

Postęp biologiczny w produkcji roślinnej  
Sprawozdanie roczne z realizacji zadania w 2024 roku

### Temat PB7 / 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](mailto: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  
inż. Aneta Kisiela  
Karolina Szafrńska

**Przyznane środki – 355 800 zł**

## Cele zadania:

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

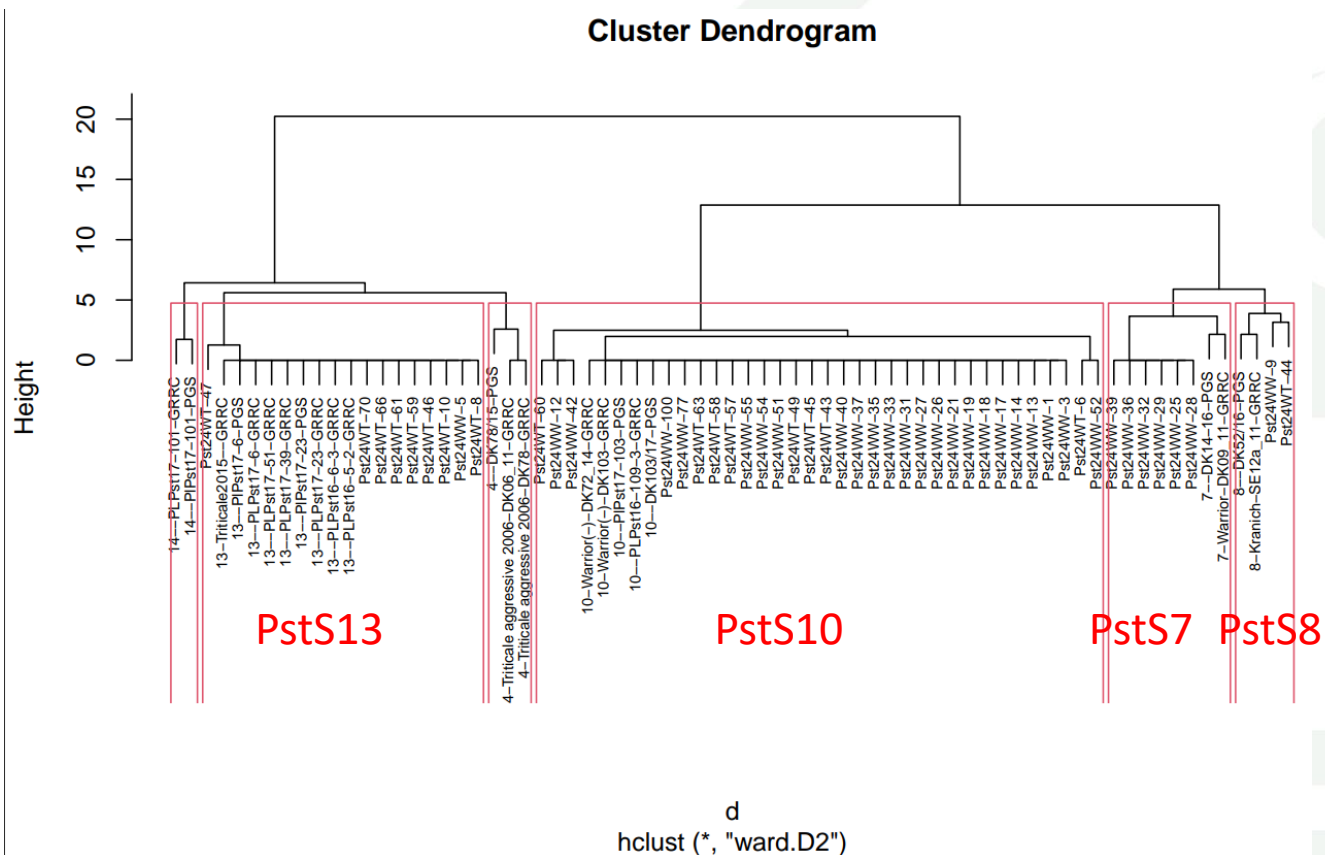
## Temat 1

W temacie wykorzystano 44 izolaty *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (Pst) wyprowadzone z prób porażonych liści. Próby pozyskano z sześciu miejscowości: Radzików (7), Polanowice (14), Kobierzyce (7), Modzurów (12), Antoniny (3), Skołoszów (1) z następujących gatunków zbóż: pszenicy zwyczajnej (28) oraz pszenżyta (16).

