



Najważniejsze gospodarczo chorobotwórcze patogeny rzepaku w warunkach klimatycznych Polski ze szczególnym uwzględnieniem występowania i szkodliwości wirusa żółtaczki rzepy (TuYV).

Tabela 1. Gatunki wchodzące w skład rodzajów wyróżnionych w obrębie rodziny *Luteoviridae* [14, 29] (polskie nazwy wirusów według Kryczyńskiego [30])

Rodzaj	Gatunek
Polero- virus	<i>Beet chlorosis virus</i> , BChV → wirus chlorozy buraka
	<i>Beet mild yellowing virus</i> , BMV → wirus łagodnej żółtaczki buraka
	<i>Beet western yellows virus</i> , BWYV → wirus zachodniej żółtaczki buraka
	<i>Cereal yellow dwarf virus-Rhopalosiphum padi virus</i> , CYDV-RPV → wirus żółtej karłowatości zbóż-RPS
	<i>Cereal yellow dwarf virus-Rhopalosiphum padi severe</i> , CYDV-RPS → wirus żółtej karłowatości zbóż-RPV
	<i>Cucurbit aphid-borne yellows virus</i> , CABYV → wirus żółtaczki dyniowatych przenoszony przez mszyce
	<i>Potato leafroll virus</i> , PLRV → wirus liściozwoju ziemniaka
	<i>Sugarcane yellow leaf virus</i> , ScYLV → wirus żółtaczki liści trzciny cukrowej*
	<i>Turnip yellows virus</i> , TuYV → wirus żółtaczki rzepy
Luteo- virus	<i>Barley yellow dwarf virus-Myzus ascalonicus virus</i> , BYDV-MAV → wirus żółtej karłowatości jęczmienia MAV
	<i>Barley yellow dwarf virus-Rhopalosiphum padi, Sitobion avenae, severe</i> , BYDV-PAS → wirus żółtej karłowatości jęczmienia-PAS
	<i>Barley yellow dwarf virus-Rhopalosiphum padi, Sitobion avenae, virus</i> , BYDV-PAV → wirus żółtej karłowatości jęczmienia-PAV
	<i>Bean leafroll virus</i> , BLRV → wirus liściozwoju fasoli

Polerowirusami nazywane są wirusy należące do rodzaju *Polerovirus* zaliczanego do rodziny *Luteoviridae*.

Wirusy te porażają rośliny powodując znaczne straty w różnorodnych uprawach. Są zagrożeniem zarówno dla upraw rolniczych (zbóż, kukurydzy, buraka cukrowego, ziemniaka, tytoniu, trzciny cukrowej), jak i ogrodniczych (sałaty, czy dyniowatych).

Polerowirusy stosunkowo długo pozostawały mało poznaną grupą. Trudności ich badania związane były z bardzo niską zawartością tych wirusów w porażonych roślinach i z ich lokalizacją we floemie, co znacząco utrudniało otrzymanie niezbędnej do badań ilości oczyszczonego wirusa

Wirusy te nie przenoszą się mechanicznie i do inokulacji roślin zawsze trzeba używać wektorów, jakimi są mszyce.

