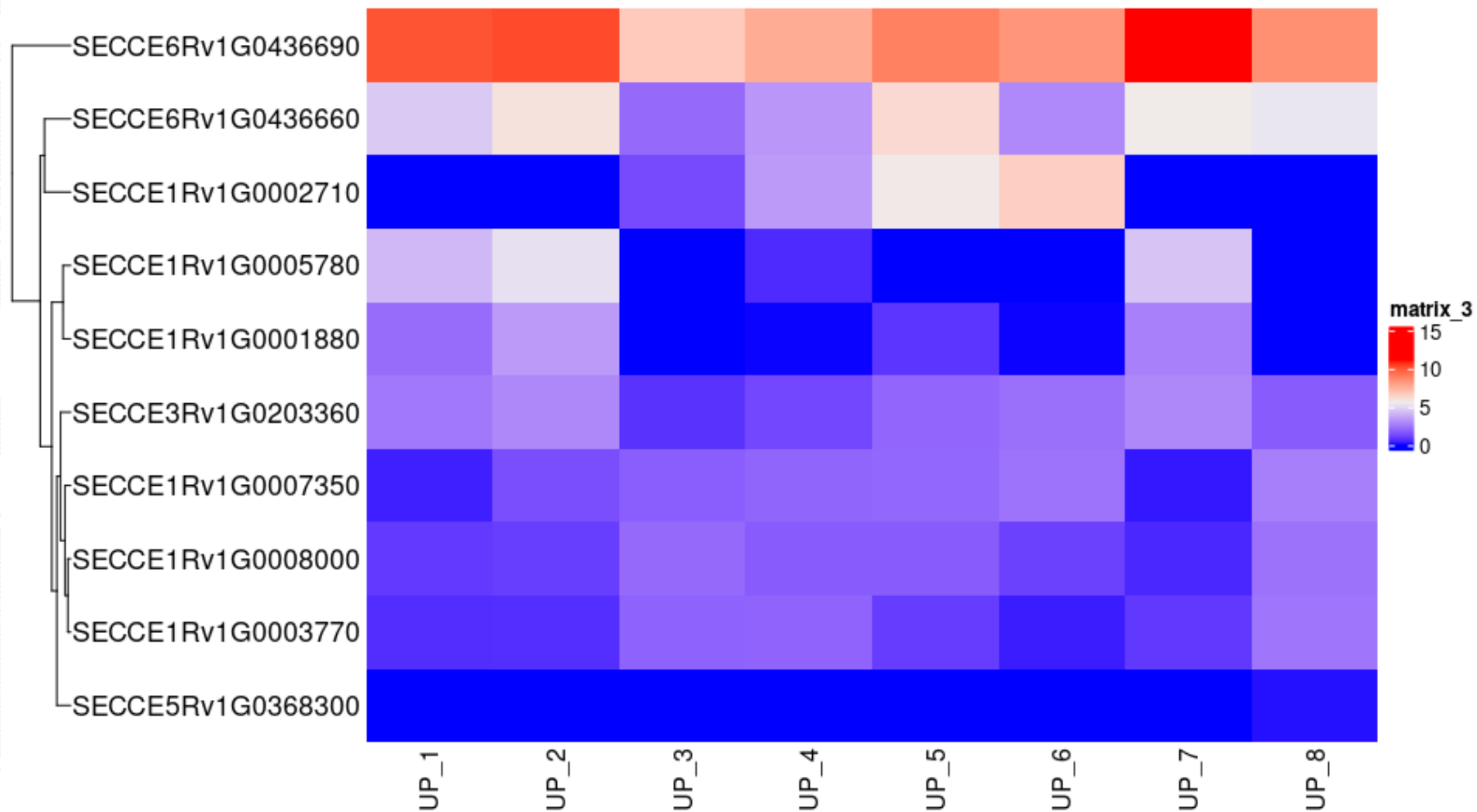
Temat badawczy 3: Identyfikacja genów o zmienionej ekspresji pod wpływem infekcji patogena.

Cel	Materiał i metody	Wyniki
<p>Identyfikacja genów o zmienionej ekspresji po infekcji patogenem grzybowym roślin wybranych z materiałów kolekcyjnych hodowców.</p>	<p>Materiał do analiz stanowiło całkowite RNA wyizolowane z liści siewek wytypowanych genotypów o zróżnicowanej podatności na porażenie przez rdzę brunatną. Uzyskane wyniki ekspresji znormalizowano za pomocą metody lognorm z pakietu DESeq2 (Love i in. 2019). Analizę porównawczą ekspresji genów (DE) wykonano w tym samym pakiecie programu R (Team i in. 2013).</p>	<p>Analiza porównawcza ekspresji ujawniła istotną zmianę ekspresji w 3492 genach (FDR < 0,01) o przynajmniej dwukrotnie wyższej lub niższej ekspresji. W obrębie tych genów były między innymi SECCE1Rv1G0001880; białko odporności na choroby Pm3-like, SECCE1Rv1G0002710; Cyclootide, SECCE1Rv1G0003770; białko odporności na choroby (klasa TIR-NBS-LRR), SECCE1Rv1G0005780; białko związane z motywami RNA-binding (RRM/RBD/RNP), SECCE1Rv1G0007350; gen CsAtPR5, SECCE1Rv1G0008000; esteraza/lipaza GDSL 1, geny transporterów ABC: SECCE3Rv1G0203360.1, SECCE6Rv1G0425610.1, SECCE5Rv1G0368300.1, czy geny związane z odpornością takie jak: SECCE6Rv1G0436690.1 oraz SECCE6Rv1G0436660.1.</p>