Wszystkie 44 izolaty poddano analizom molekularnym przez zastosowanie markerów SSR oraz sekwencjonowanie (MARPLE). Dla 27 izolatów wykonano analizę wirulencji poprzez inokulację zestawu różnicującego zawierającego znane geny odporności Yr.

Lp.	Odmiana/linia	Gen odporności Yr	Lp.	Odmiana/linia	Gen odporności Yr
1	Cartago	brak (wzorzec podatności)	11	Moro	Yr10
2	Chinese 166	Yr1	12	Cortez	Yr15
3	Kalyansona	Yr2, +	13	VPM1	Yr17
4	Vilmorin 23	Yr3, +	14	Avocet Yr17	Yr17, YrAvS
5	Hybrid 46	Yr4, +	15	TP 981	Yr25
6	Heines Kolben	Yr6, +	16	Opata	Yr27, +
7	Avocet Yr6	Yr6, YrAvS	17	Carstens V	Yr25, Yr32, +
8	Lee	Yr7	18	Avocet S	YrAvs
9	Avocet Yr8	Yr8	19	Ambition	YrAmb
10	Avocet Yr9	Yr9, YrAvS	20	Spaldings Prolific	YrSp, YrAvS

Na podstawie analiz molekularnych przypisano badane izolaty do linii genetycznych. Wykazano, że sześć izolatów należy do linii genetycznej PstS7, dwa izolaty – PstS8, 28 izolatów – PstS10 oraz 8 izolatów – PstS13



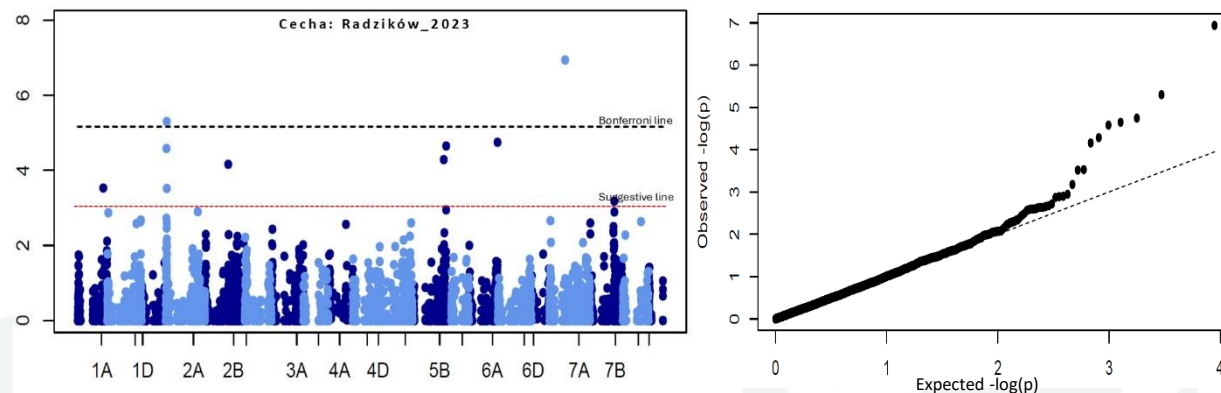
L.p.	Izolat	Miejscowość	Gospodarz	Odmiana	Linia genetyczna	Rasa (test fitopatologiczny)
1	Pst24WW-1	Radzików	Pszenica oz.	Cartago	10	Nb. <sup>2</sup>
2	Pst24WW-3	Radzików	Pszenica oz.	Cartago	10	Nb.
3	Pst24WW-5	Radzików	Pszenica oz.	Cartago	13	13
4	Pst24WT-6	Radzików	Pszenżyto	Marko	10	10
5	Pst24WT-8	Radzików	Pszenżyto	Danko 18	13	13
6	Pst24WW-9	Radzików	Pszenica	Lawina	8	8
7	Pst24WT-10	Radzików	Pszenżyto	HRS66	13	13
8	Pst24WW-12	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	Nb.
9	Pst24WW-13	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	Nb.
10	Pst24WW-14	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	Nb.
11	Pst24WW-17	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	Nb.
12	Pst24WW-18	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	10
13	Pst24WW-19	Polanowice	Pszenica oz.	Linia hodowlana	10	Nb.
14	Pst24WW-21	Kobierzyce	Pszenica oz.	Iskra	10	10
15	Pst24WW-25	Kobierzyce	Pszenica oz.	PDO 10823	7	7
16	Pst24WW-26	Kobierzyce	Pszenica oz.	Ostoja	10	Nb.
17	Pst24WW-27	Kobierzyce	Pszenica oz.	LG Mocca	10	10
18	Pst24WW-28	Kobierzyce	Pszenica oz.	Artist	7	7
19	Pst24WW-29	Kobierzyce	Pszenica oz.	Kilimanjaro	7	7
20	Pst24WW-32	Kobierzyce	Pszenica oz.	Linia hodowlana	7	7
21	Pst24WW-33	Modzurów	Pszenica oz.		10	Nb.
22	Pst24WW-35	Modzurów	Pszenica oz.		10	Nb.
23	Pst24WW-36	Modzurów	Pszenica oz.		7	7
24	Pst24WW-37	Modzurów	Pszenica oz.		10	Nb.
25	Pst24WW-39	Modzurów	Pszenica oz.		7	7
26	Pst24WW-40	Modzurów	Pszenica oz.		10	Nb.
27	Pst24WW-42	Modzurów	Pszenica oz.		10	10
28	Pst24WT-43	Modzurów	Pszenżyto oz.		10	Nb.
29	Pst24WT-44	Modzurów	Pszenżyto oz.		8	8
30	Pst24WT-45	Modzurów	Pszenżyto oz.		10	10
31	Pst24WT-46	Modzurów	Pszenżyto oz.		13	13
32	Pst24WT-49	Modzurów	Pszenżyto oz.		10	10
33	Pst24WW-54	Polanowice	Pszenica oz.		10	Nb.
34	Pst24WW-55	Polanowice	Pszenica oz.		10	10
35	Pst24WT-57	Polanowice	Pszenżyto oz.	Metro	10	Nb.
36	Pst24WT-58	Polanowice	Pszenżyto oz.	Misterio	10	10
37	Pst24WT-59	Polanowice	Pszenżyto oz.	Triesto	13	13
38	Pst24WT-60	Polanowice	Pszenżyto oz.	Medalion	10	Nb.
39	Pst24WT-61	Polanowice	Pszenżyto oz.		13	13
40	Pst24WT-63	Polanowice	Pszenżyto oz.		10	Nb.
41	Pst24WT-66	Antoniny	Pszenżyto oz.		13	13
42	Pst24WT-70	Antoniny	Pszenżyto oz.		13	13
43	Pst24WW-77	Antoniny	Pszenica oz.		10	10
44	Pst24WW-100	Skołoszów	Pszenica oz.		10	10