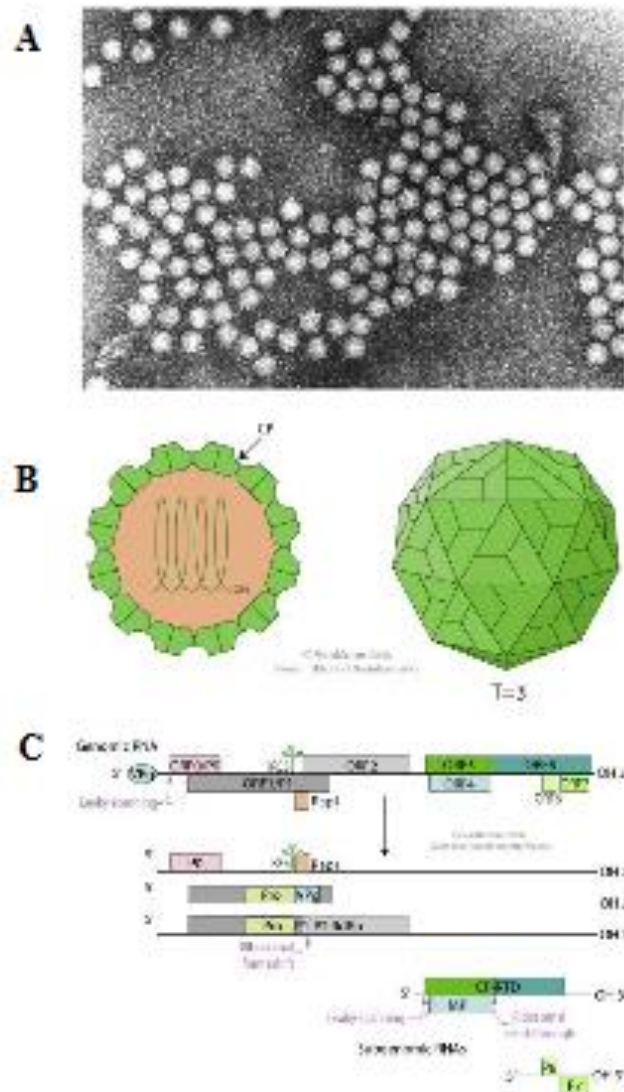


Figure 1.2. | Luteovirus particle structure, genome and replication. (A) TEM image of TaYV particles from a purified virus sample (photo: Mark Stevens, Beacon's Barn, UK). (B) The virus genome is contained inside the protein shell which displays T=3 icosahedral symmetry (ViralZone, 2008). (C) The poliovirus genome consists of a single-stranded positive-sense RNA molecule. Gene expression mechanisms such as subgenomic RNA, ribosomal frameshifting, ribosome leaky scanning, suppression of termination, and polyprotein expression are employed. Replication occurs in cytoplasmic viral factories within host-plant phloem cells (ViralZone, 2008). (Coleman, 2013)

Wirusy z rodziny *Luteoviridae* nie ulegają w wektorze żadnym przemianom.

Najprawdopodobniej cząstki wirusa, oddziałują ze specyficznym białkiem, **symbioniną GroEL**, produkowaną przez obecne w hemolimfie mszyc endosymbiotyczne bakterie z rodzaju *Buchnera*. Oddziaływanie z symbioniną może zapewnić stabilność cząstek wirusa w organizmie mszycy. Cząstki wirusa przedostają się z układu pokarmowego do hemolimfy a stąd, zabezpieczone przez symbioninę, do ślinianek. Po krótkim okresie latencji (1–3 dni) w czasie kolejnego żerowania wirus może zostać wprowadzony wraz ze śliną do floemu kolejnej rośliny.

Mszyce zachowują zdolność przenoszenia wirusa przez długi czas, często przez cały okres swojego życia (Golnik i Kozłowska-Makulska, 2007).

Wektory TuYV



Mszyca brzoskwiowo-ziemniaczana (*Myzus persicae*) - atakuje letnie rośliny żywicielskie z ponad 40 różnych rodzin

