

Postęp biologiczny w produkcji roślinnej
Sprawozdanie roczne z realizacji zadania w 2025 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 inż. Piotr Słowacki; p.slowacki@ihar.edu.pl

Wykonawcy:

- dr hab. Paweł Czembor prof. Instytutu
- dr hab. Dariusz Mańkowski prof. Instytutu
- dr inż. Magdalena Radecka-Janusik
- dr Urszula Piechota
- mgr Dominika Piaskowska
- dr Bogusław Łapiński
- mgr inż. Magdalena Pałuba
- inż. Aneta Kisiela
- Jolanta Łopata

Przyznane środki – 327 800 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. Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F_1BC_4 i uzyskanie F_2BC_4

Materiały i metody:

Temat 1: Materiały: 44 izolaty *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* z czterech miejscowości. Metody: analiza molekularna markerami SSR oraz poprzez sekwencjonowanie (MARPLE), analiza wirulencji na siewkach zestawu różnicującego.

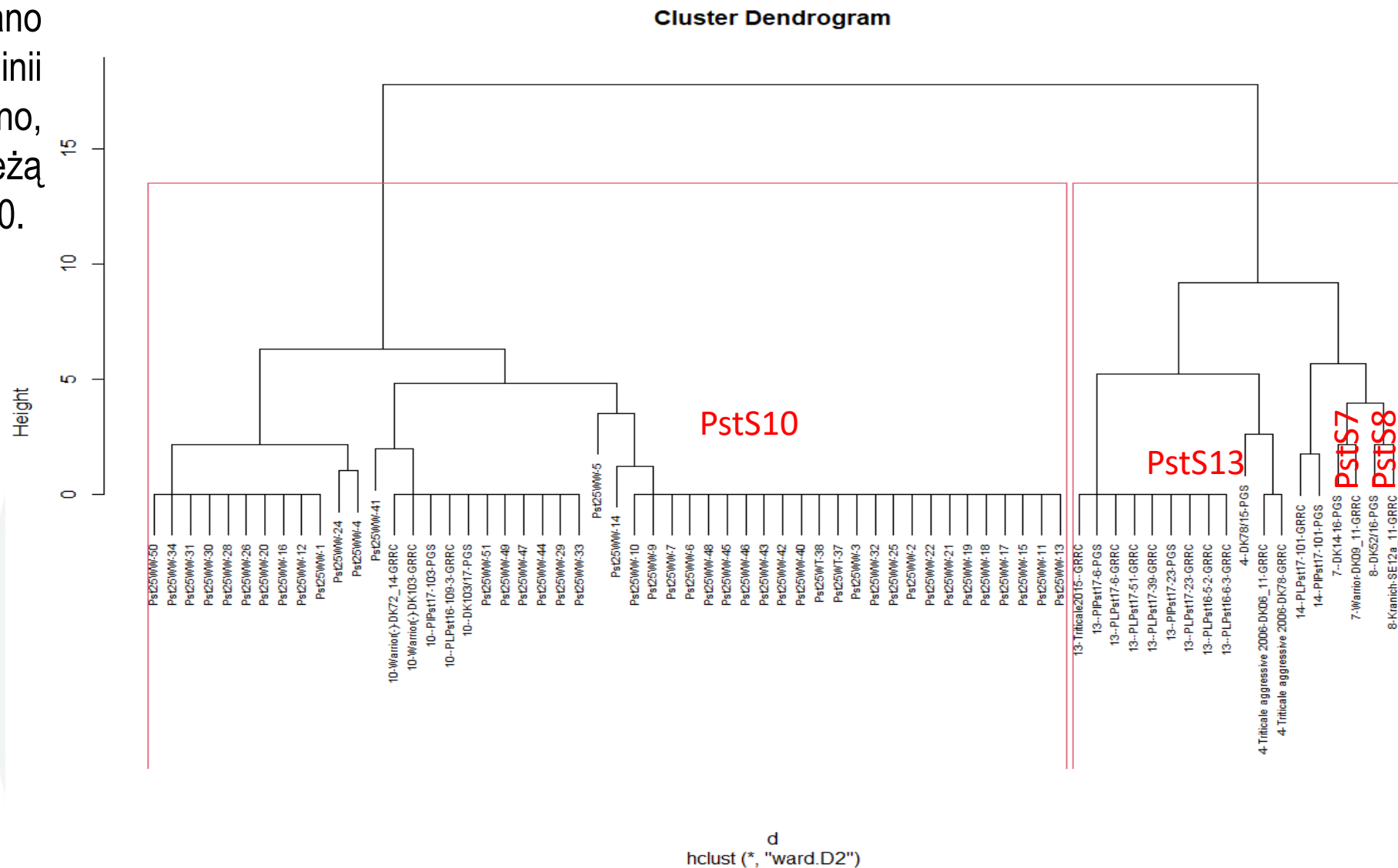
Temat 2: Materiały: rośliny pokolenia F1BC4 kombinacji UC1110 × Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno × Mondeo (pszenżyto). Metody: genotypowanie z użyciem markerów SSR sprzężonych z genami odporności oraz na platformie DArTseq.