## Temat 2

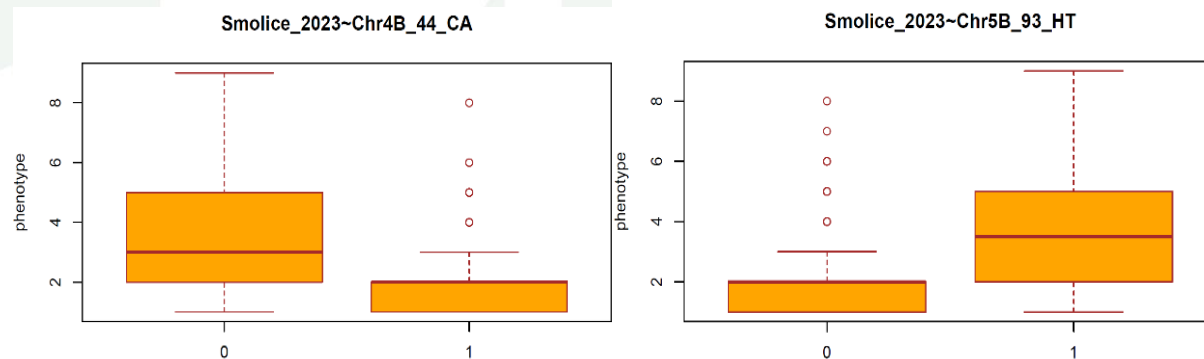
Mapowanie asocjacyjne wykonano dla danych genotypowych badanych linii uzyskanych w 2021 roku metodą DArTseq w odniesieniu do ocen fenotypowych otrzymanych w doświadczeniach polowych wykonanych 2022 i 2023 (Radzików, Kobierzyce i Smolice) oraz doświadczeniach fitotronowych (2021). Haplobloki były tworzone w programie Haploview 4.2. Analizę GWAS wykonano w pakiecie R rrBLUP. Analizę głównych składowych oraz podobieństwa obiektów, a także poziom wyjaśnienia cechy wykonano w środowisku R (PCA, K.mat, CJAMP). Na rysunkach przedstawiono przykładowy wykres poziomu istotności typu Mantattan i wykres kwantylowy (QQ plot) oraz rozkład fenotypów w pulach roślin niosących zidentyfikowany istotny haplotyp (1) oraz w puli pozostałych genotypów (0).