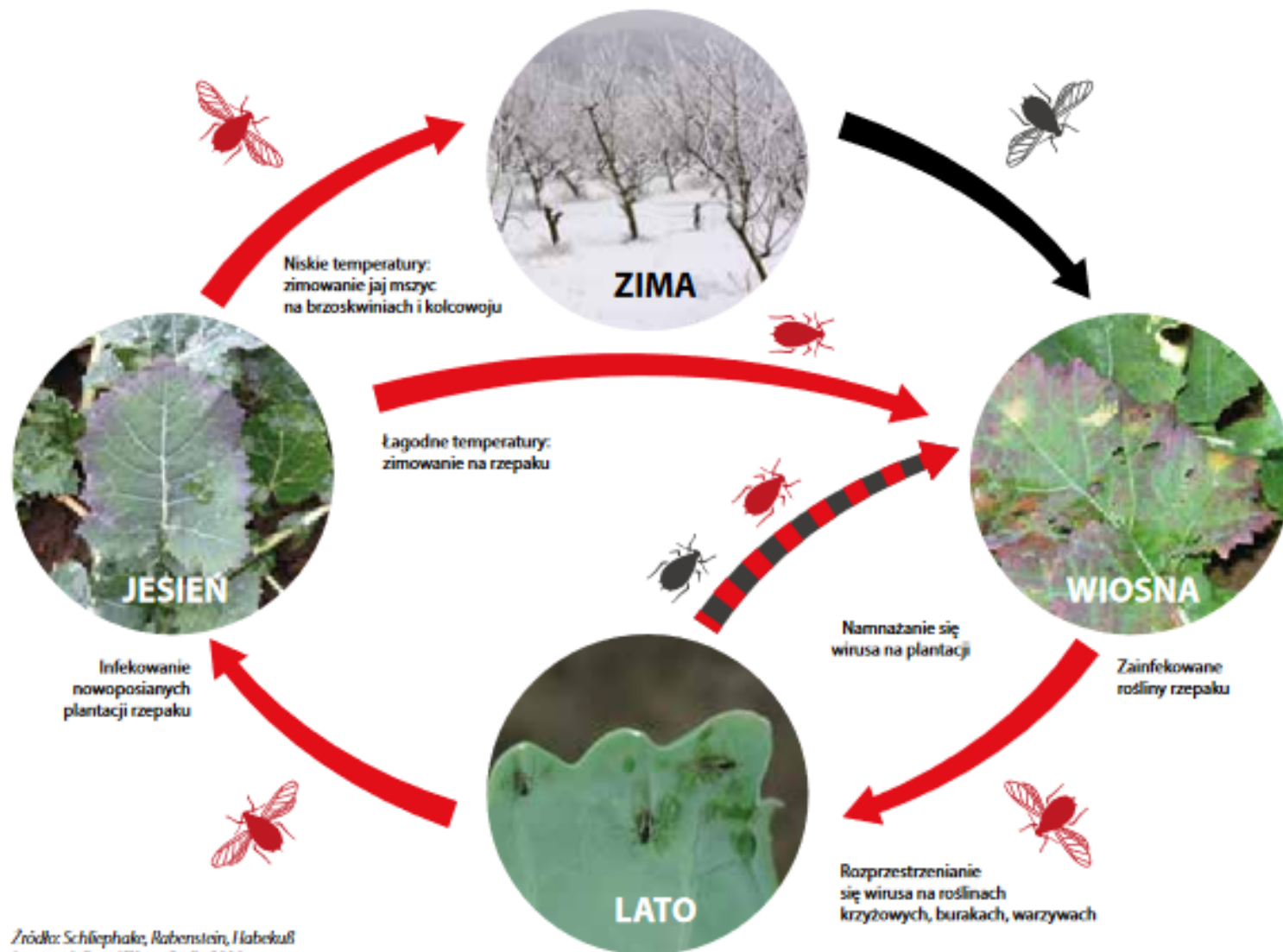


Mszyca ziemniaczana (*Macrosiphum euphorbiae*)



Mszyca kapuściana (*Brevicoryne brassicae*)

Cykl rozwojowy mszycy brzoskwiniowo-ziemniaczanej, wektora wirusa żółtaczki rzepy (TuYV)



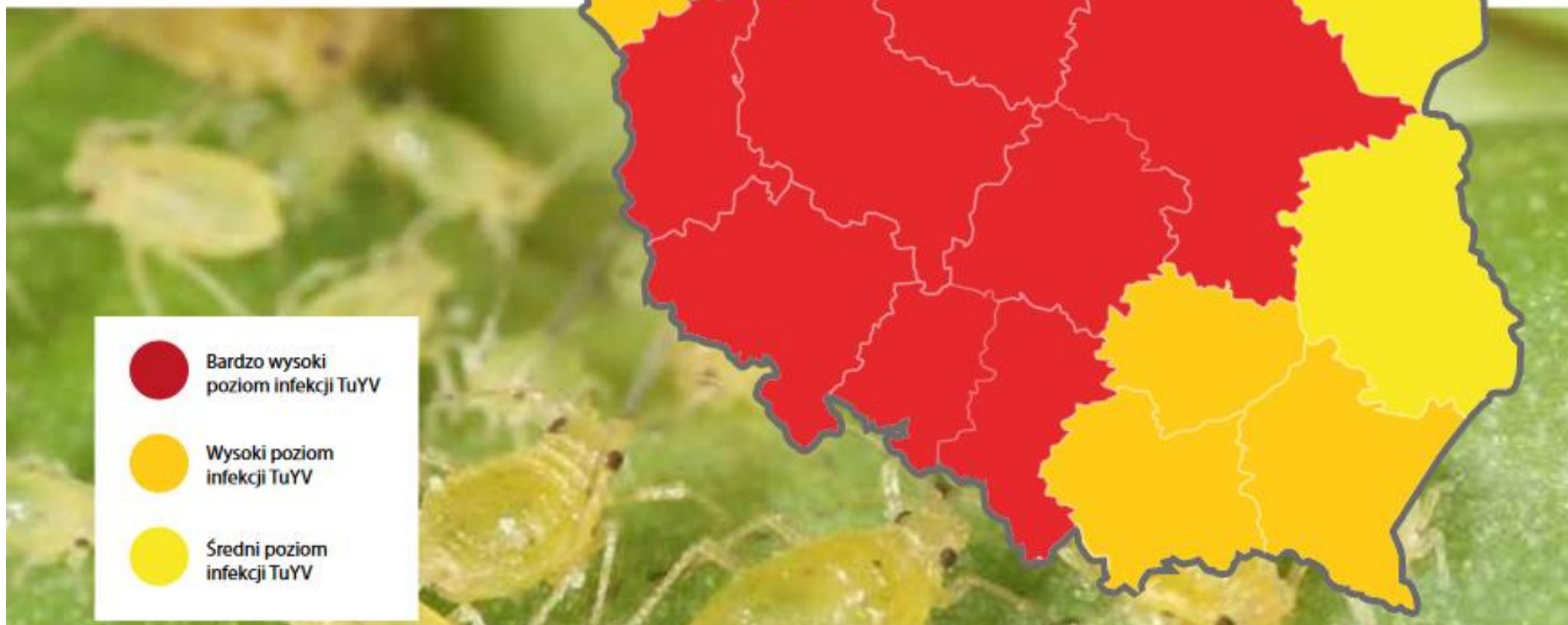
Źródło: Schliephake, Rabenstein, Habekuß
Instytut Juliusa Kühna, Berlin 2016
(po zmodyfikowaniu)

