

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

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

Wykonawcy: dr hab. Dariusz Mańkowski, prof. Instytutu, dr Urszula Piechota, dr Grzegorz Czajowski, mgr Dominika Piaskowska, dr inż. Magdalena Radecka-Janusik, dr inż. Piotr Słowacki.

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 pszenicy i pszenicy zwyczajnej, **2)** identyfikacja genów odporności *Yr* na rdzę żółtą w kolekcji odmian i linii pszenicy i pszenicy zwyczajnej oraz **3)** wprowadzenie efektywnych loci odporności na Pst do materiałów hodowlanych pszenicy i pszenicy zwyczajnej metodą krzyżowań wspomaganymi markerami molekularnymi.

W roku 2022 wykonano następujące prace:

Ad. 1) Określono zmienność wśród 44 izolatów Pst wyprowadzonych z prób zebranych w roku 2022 w sześciu 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 2022 r. na terenie Polski była niejednorodna genetycznie. Zidentyfikowano przynajmniej cztery rasy (PstS4, PstS8, PstS10, PstS13) a także grupę izolatów nieprzypisanych do żadnej z linii genetycznych. W strukturze populacji dominowała rasa PstS13 (41% izolatów), która pochodzi z pszenicy.

Ad. 2) W celu oceny odporności roślin dorosłych, zestaw 282 badanych genotypów pszenicy i pszenicy zakażono mieszaniną dwóch izolatów Pst w warunkach polowych. Ocena wykonano dwukrotnie pomiędzy fazą kwitnienia, a dojrzałością późnomleczną. Na podstawie oceny wyłoniono grupę 193 odmian wykazujących reakcje odpornościową. Jesienią 2022 założono drugą serię doświadczeń polowych w trzech lokalizacjach: Radzików (IHAR-PIB), Koberzyce (Małopolska HR) i Smolice (HR Smolice).

Ad. 3) Materiałem wykorzystanym było ziarno pokolenia F1BC1 kombinacji krzyżówkowych UC1110 × Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno × Mondeo (pszenicy) uzyskane w poprzednim roku prowadzenia badań. Prowadzono reakcje PCR z użyciem starterów dla markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności: KASP-*Yr5* Positive+Common (*Yr5*), gwm413 (*Yr15*) i csLV46G22 (*Yr29*). Celem kontroli tła genetycznego wykonano genotypowanie na wysokorozdzielczej platformie DArTseq. Wybrane genotypy posiadające wprowadzane geny odporności oraz wysoki udział tła genetycznego pochodzącego od rodzica wypierającego zostały skrzyżowane wstecznie z rodzicem wypierającym, odpowiednio odmianą Kariatyda i Mondeo, celem uzyskania pokolenia F1BC2. Do dalszych prac wyselekcjonowano 21 roślin UC1110 × Kariatyda oraz 30 roślin Kasyno × Mondeo.