**Streszczenie zadania za 2020 r. w Programie Badań Podstawowych w Produkcji Roślinnej.**

***(4-1-01-4-01)* Mapowanie asocjacyjne genów odporności na rdzę brunatną (*Puccinia triticina*) i septoriozę paskowaną liści (*Septoria tritici*) w pszenicy**

**Cel zadania:**

Hodowla odpornościowa jest szeroko propagowaną metodą w ograniczaniu strat plonu w pszenicy powodowanych przez rdzę brunatną (*Puccinia trticina*, *Pt*) i septoriozę paskowaną liści (ang. Septoria tritici blotch, STB) powodowaną przez grzyba S*eptoria tritici* (syn. *Zymoseptoria tritici*, *St*). W celu lepszego wykorzystania genów odporności w programach hodowlanych, konieczna jest znajomość ich występowania w obecnie uprawianych odmianach europejskich. Celem badań była próba określenia występowania genów odporności na septoriozę paskowaną i rdzę brunatną w europejskich odmianach pszenicy. Typowanie genów odporności było wsparte przez wykorzystanie markerów molekularnych zarówno blisko sprzężonych ze znanymi genami odporności jak i umożliwiających profilowanie całego genomu na potrzeby mapowania asocjacyjnego.

**Wyniki:**

Analiza reakcji na zakażenie 18 izolatami *Pt* odmian i linii pszenicy, pozwoliła na zidentyfikowanie obiektów odpornych na wszystkie badane izolaty: Capone, Caroll, Desamo, Lear, Lithium, Memory, Tentation, Waxy i Xantippe oraz linie blisko-izogeniczne odm. Thatcher z genami *Lr9* i *Lr19*.

W wyniku przeprowadzonej analizy GWAS (ang. Genome-Wide Association Studies) wykryto 354 istotnych asocjacji między markerem i cechą odporności zestawu 179 odmian/linii pszenicy testowanych przez 18 izolatów *P. triticina* oraz przy pomocy specyficznych markerów zidentyfikowano 9 genów odporności w odmianach pszenicy ozimej. Łącznie, przeprowadzone analizy umożliwiły wykrycie (postulowanie) wśród badanych odmian następujących genów odporności (liczba odmian z danym genem *Lr*): *Lr3bg* (20), *Lr20* (1), *Lr24* (10), *Lr26* (22), *Lr28* (21), *Lr34* (1), *Lr37* (56), *Lr39* (13) i *Lr51* (1). Natomiast mimo potwierdzonej specyficzności markerów molekularnych, w żadnej z badanych odmian nie wykryto genów *Lr19*, *Lr35* i *Lr47*.

W przypadku analizy łącznej oceny reakcji na zakażanie izolatami *St*, nie stwierdzono występowania genotypów, które nie byłyby porażone przez STB (parametry chorobowe: procent powierzchni liścia pokrytego nekrozą - NEC oraz piknidiami - PYC). Wytypowano 10 najodporniejszych obiektów: TE9111, Intro, Lear, Tabasco, Capone, Julius, Desamo, Solitar, Mandub i M3 synthetic (W-7976).

W wyniku zastosowania metody LMM przy uwzględnieniu struktury populacji wykryto 690 istotnych (-log10(p)≥7,3) asocjacji marker-cecha (MTA), odnoszących się do parametrów chorobowych (NEC i PYC) ocenianych na odmianach i liniach pszenicy po zakażaniu pojedynczymi izolatami *S. tritici*. Wśród wykrytych MTA tylko 20 wyjaśniało zmienność związaną z badanymi parametrami chorobowymi (NEC i PYC) od 3% do 8,8% i było skupionych w sześciu lokalizacjach na chromosomach 2B, 2D, 6A, 7A i 7D.

**Wnioski:**

1. Nieznaczna liczba zidentyfikowanych w pszenicy ozimej genów odporności na rdzę liściową świadczy o stosunkowo wąskiej bazie genetycznej wykorzystywanej w hodowli odpornościowej.

2. W żadnej z badanych odmian nie wykryto efektywnego genu odporności na rdzę brunatna *Lr19*.

3. Odporność w pszenicy na septoriozę paskowaną ma głównie charakter ilościowy, która jest warunkowana przez loci o niewielkim efekcie fenotypowym.

4. W celu podniesienia poziomu odporności na STB w pszenicy, zaleca się jednocześnie wprowadzanie do genotypu alleli markerów molekularnych sprzężonych z obniżoną wartością NEC i PYC, niż wprowadzanie ich osobno przy jednoczesnej eliminacji alleli sprzyjających występowaniu objawów chorobowych.