Monitoring występowania wirusa żółtaczk rzepy (TuYV)

Badania własne Limagrain

maj 2016

wykonane w IOR-PIB Poznań



Objawy wirusa żółtaczki rzepy (TuYV) w rzepak u ozimym:

- skartowacenie roślin
- zredukowana powierzchnia blaszki liściowej
- antocyjanowe przebarwienia na brzegach liści
- zredukowana liczba odgałęzień bocznych
- zredukowana liczba nasion w łuszczyńce
- wzrost zawartości glukozynolanów
- zmniejszona zawartość oleju
- redukcja plonu od 10% do nawet 50%



<https://www.tygodnik-rolniczy.pl/articles/uprawa/wirus-zoltaczki-rzepy-w-rzepaku/>

Test na obecność wirusa w rzepaku

Jednym ze sposobów potwierdzenia obecności patogenu jest test serologiczny Elisa. Polega on na tym, że na odpowiednio przygotowane płytki nanosi się sok z liści rzepaku, inkubuje i wywołuje reakcję barwną. Żółte zabarwienie pozwala jednoznacznie stwierdzić porażenie roślin.



Ochrona przed wirusem żółtaczki rzepy

- Stosowanie środków owadobójczych - niewielkie korzyści dla roślin, które już nabyły wirusa. Aż do 72% skrzydlatych mszyc brzoskwiowo-ziemniaczanych przenosi TuYV (Stevens i in., 1995; Stevens i in. al., 2008), niezwykle trudno jest zapobiec powszechnemu pierwotnemu zakażeniu roślin żywicielskich, nawet przy regularnym stosowaniu pestycydów.
- stosowanie biopestycydów lub biokontroli przy użyciu drapieżnych owadów (np. Biedronek, pasożytniczych os) lub grzybowych / bakteryjnych patogenów mszyc (Bhatia i in., 2011).
- Uprawa odmian rzepaku z odpornością na wirus żółtaczki rzepy (TuYV).

Odmiany rzepaku ozimego z odpornością na wirus żółtaczki rzepy (TuYV)

W KR zarejestrowanych w 2019 (15.08.2019) było 19 odmian. W badaniach rejestrowych znajdowały się 33 kreacje z deklarowaną odpornością na wirusa żółtaczki rzepy (TuYV):

Odmiana	Typ	Rok rejestracji	Hodowla	Odmiana	Typ	Rok rejestracji	Hodowla
Anniston	F1	2017	Limagrain	Smaragd	F1	2018	DSV
Architect	F1	2017	Limagrain	Ragnar	F1	2018	Saaten-Union
Absolut	F1	2018	Limagrain	Ambasador	F1	2019	Limagrain
Advocat	F1	2018	Limagrain	Artemis	F1	2019	Limagrain
Albrecht	F1	2018	Limagrain	Aurelia	F1	2019	Limagrain
Angelico	F1	2018	Limagrain	Attraction	F1	2019	Limagrain
Aspect	F1	2018	Limagrain	Dominator	F1	2019	DSV
Astana	F1	2018	DSV	Duke	F1	2019	DSV
Chopin	F1	2018	DSV	Dynamic	F1	2019	DSV
Prince	F1	2018	DSV	-----	-----	-----	-----

Mechanizmy odporności roślin

- Pierwszą barierą zabezpieczającą roślinę przed wywołaniem objawów chorobowych jest bariera fizyczna (ściana komórkowa, warstwa wosków, kutikula), natomiast drugą bariera chemiczna (związki anty-mikrobiologiczne).
- Pierwszym etapem odpowiedzi obronnej roślin jest rozpoznanie elicitorów: nieswoistych (PAMPów, DAMPów, MAMPów) oraz swoistych (efektorów). Rozpoznanie elicitorów nieswoistych przez gospodarza prowadzi do aktywacji odporności podstawowej lub tzw. odporności wyzwalanej PAMP'ami (PTI).
- Patogeny mogą jednak przewyciężyć odporność PTI, z tego powodu rośliny wykształciły drugą linię obrony, tzw. odporność wyzwalaną efektorami (ETI).
- Następnym etapem są kolejno zachodzące zmiany w komórkach: alkalizacja cytoplazmy przez gwałtowny napływ jonów wapnia, produkcja reaktywnych form tlenu oraz reaktywnych form azotu, aktywacja kaskady kinaz MAP, która prowadzi do aktywacji czynników transkrypcyjnych wpływających na ekspresję genów PR, produkcję etylenu, JA i SA, wzmocnienie ściany komórkowej roślin i indukcję syntezy związków antymikrobiologicznych.