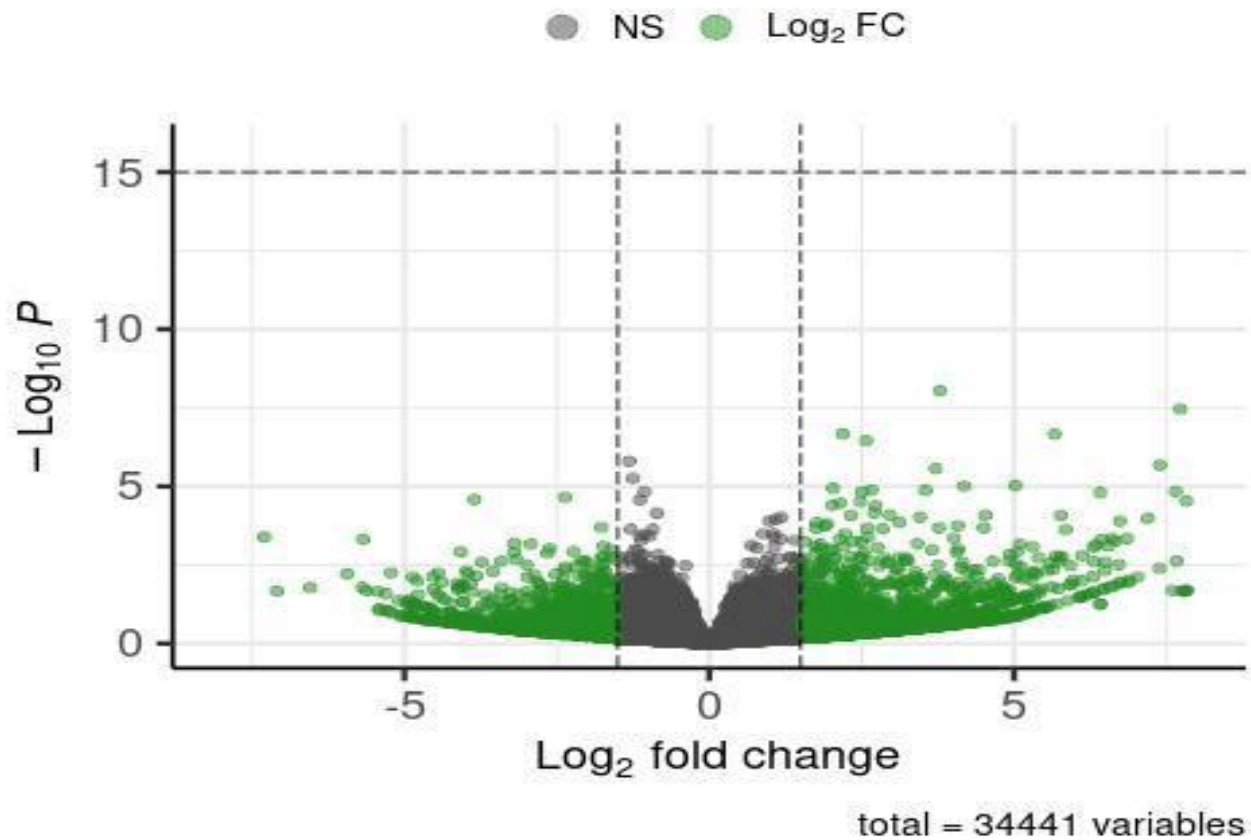
Korelacja wartości współczynnika korelacji pomiędzy badanymi próbkami – dane normalizowane metodą TPM



Mapa cieplna ilustrujący poziom ekspresji wybranych genów w badanych próbkach.



Wykres typu Volcano Plot



Podsumowanie

- Analizy wyników oceny porażenia genotypów żyta przez rdzę brunatną (*Puccinia recondita*) w wyniku sztucznej inokulacji wykazały, że istnieją genotypy odporne lub wysoce tolerancyjne na tego patogena, które można polecić do programów hodowli odpornościowej.
- Udało się znaleźć stosunkowo nieliczną grupę genotypów bez śladów zarodników rdzy brunatnej na liściach (14 genotypów), które można uznać za odporne na porażenie przez tego patogena.
- Genotypy odporne mogą zostać wykorzystane do założenia przez hodowców szkółek rozmnożeniowych i selekcyjnych w celu uzyskania z nich nowych cennych linii o kompleksowej odporności.
- Analiza różnic ekspresji genów ujawniła istotne zmiany w 3492 genach, w tym w genach reagujących na infekcję patogenem. Te wyniki mogą mieć znaczące implikacje dla zrozumienia mechanizmów odporności roślin i mogą przyczynić się do rozwoju nowych strategii w ochronie roślin.