Podsumowanie wyników analizy GWAS odpowiedzi zestawu pszenic na *P. striiformis*

Cecha	Istotne haplobloki	Położenie haplobloków
Kobierzyce_2022	5	2B, 5A, 5B, 7B
Kobierzyce_2023	4	1B, 2A, 6A
Pst19_100_1L	4	4A, 6B, 7A, Un
Pst19_100_2L	1	Un
Pst19_75_1L	6	3A, 6A, 6D
Pst19_75_2L	2	5B, 6A
Radzikow_2022	14	1A, 1B, 2A, 2B, 4A, 5A, 5B, 7A
Radzikow_2023	10	1A, 2A, 2B, 5B, 6A, 7A, 7B
Smolice_2022	6	2A, 5A, 6A, 6B, 7B, Un
Smolice_2023	7	1D, 2B, 4B, 5A, 5B, 6A



Wykres typu Manhattan oraz wykres kwantylowy analizy GWAS dla reakcji na *P. striiformis* zestawu pszenic uprawianych w Radzikowie w 2023 roku.



Wykresy pudełkowe rozkładu fenotypu w skali 9-cio stopniowej reakcji zestawu pszenicy na *P. striiformis*. 1- pula genotypów niosących haplotyp powiązany z reakcją na patogen na podstawie analizy GWAS; 0 – pula genotypów nie posiadająca wskazanego haplotypu.

## Temat 3

Materiałem wykorzystanym w Temacie 3 było ziarno pokolenia F1BC3 kombinacji krzyżówkowych UC1110 × Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno × Mondeo (pszenżyto) uzyskane w poprzednim roku prowadzenia badań.

Ziarno wysiano w warunkach fitotronowych celem pozyskania tkanki do izolacji DNA. Zidentyfikowano rośliny zawierające markery sprzężone z genami *Yr5* (KASP-*Yr5*-Positive+Common), *Yr15* (gwm413) oraz *Yr29* (csLV46G22). 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 F1BC4.

## Wyniki

1. Populacja patogenu występująca w 2024 r. na terenie Polski była niejednorodna genetycznie. Pośród zebranych prób zidentyfikowano cztery rasy (PstS13, PstS10, PstS7 oraz PstS8). W strukturze populacji dominowała rasa PstS10 (28 izolatów). Wśród izolatów pszenżytnich zidentyfikowano wyłącznie rasę PstS8, PstS10 oraz PstS13, natomiast izolaty pobrane z pszenicy reprezentowały wszystkie zidentyfikowane rasy.
2. Podłoże genetyczne reakcji pszenicy na *P. striiformis* jest złożone. W analizie GWAS zidentyfikowano 54 haplotypy w 49 haploblokach zlokalizowanych na 16 chromosomach, które były powiązane z reakcją na patogen. Spośród 37 haplotypów o  $R^2 > 5\%$ , 22 miały negatywny wpływ na fenotyp (obniżenie poziomu odporności pszenicy na Pst), a 14 wykazywało pozytywny wpływ (zwiększenie poziomu odporności). Wśród badanych genotypów pszenicy zidentyfikowano istotne haplotypy o  $R^2 > 5\%$ , które występowały w liczbie od 15 do 236 obiektów. Haplotypy MTAs Chr2B\_45\_TC i Chr2B\_46\_TGGH są zlokalizowane na długim ramieniu chromosomu 2B podobnie jak gen *Yr5*. Natomiast haplotyp Chr1B\_112\_CA znajduje się na długim ramieniu chromosomu 1B, na którym również zlokalizowano gen *Yr29*.
3. Do dalszych prac wyselekcjonowano 20 roślin UC1110 × Kariatyda oraz 25 roślin Kasyno × Mondeo. Rośliny zostały poddane jarowizacji w warunkach fitotronowych i skrzyżowane z rodzicem wypierającym. Uzyskano ziarno pokolenia F1BC4, które będzie wysiane na cele selekcji molekularnej w przyszłym roku badań.

## Mierniki

Lp.	Miernik	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana	Stopień realizacji miernika
1	2	3	4	5
<b>temat badawczy 1</b>				
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%
<b>temat badawczy 2</b>				
2.1	Kontynuacja analiz mapowania asocjacyjnego	Kontynuacja 1 analizy	Kontynuacja 1 analizy	80%
<b>temat badawczy 3</b>				
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	96
			% REALIZACJI ZADANIA	96





**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](mailto:postbox@ihar.edu.pl)  
[www.ihar.edu.pl/](http://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](mailto:p.czembor@ihar.edu.pl)