(Wojtasik i Kulma, 2016)

- Mszyce w roślinie żywicielskiej dostarczają cząsteczek efektorowych, które zmieniają fizjologię gospodarza w celu ułatwienia kolonizacji. W wyniku badań śliny mszyc zidentyfikowano białka, które hamują podobne odpowiedzi obronne, jak efekторы bakteryjne lub grzybowe.

(Will i in., 2007; Mutti i in., 2008; Bos i in., 2010).

Badania nad odpornością na TuYV

W Niemczech przeprowadzono doświadczenia polowe i szklarniowe w celu zbadania potencjalnych źródeł odporności na TuYV z ponad 650 genotypów jarych i ozimych odmian rzepaku, linii hodowlanych i form zresyntetyzowanego *B. napus* (Graichen i Peterka, 1999). Wszystkie genotypy rzepaku były podatne na zakażenie TuYV, z wyjątkiem pojedynczej resyntetyzowanej linii rzepaku, R54. Linia ta została skrzyżowana z trzema różnymi wrażliwymi odmianami na TuYV. Kolejne rośliny potomne zostały przetestowane w warunkach polowych, pod kątem ich reakcji odporności na wirusa przez inokulację zainfekowanymi mszycami. Wyniki tych badań wykazały, że 15 linii potomnych było całkowicie wolnych od wirusa, podczas gdy inne wykazywały znacznie obniżone poziomy odporności. Rezystencja na TuYV z linii R54 była dziedziczna (Graichen i Peterka, 1999).

A major quantitative trait locus for resistance to Turnip Yellow Virus (TuYV, syn. beet western yellows virus, BWYV) in rapeseed

F. DREYER¹, K. GRAICHEN² and C. JUNG¹

¹ Institute of Crop Science and Plant Breeding, Christian-Albrechts-University of Kiel, Olshausenstrasse 40, D-24098 Kiel, Germany. E-mail: dreyer@plantbreeding.uni-kiel.de; ² Institute for Epidemiology and Resistance, Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants, Theodor-Roemer-Weg 4, D-06449 Aschersleben, Germany

With 2 figures and 2 tables

Received February 14, 2001/Accepted May 18, 2001

Communicated by W. E. Weber

Zidentyfikowano główny locus cechy ilościowej odporności linii R54 zaangażowany w oporność na TuYV. Opisano także markery molekularne, które można wykorzystać do wspomagania hodowli oporności na wirusa TuYV (Dreyer i in., 2001).

Do mapowania genów biorących udział w odporności na TuYV, użyto populacji podwojonych haploidów (235 linii) powstałych ze skrzyżowania resyntetyzowanej linii rzepaku (R54) jako dawcy odporności na TuYV z odmianą podatną rzepaku Express. Po analizach DNA (AFLP) zmapowano 143 polimorficzne markery.

Genetic analyses of the host-pathogen system *Turnip yellows virus* (TuYV)—rapeseed (*Brassica napus* L.) and development of molecular markers for TuYV-resistance