Temat 1

W temacie wykorzystano 44 izolaty *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (Pst) wyprowadzone z prób porażonych liści. Próby pozyskano z czterech miejscowości: Kobierzyce (10), Modzurów (12), Dębina (18) oraz z Chrzastowa (4) z następujących gatunków: pszenicy zwyczajnej (41) oraz pszenżyta (3).

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

Na podstawie analiz molekularnych przypisano badane izolaty do linii genetycznych. Wykazano, że wszystkie izolaty należą do linii genetycznej PstS10.



Temat 2

Materiałem wykorzystanym w Temacie 2 było ziarno pokolenia F_1BC_4 kombinacji krzyżówkowych UC1110 $\times$ Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno $\times$ 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 poddane samozapyleniu celem uzyskania pokolenia F_2BC_4 .

Temat 2

Uzyskano wystarczające ilości ziarniaków pokoleń F_2BC_4 kombinacji UC1110 $\times$ Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno $\times$ Mondeo (pszenżyto)

Lp.	miernik	Wartość miernika podana w opisie zadania	Wartość miernika zrealizowana	Stopień realizacji miernika
1	2	3	4	5
temat badawczy 1				
1.1	Analiza wirulencji izolatów <i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	co najmniej 27 izolatów	0	0%
1.2.	Analiza molekularna (genotypowanie) izolatów <i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	co najmniej 44 izolatów	44 izolaty	100%
temat badawczy 2				
2.1	Analiza molekularna pokolenia F1BC4	2 kombinacje krzyżówkowe	2 kombinacje krzyżówkowe	100%
2.2	Uzyskanie pokolenia F2BC4	2 kombinacje krzyżówkowe	2 kombinacje krzyżówkowe	100%
			ŚREDNIA	0,75
			% REALIZACJI ZADANIA	75%

Poster z konferencji „8th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding” (11-13 listopada 2025 r., Budapeszt, Węgry)

Poster z konferencji „17th International Cereal Rusts and Powdery Mildews Conference” 15-20 czerwiec 2025 r., Vancouver, Kanada


Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute (PBAI-NRI)



Population structure of yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) in Poland in 2024

Piotr Stowacki, Urszula Piechota, Magdalena Radecka-Janusik, Dominika Piaskowska, Paweł Czembor

Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute
Department of Applied Biology
Radzików, 05-870 Błonie

INTRODUCTION

Yellow rust caused by the fungus *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) is considered one of the most important pathogens of wheat. Understanding the genetic makeup of the pathogen population is essential for developing resistant varieties and promoting sustainable agricultural practices.

MATERIALS AND METHODS

In this study 44 single uredinium Pst isolates derived from both spring and winter wheat and triticale from six localizations in Poland in year 2024 were investigated. Analysis of the isolates was carried out using two molecular methods: analysis of SSR profiles for 19 loci and MARPLE (Mobile And Real-time PLant disEase). In addition, selected isolates were phenotyped using a differential test.



Figure 1. Collection and testing of Pst isolates. 1 – Collection of Pst-infected leaves from different sites in Poland, 2 – Maintenance of infected leaf segments on media, 3 – Inoculum production, 4 – Virulence tests on a differential panel comprising wheat and triticale lines with known Pst resistance genes, 5 – Molecular analysis.

RESEARCH FINDINGS AND CONCLUSIONS

The SSR method is robust to characterize isolate races. MARPLE provides more detailed data on isolates but requires greater resources, including reagents, computing power, and data storage. Phenotyping is inexpensive regarding materials but is labor-intensive, time-consuming, and requires sufficient rust spores for infection assays.

The analysis indicates that genetic group PstS10 (including Warrior(-) race) is dominant on both wheat and triticale. Specifically, group PstS10 had the largest number of isolates, with 20 isolates from wheat and 8 isolates from triticale, clearly highlighting its predominance. Additionally, wheat exhibited slightly greater genetic diversity, with isolates belonging to genetic groups: PstS7 (6 isolates), PstS8 (1), PstS10 (20), and PstS13 (1). In contrast, triticale had isolates identified only from genetic groups: PstS7 (1 isolate), PstS10 (8), and PstS13 (7).

