



Mapowanie genu odporności na rdzę brunatną *Lr55* w pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)



¹Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie,
05-870 Błonie,

email: a.pietrusinska@ihar.edu.pl



²Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki, Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza, 35-959 Rzeszów,
email: mtyrka@prz.edu.pl

WSTĘP

Rdza brunatna zbóż i traw wywołana jest przez patogen *Puccinia triticina* jest jedną z najpoważniejszych chorób liści pszenicy jarej oraz ozimej. Największe straty wyrządza w uprawie pszenicy ozimej. Obserwowana jest we wszystkich fazach rozwojowych roślin. Przy silnym porażeniu starty wywołane przez tą chorobę sięgają od 40 do 50%. W Polsce średnio straty w plonach szacuje się na około 5 do 10%. Choroba występuje zwykle w cieplejszych i bardziej suchych regionach kraju. Znaczne spadki plonów mają miejsce przy ciepłej pogodzie. Czynnikiem sprzyjającym rozwojowi jest także dłuższy okres słonecznej pogody wiosną i wczesnym latem. Jej występowaniu sprzyja uprawa odmian podatnych na porażenie oraz silny rozwój chorób w poprzednim roku. Występowanie rdzy brunatnej zbóż i traw powoduje obniżenie dorodności ziarna i ogólnej masy plonu, a także zdrobnienie ziarna i obniżenie jego wartości odżywczej.

Głównym celem dzisiejszej produkcji roślinnej jest uzyskanie jak najwyższego plonu przy jednoczesnej minimalizacji stosowania środków ochrony roślin. Uprawa odmian o korzystnych cechach gospodarczych, w tym również o wysokim potencjale ich plonowania, ściśle związana jest z ich odpornością na choroby grzybowe oraz wirusowe. Ważną rolę odgrywa hodowla odpornościowa zbóż, która dysponuje wieloma narzędziami genetyki klasycznej i molekularnej, które z powodzeniem mogą być wykorzystywane w celu uzyskania roślin odpornych na powszechnie występujące choroby grzybowe zbóż. Wykorzystanie markerów DNA, znalazło szerokie zastosowanie w programach hodowlanych. Konstruowanie map genetycznych oraz identyfikacja *loci* cech ilościowych pozwala na przedstawienie położenia poszczególnych genów na chromosomie powiązanych z daną cechą.

CEL BADAŃ

Celem pracy było wyznaczenie markera(ów) molekularnego(ych) sprzężonego(ych) z genem odporności na rdzę brunatną zbóż i traw *Lr55*.

MATERIAŁ I METODY

- ✓ Odmiana pszenicy ozimej Bogatka, odmiana chlebowa (B), o bardzo dobrym i stabilnym plonowaniu, dobrej mrozoodporności oraz o dobrej odporności na choroby grzybowe pszenic ozimych.
- ✓ Odmiana pszenicy ozimej Nadobna, odmiana chlebowa (B), o dobrym i stabilnym plonowaniu, małej mrozoodporności oraz o średniej odporności na choroby grzybowe pszenic ozimych.
- ✓ Linia KS04WGRC45 (ID TA5072) z genem odporności *Lr55*, pochodzący *Elymus trachycaulus* (źródło: Kansas State University, Wheat Genetics Resource Center).
- ✓ Dwie populacje mapujące: F_2 (Bogatka \times *Lr55*) oraz (Nadobna \times *Lr55*).
- ✓ 74 polimorficznych markerów mikrosatelitarnych SSR.
- ✓ 15 DArTseq z chromosomu 1B.
- ✓ 15 enzymów restrykcyjnych.
- ✓ 87 polimorficznych kombinacji marker DArTs / restryktaza.
- ✓ Testy infekcyjne na populacjach mapujących.



WYNIKI I WNIOSKI

- ✓ Przeprowadzone analizy potwierdziły, że gen *Lr55* jest zlokalizowany na chromosomie 1B w rejonie 14.3 a 30.7cM na mapie genetycznej.
- ✓ Dodatkowe analizy segregacji wskazują że gen *Lr55* zlokalizowany jest na początku krótkiego ramienia chromosomu 1B.
- ✓ Odpowiada temu region 116.4 a 139.1Mpz na mapie fizycznej pszenicy zwyczajnej.
- ✓ Fragment ten, jest prawdopodobnie związany z rejonem syntenicznym do *Elymus trachycaulis* z genem odporności *Lr55*.
- ✓ Na podstawie analizy segregacji dla populacji F_2 (Bogatka \times *Lr55*) gen *Lr55* zlokalizowany jest w odległości około 16,4cM do markera *Gwm818*.
- ✓ Na podstawie analizy segregacji dla populacji (Nadobna \times *Lr55*) gen *Lr55* zlokalizowany jest w odległości około 12,8cM do markera *Cfd15* oraz 3.6cM *Gwm374*.
- ✓ Uzyskane wyniki dla obu populacji nie są jednoznaczne.
- ✓ Dodatkowe markerowanie w oparciu o technologię sekwencjonowania następnej generacji - DArTseq prawdopodobnie wyselekcjonuje markery do selekcji genu *Lr55*.

(Bogatka \times Lr55)

(Nadobna \times Lr55)

(Bogatka \times Lr55)&(Nadobna \times Lr55)