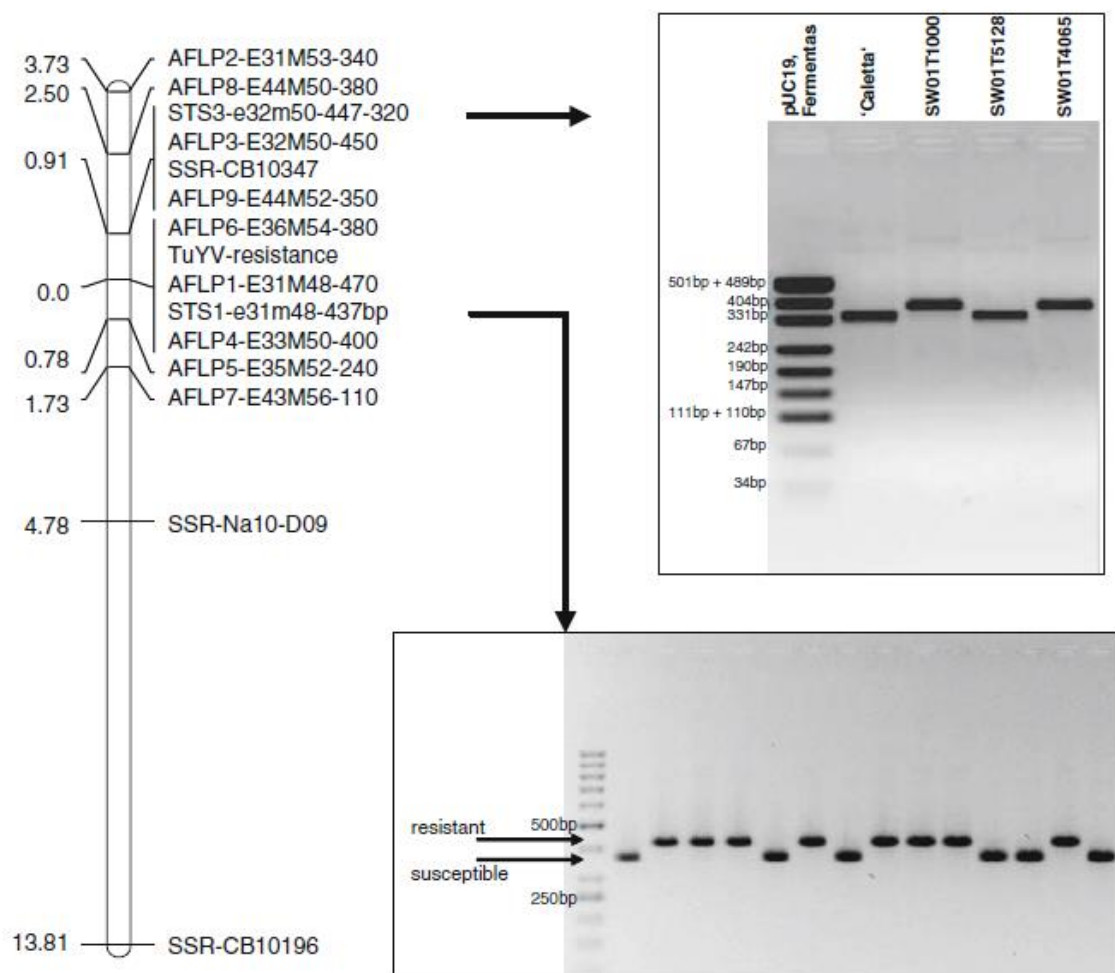
Monique Juergens · Claudia Paetsch · Ilona Krämer · Marc Zahn · Frank Rabenstein · Jörg Schondelmaier · Edgar Schliephake · Rod Snowdon · Wolfgang Friedt · Frank Ordon

Received: 11 February 2009 / Accepted: 21 October 2009 / Published online: 11 November 2009
© Springer-Verlag 2009

Zaproponowano hipotezy w odniesieniu do genetyki odporności na TuYV w resyntetyzowanej linii rzepaku „R54”:

- 1) niskie natężenie wirusa utrzymujące się do końca sezonu wegetacyjnego wynika z zidentyfikowanego dominującego genu głównego w połączeniu z obecnością wszystkich pozytywnych alleli „mniej ważnych” genów.
- 2) Wzrost koncentracji wirusa po zimie może wynikać z przełamania tłumienia rozwoju wirusa z powodu wzrostu temperatury podczas rozwoju rośliny po zimie. Ten proces może być spowolniony przez obecność dodatnich alleli innych loci oporności.
- 3) Rośliny z recesywnym allelem w odporności na TuYV nie są w stanie zahamować ani namnażania wirusa przed zimą, ani po zimie

Fig. 4 Genetic linkage of 9 AFLP markers, 2 STS markers and 3 SSR markers with the TuYV resistance locus, calculated on the basis of 111 DH lines. The numbers represent the genetic distance from the resistance locus in centimorgans




Analiza segregantów (BSA) dla locus odporności zidentyfikowała **dwa** ściśle powiązane markery **SSR** wraz z **sześcioma** ściśle powiązаныmi markerami AFLP i trzema markerami ko-segregującymi **AFLP**.

Dwa markery AFLP przekonwertowano na markery **STS**, które bardzo ułatwiają segregację roślin odpornych wrażliwych na TuYV.

(Jurgenes i in., 2009)



Identification and QTL mapping of resistance to Turnip yellows virus (TuYV) in oilseed rape, *Brassica napus*

Dieter Hackenberg¹  · Elvis Asare-Bediako¹ · Adam Baker¹ · Peter Walley² · Carol Jenner¹ · Shannon Greer¹ · Lawrence Bramham¹ · Jacqueline Batley³ · David Edwards³ · Regine Delourme⁴ · Guy Barker¹ · Graham Teakle¹ · John Walsh¹

Received: 16 August 2019 / Accepted: 24 October 2019
© The Author(s) 2019

Częściowo dominująca odporność na wirusa żółtek rzepy (TuYV) związana z jednym głównym QTL została zidentyfikowana w naturalnej odmianie rzepaku Yudal. Jest to pierwszy raport

Krzyżowania wsteczne linii DYDH z rodzicem Yudal lub Darmor ujawniły dominujące dziedziczenie odporności na TuYV.