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development, Program of Fundamental Research for Biological Progress in Crop Production (years 2021–2027): Task no. 7, entitled „Yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*): population structure of the fungus, identification of resistance loci in common wheat and triticale and introduction of effective resistance genes into breeding materials”.

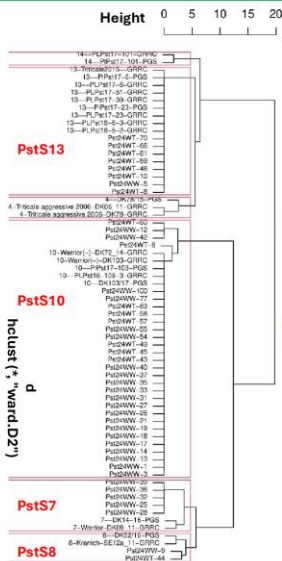


Figure 2. Cluster dendrogram for 48 Pst isolates collected in Poland in the year 2024. The number of isolates in each genetic group is as follows: PstS7 – 6, PstS8 – 2, PstS10 – 28, PstS13 – 8.


Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute (PBAI-NRI)



Assessing stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) population structure using molecular methods

Piotr Stowacki, Urszula Piechota, Magdalena Radecka-Janusik, Dominika Piaskowska, Paweł Czembor

Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute
Department of Applied Biology
Radzików, 05-870 Błonie

Introduction

Yellow rust caused by the fungus *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst), can lead to significant reductions in crop yields when conditions are favorable. It is considered one of the most important pathogens of wheat. The risk of the decreasing quantity of yield depends on the frequency and speed of spreading of new fungus races. Understanding the genetic makeup of the pathogen population is essential for developing resistant varieties and promoting sustainable agricultural practices.

Materials and methods

In this study 45 single uredinium Pst isolates obtained from winter wheat and triticale from four localizations in Poland in year 2025 were assessed. DNA from Pst isolates was extracted using CTAB method. Assessment of the isolates was carried out using two molecular methods: analysis of SSR profiles for 19 loci (Ali et al. 2011) and MARPLE (Mobile And Real-time PLant disEase; Radhakrishnan et al. 2019).

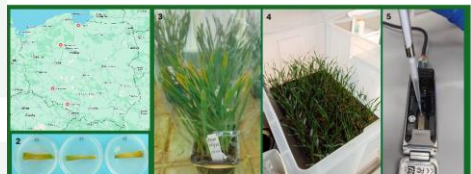


Figure 1. Collection and testing of Pst isolates. 1 – Collection of Pst-infected leaves from various plant breeding stations across Poland, 2 – Growth of Pst on disinfected leaves placed in 1% agar, 3 – Inoculum production, 4 – Virulence tests on a differential panel comprising wheat and triticale lines with known Pst resistance genes, 5 – Molecular analysis.

Research findings and conclusions

The SSR method can be easily implemented in most laboratories using existing equipment and is a robust tool used to characterize isolate races. MARPLE allowed us to obtain much more data and information about the isolates, however it takes up more resources, both in consumable reagents as well as computing power and data disc storage. Phenotyping is very time consuming and labor intensive, as it needs to have a fair amount of rust spores for differentials infection, it is however cheap when cost of materials is considered.

The *P. striiformis* population in Poland was not diverse in 2025. We managed to identify only PstS10 genetic group. Yellow rust in 2025 was very scarce in Poland. Monitoring of the pathogen population and knowledge of its genetic structure is very important for crop protection and resistance breeding.

Acknowledgements

This work was supported by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development, Program of Fundamental Research for Biological Progress in Crop Production (years 2021–2027): Task no. 7, entitled „Yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*): population structure of the fungus, identification of resistance loci in common wheat and triticale and introduction of effective resistance genes into breeding materials”.

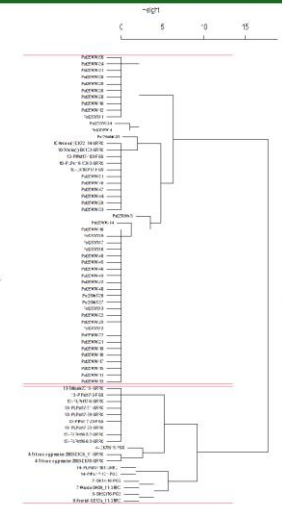


Figure 2. Cluster dendrogram for 45 Pst isolates collected in Poland in the year 2025. Only PstS10 genetic group was identified.

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
www.ihar.edu.pl/

dr Piotr Słowacki

Zakład Biologii Stosowanej
IHAR-PIB
Radzików
05-870 Błonie
tel. 22 733 45 54
e-mail: p.slowacki@ihar.edu.pl