QTL zweryfikowano na ChrA04 (qTUYVA4) w segregującej populacji BC1.

Drugi niewielki QTL na ChrC05 zidentyfikowano w jednym z dwóch eksperymentów DYDH i nie zaobserwowano go w populacji BC1.

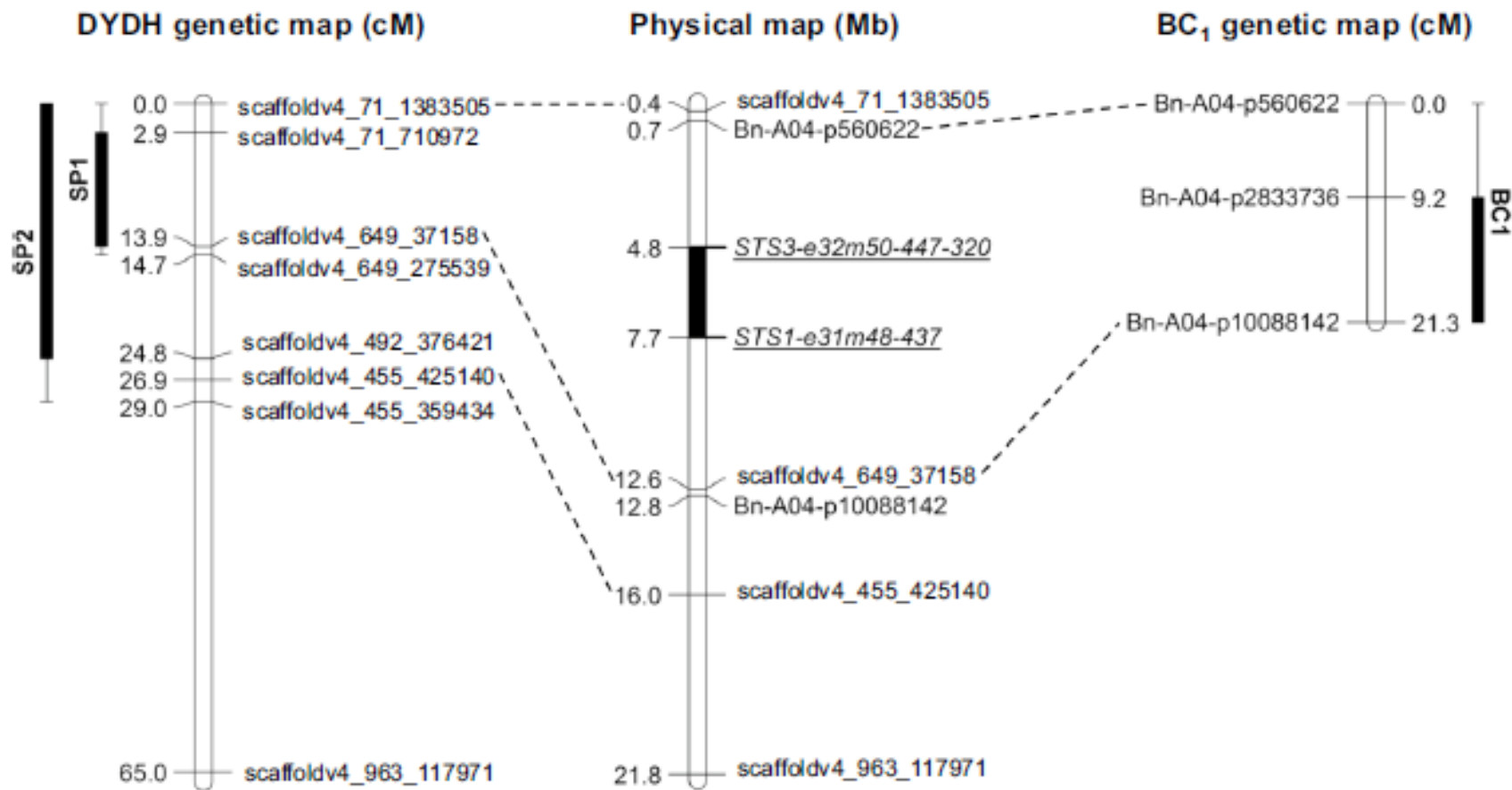


Fig. 4 Genetic linkage maps of ChrA04 from DYDH and BC₁ experiments and physical position of Turnip yellows virus (TuYV) resistance QTL on ChrA04 using the *Brassica rapa* genome assembly GCA_000309985.2 v3.0

Odporność QTL na TuYV w linii R54 mieści się w przedziale QTL na chromosomie ChrA04 podobnie jak w odmianie Yudal, jednak markery współsegregujące z opornością w resytetycznej linii R54 są inne.

Autorzy sugerują niezależne pochodzenie rezystancji na TuYV w odmianie Yudal.

(Hackenberg i in., 2019)

Badania dotyczące TuYV w IHAR-PIB, w Poznaniu

Dotacja Celowa Zadanie 3.6. (finansowanie MRiRW)

Wytwarzanie materiałów wyjściowych rzepaku odpornych na wirusa żółtaczkę rzepy (TuYV)

Cel zadania:

wyodrębnienie i przeniesienie odporności na wirusy TuYV do linii hodowlanych rzepaku przy wykorzystaniu krzyżowań form odpornych i nieodpornych wykazujących najwyższe parametry cech użytkowych. Badania te pozwolą na różnicowanie i selekcję form odpornych i nieodpornych *B. napus*, przydatnych dla hodowli rzepaku.

Harmonogram:

- Krzyżowanie form odpornych i nieodpornych rzepaku w warunkach polowych.
- Wysiew w warunkach szklarniowych odmian rzepaku oraz linii hodowlanych o deklarowanej odporności na TuYV.
- Wstępna ocena rezystencji *B. napus* przy użyciu testu Elisa, po inokulacji wektorami owadzimi (Instytut Ochrony Roślin – PIB, Klinika Chorób Roślin i Bank Patogenów)

Materiał badawczy wykorzystany do krzyżowań

(krzyżówki w 30 kombinacjach)

Linie rzepaku:

- STAR 1: 295(Br. X *Bn*) x 645TP/06 x Lisek (7D/16) x (79 bt/19)
- STAR 2: 295(Br. X *Bn*) x 645TP/06 x Lisek (7D/16) x MEN23A/17/19
- STAR 2A: (*B.n.* CMS x *B. juncea*) x *B.n.* (2141/11)
- STAR 3: 301(Choryń x *Bn*) x Dig /06 x Calif (3D/16)xMEN21A/17x A/18 x Men
- STAR 4: 10 Tau x *B.n.*/10 (18A/15) x Men /18x
- STAR 5: Mieszanina pojedynków z 3 linii żółtych (cyt. jarmużu)

Odmiany:

- Astana
- Aurelia
- Temptation



Najważniejsze gospodarczo chorobotwórcze patogeny rzepaku w warunkach klimatycznych Polski

- *Leptosphaeria maculans* (Desm.) Ces. et de Not., stadium konidialne *Phoma lingam* (Tode ex Fr.) Desm. - patogen powodujący suchą zgniliznę roślin kapustnych.
- *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary - zgnilizna twardzikowa.
- *Alternaria* spp. - czerń krzyżowych.
- *Pyrenopeziza brassicae* (Raw.), stadium konidialne
- *Cylindrosporium concentricum* (Grev.) - cylindrosporioza.
- *Verticillium dahliae* Kleb. i *Verticillium albo-athrum* Reinke et Berth. - wercilioza.
- *Botrytinia fuckeliana* (de Bary) Whetzel, stadium konidialne
- *Botrytis cinerea* Pers. - szara pleśń.
- *Peronospora brassicae* Gam. - mączniak rzekomy kapustnych.
- *Erysiphe cruciferarum* Opiz ex Junel. - mączniak prawdziwy.
- *Pseudocercospora capsella* - patogen powodujący białą plamistość liści.
- *Plasmodiophora brassicae* Woronin – pierwotniak kiła kapusty.

Najważniejsze gospodarczo chorobotwórcze patogeny rzepaku w warunkach klimatycznych Polski

Patogen pierwotniak:

Plasmodiophora brassicae Woronin - kiła kapusty.

- *Xantomonas campestris*, pv. *Campestris* (Pammel) Dowson - czarna zgorzel kapustnych.
- *Phytoplasma* - fitoplazmy, patogen powodujący zniekształcenia roślin rzepaku - fyllodiozy.
- *Pseudomonas viridiflawa*

Patogeny pochodzenia wirusowego:

- *Turnip Yellow Virus*, TuYV - wirus żółtaczki rzepy.
- *Cauliflower Mosaic Virus*, CaMV - wirus mozaiki kalafiora.

Najgroźniejsze patogeny rzepaku

Patogeny pochodzenia grzybowego:

**Fot. 1. *Leptosphaeria maculans*
(Desm.) Ces. et de Not.,**

stadium konidialne

Phoma lingam

(Tode ex Fr.) Desm. -

**patogen powodujący suchą
zgniliznę kapustnych**





Badania odporności *B. napus* na
Plasmodiophora brassicae



Zgnilizna twardzikowa
Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary

