***Nr zadania:***

**SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE**

**z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2022 roku**

**A. INFORMACJE OGÓLNE**

|  |
| --- |
| Tytuł zadania: **Rdza żółta (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*): struktura populacji grzyba, identyfikacja loci odporności w pszenicy zwyczajnej, pszenicy durum i pszenżycie oraz wprowadzenie efektywnych genów odporności do materiałów hodowlanych** |
| Numer zadania*: (w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 29 lipca 2015 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. poz. 1170. z późn. zm.)* |
| Numer zadania w planach IHAR-PIB: **3-1-00-3-02** |
| Planowany okres realizacji zadania: **2022 r.** |
| Planowane nakłady w zł: **366 800 zł,** |
|

**B. DANE WNIOSKODAWCY**

|  |
| --- |
| Imię i nazwisko osoby reprezentującej jednostkę badawczą, (tytuł lub stopień naukowy, stanowisko, nazwa i adres jednostki badawczej, telefon, fax)  **Dr inż. Michał Rokicki**  **Dyrektor IHAR-PIB**  **Radzików**  **05-870 Błonie**  **Tel.: 22/ 733 45 02**  **Fax: 22/ 733 45 05** |

**C. INFORMACJA O WYKONAWCACH**

1. Zespół badawczy

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| kierownik zadania | | |
| imię i nazwisko | stopień i tytuł naukowy | miejsce zatrudnienia |
| Paweł Cz. Czembor | dr hab., prof. Instytutu | Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| wykonawcy zadania | | |
| imię i nazwisko | stopień i tytuł naukowy | miejsce zatrudnienia |
| Dariusz Mańkowski | dr hab., prof. Instytutu | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| Urszula Piechota | dr, adiunkt | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| Grzegorz Czajowski | Dr, st. specjalista | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| Dominika Piaskowska | Mgr, asystent | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| Magdalena Radecka-Janusik | dr inż., adiunkt | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |
| Piotr Słowacki | dr inż., asystent | IHAR -PIB, Zakład Biologii Stosowanej |

2. Kierownik zadania

**Paweł Cz. Czembor**, dr hab., prof. Instytutu

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, IHAR-PIB, Radzików, 05-870 Błonie

tel. 22 7334555; e-mail: p.czembor@ihar.edu.pl

tel. sekretariat IHAR-PIB 22 7334502

Osoba do kontaktu w razie nieobecności kierownika zadania:

**Piotr Słowacki**, dr, asystent

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, IHAR-PIB, Radzików, 05-870 Błonie

tel. 22 7334554; e-mail: p.slowacki@ihar.edu.pl

**D. OPIS ZADANIA**

* + 1. Cele zadania

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Lp. | Cel | Czy cel został zrealizowany (tak/nie[[1]](#footnote-1)/częściowo1) |
| 1 | Analiza struktury populacji (w tym zdolności chorobotwórczych) grzyba P. striiformis f. sp. tritici (sprawcy rdzy żółtej zbóż i traw) na pszenżycie, pszenicy zwyczajnej | tak |
| 2 | Identyfikacja genów odporności Yr na rdzę żółtą w kolekcji odmian i linii pszenżyta i pszenicy zwyczajnej | tak |
| 3 | Wprowadzenie efektywnych loci odporności na Pst do materiałów hodowlanych pszenżyta i pszenicy zwyczajnej metodą krzyżowań wspomaganych markerami molekularnymi | tak |

2. Harmonogram realizacji zadania

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Lp. | Nazwa tematu badawczego | Termin rozpoczęcia – zakończenia realizacji tematu badawczego w miesiącach od rozpoczęcia realizacji zadania | Przewidywane koszty realizacji tematu  badawczego |
| 1 | Analiza patogeniczności Pst | 1-12 | 87 500 |
| 2 | Genotypowanie i fenotypowanie odporności na Pst dla pszenicy i pszenżyta w stadium siewki i rośliny dorosłej (zakażanie Pst i ocena odporności doświadczenia polowego - 1 oraz założenie doświadczenia polowego - 2) | 1-12 | 136 800 |
| 3 | Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC1 i uzyskanie F1BC2 | 1-12 | 142 500 |
| Razem | | | 366 800 |

**3. Opis tematów badawczych**

**3. 1. Temat badawczy 1: Analiza patogeniczności Pst**

**Cel tematu badawczego 1**

Celem tematu badawczego 1 była analiza wirulencji oraz określenie profilu molekularnego *izolatów P. striiformis* f. sp. *tritici* wyprowadzonych z próbek porażonych liści zebranych w roku 2022 w różnych lokalizacjach w Polsce.

**Cel został osiągnięty w 100%.**

**Materiały i metody**

* **Izolaty *Puccinia striiformis***

W temacie wykorzystano 44 izolaty *Puccinia stiiformis* f.sp. *tritici* (Pst) wyprowadzone z prób porażonych liści i kłosów. Próby pozyskano z sześciu miejscowości: Radzików (11), Kobierzyce (14), Smolice (10), Kopaszewo (1), Antoniny (3) i Strzelce (5) z następujących gatunków: pszenicy zwyczajnej (24) oraz pszenżyta (20).

* **Analiza molekularna izolatów *Puccinia striiformis***

W celu prowadzenia analiz molekularnych wyizolowano DNA z badanych 44 izolatów Pst za pomocą zestawu Qiagen DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN Group) zgodnie z procedurą producenta. Analizę profili SSR prowadzono w reakcji muliplex-PCR z wykorzystaniem zestawu starterów znakowanych fluorescencyjnie dla 19 loci: RJN13, RJ2N, WU-6, RJ10N, RJ20, RJN8, WU-12, RJN3, RJO21, RJN12, RJO27, RJO24, RJ18, RJN11, RJO4, RJ5N, RJ4N, RJN6, RJ9N (Ali i in. 2011). Produkty PCR rozdzielano elektroforetycznie (sekwenator kapilarny ABI 3130XL) i analizowano z wykorzystaniem programu GeneMarker 3.0 (SoftGenetics). Przypisanie izolatów do ras dokonano za pomocą przyrównania do profili izolatów referencyjnych z wykorzystaniem metody odległości euklidesowej i grupowania Warda (Ward 1963) w programie R.

Analizę molekularną badanych izolatów prowadzono według procedury MARPLE (Mobile And Real-time PLant disEase; Radhakrishnan i in. 2019), czyli sekwencjonowania celowanego specyficznych miejsc genomu Pst. W tym celu prowadzono reakcje multiplex-PCR z wykorzystaniem 395 par starterów (Sounders D., John Innes Centre, W. Brytania; dane niepublikowane). Mieszaniny poreakcyjne oczyszczano z wykorzystaniem kulek paramagnetycznych (KAPA Pure Beads, Roche) i kwantyfikowano fluorymetrycznie z wykorzystaniem fluorymetru (Qubit 3, Invitrogen) według procedury producenta. Przygotowano biblioteki do sekwencjonowania z wykorzystaniem zestawów Rapid Barcoding Kit i Rapid Sequencing Kit (Oxford Nanopore Technologies, W. Brytania) zgodnie z procedurą producenta. Sekwencjonowanie prowadzono na platformie MinION (Oxford Nanopore Technologies, W. Brytania). Odczytanie sekwencji i wstępną analizę czystości i jakości uzyskanych danych prowadzono w programie MinKNOW (Oxford Nanopore Oxford Nanopore Technologies, W. Brytania). Analizy zmienności pomiędzy badanymi izolatami Pst oraz przypisanie ich do grup genetycznych prowadzono w dedykowanym skrypcie MARPLE w środowisku Python (Radhakrishnan i in. 2019).

* **Analiza wirulencji izolatów *Puccinia striiformis***

Analizę wirulencji wykonano dla 27 izolatów Pst. W tym celu w warunkach kontrolowanych komory klimatycznej wysiano standardowy zestaw różnicujący 20 odmian/linii zawierających znane geny odporności *Yr* zgodnie z metodyką opisaną przez Hovmøller (2007) (Tabela 1). Rośliny były inokulowane w stadium drugiego liścia zawiesiną zarodników Pst (50mg/10ml wody) przy użyciu atomizera. Po zakażaniu rośliny pozostawiono na 24 godz. w ciemności w temperaturze 8°C i wilgotności względnej 100% . Po około 16 dniach od inokulacji oceniano typ reakcji pierwszego i drugiego liścia wg. skali 0–9 (McNeal 1971), gdzie 0–4 odpowiada reakcji odporności, 5–6 pośredniej, natomiast 7–9 podatnej.

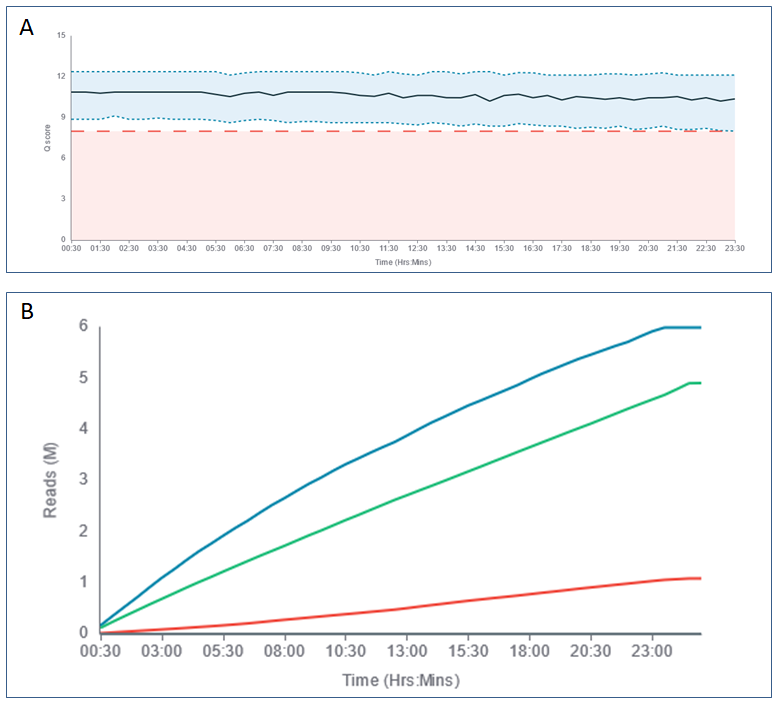
Tabela 1. Zestaw 20 odmian/linii zawierających znane geny odporności *Yr* różnicujący profil wirulencji izolatów *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*.

| 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 |

**Wyniki**

* **Identyfikacja linii genetycznych i ras izolatów Pst**

Przeprowadzone analizy SSR ujawniły występnowanie 51 alleli w 19 analizowanych loci. Sekwencjonowanie celowane (platforma MinION) pozwoliło uzyskać przynajmniej 700 000 odczytów na próbę a wygenerowane sekwencje były dobrej jakości (mediana parametru QC>8) (Rysunek 1).



Rysunek 1. Analiza jakości danych sekwencyjnych DNA Pst uzyskanych na platformie MinION i programie MinKNOW dla 5 izolatów. A) Wykres parametru jakości QC w czasie prowadzenia sekwencjonowania. B) Kumulatywny wykres ilości otrzymanych odczytów w czasie przebiegu sekwencjonowania.

Na podstawie analiz molekularnych przypisano badane izolaty do linii genetycznych. Wykazano, że 13 izolatów należy do linii genetycznej PstS4, trzy izolaty – PstS8, osiem izolatów – PstS10, 18 izolatów – PstS13 oraz 6 izolatów nie przypisanych do żadnej z linii genetycznych (Pst?). Wyniki typowania ras badanych izolatów uzyskane na podstawie testów fitopatologicznych były spójne z typowaniem na podstawie wyników analiz molekularnych (Tabela 2).

Tabela 2. Linie genetyczne i rasy przypisane dla poszczególnych izolatów Pst.

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Lp. | Izolat | Miejscowość | Gospodarz | Linia genetyczna1 | Rasa (test fitopatologiczny) | Rasa (nazwa zwyczajowa) |
| 1 | Pst22\_1 | Kobierzyce | pszenica | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 2 | Pst22\_2 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 3 | Pst22\_3 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst4 | Nb.2 | Triticale aggressive |
| 4 | Pst22\_4 | Kobierzyce | pszenica | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 5 | Pst22\_5 | Kobierzyce | pszenica | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 6 | Pst22\_6 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst4 | Nb. | Triticale aggressive |
| 7 | Pst22\_7 | Kobierzyce | pszenica | Pst? | Nb. |  |
| 8 | Pst22\_8 | Kobierzyce | pszenica | Pst4 | Nb. | Triticale aggressive |
| 9 | Pst22\_9 | Kobierzyce | pszenica | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 10 | Pst22\_10 | Kobierzyce | pszenica | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 11 | Pst22\_12 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 12 | Pst22\_14 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst4 | Nb. | Triticale aggressive |
| 13 | Pst22\_15 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 14 | Pst22\_16 | Kobierzyce | pszenżyto | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 15 | Pst22\_17 | Smolice | pszenżyto | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 16 | Pst22\_18 | Smolice | pszenica | Pst? | Pst? |  |
| 17 | Pst22\_19 | Smolice | pszenżyto | Pst13 | Nb. | Triticale2015 |
| 18 | Pst22\_20 | Smolice | pszenica | Pst13 | Nb. | Triticale2015 |
| 19 | Pst22\_21 | Smolice | pszenżyto | Pst10 | Nb. | Warrior(-) |
| 20 | Pst22\_23 | Smolice | pszenica | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 21 | Pst22\_24 | Smolice | pszenica | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 22 | Pst22\_25 | Smolice | pszenica | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 23 | Pst22\_28 | Smolice | pszenica | Pst? | Pst? |  |
| 24 | Pst22\_30 | Smolice | pszenica | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 25 | Pst22\_33 | Radzików | pszenżyto | Pst13 | Nb. | Triticale2015 |
| 26 | Pst22\_34 | Radzików | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 27 | Pst22\_35 | Radzików | pszenica | Pst13 | Nb. | Triticale2015 |
| 28 | Pst22\_36 | Radzików | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 29 | Pst22\_37 | Radzików | pszenżyto | Pst13 | Nb. | Triticale2015 |
| 30 | Pst22\_39 | Radzików | pszenżyto | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 31 | Pst22\_40 | Radzików | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 32 | Pst22\_42 | Radzików | pszenica | Pst? | Pst? |  |
| 33 | Pst22\_47 | Radzików | pszenica | Pst10 | Nb. | Warrior(-) |
| 34 | Pst22\_48 | Radzików | pszenica | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 35 | Pst22\_66 | Kopaszewo | pszenica | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 36 | Pst22\_72 | Antoniny | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 37 | Pst22\_78 | Antoniny | pszenżyto | Pst? | Pst? |  |
| 38 | Pst22\_79 | Antoniny | pszenżyto | Pst13 | Pst13 | Triticale2015 |
| 39 | Pst22\_81 | Radzików | pszenżyto | Pst4 | Pst4 | Triticale aggressive |
| 40 | Pst22\_92 | Strzelce | pszenica | Pst8 | Nb. | Kranich |
| 41 | Pst22\_94 | Strzelce | pszenica | Pst8 | Pst8 | Kranich |
| 42 | Pst22\_95 | Strzelce | pszenica | Pst10 | Pst10 | Warrior(-) |
| 43 | Pst22\_97 | Strzelce | pszenica | Pst8 | Nb. | Kranich |
| 44 | Pst22\_98 | Strzelce | pszenica | Pst? | Nb. |  |

1 – oznaczenie linii genetycznej wg. nomenklatury Global Rust Reference Centre

(https://agro.au.dk/forskning/internationale-platforme/wheatrust/)

2 – nie badano.

**Dyskusja**

Wykonane analizy molekularne i fitopatologiczne pozwoliły zidentyfikować rasy występujące na terenie Polski. Identyfikacja ras za pomocą analiz molekularnych była wysoce skuteczna. Uzyskano jednoznaczny wynik przypisania do rasy w przypadku 38 izolatów spośród 44 badanych. Dodatkowo wyniki typowania uzyskane na drodze molekularnej i fitopatologicznej były ze sobą w 100% zgodne.

Populacja patogenu występująca w 2022 r. na terenie Polski była niejednorodna genetycznie. Pośród zebranych prób zidentyfikowano przynajmniej cztery rasy (PstS13, PstS10, PstS4 oraz PstS8). W strukturze populacji dominowała rasa PstS13 o zwyczajowej nazwie Triticale2015 (41% izolatów), która pochodzi z pszenżyta. Połowa izolatów pobranych z pszenżyta (10 izolatów spośród 20) przypisano do tej rasy. Natomiast izolaty pobrane z pszenicy reprezentowały wszystkie zidentyfikowane rasy.

Izolaty których nie przypisano do żadnej z ras grupują się w jedną pulę inną niż izdentyfikowane dotychczas izolaty rdzy żółtej. Izolaty te mogą w przyszłości zostać przypisane do nowej nieopisanej dotąd rasy. Struktura odmian uprawianych lokalnie wpływa na selekcję ras w strukturze populacji loklanej patogenu. Miarą zagrożenia plantacji zbóż ze strony patogenu może być częstość i szybkość rozprzestrzeniania się nowych ras grzyba. Z tego powodu monitoring populacji patogenu oraz wiedza o jej strukturze genetycznej jest bardzo istotna z punktu widzenia ochrony upraw i hodowli odpornościowej (Hovmøller i in. 2016).

**Wnioski**

1. Populacja Pst występująca na terenie Polski nie jest jednorodna.
2. Rasą dominującą w Polsce w 2022 r. była PstS13, która pochodzi z pszenżyta.
3. Techniki identyfikacji molekularnej ras Pst wsparte typowaniem na podstawie testów fitopatologicznych są wysoce skuteczne i wiarygodne.
4. W 2022 r. pojawiły się izolaty Pst innej rasy niż dotąd identyfikowane.

**Mierniki dla tematu badawczego 1:**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Lp. | miernik | wartość miernika podana w opisie zadania | wartość miernika zrealizowana |
| 1.1 | Analiza wirulencji izolatów *P. striiformis* f. sp. *tritici* | co najmniej 27 izolatów | 27 |
| 1.2. | Analiza molekularna (genotypowanie) izolatów *P. striiformis* f. sp. *tritici* | co najmniej 44 izolatów | 44 |

**3.2 Temat badawczy 2: Genotypowanie i fenotypowanie odporności na Pst dla pszenicy i pszenżyta w stadium siewki i rośliny dorosłej (zakażanie Pst i ocena odporności doświadczenia polowego - 1 oraz założenie doświadczenia polowego - 2)**

**Cel tematu badawczego 2**

Celem tematu badawczego 2 była analiza reakcji na zakażanie *P. striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) zestawu linii/odmian pszenżyta oraz pszenicy zwyczajnej (w stadium siewki i rośliny dorosłej).

**Cel został zrealizowany w 100%.**

**Materiały i metody**

***Doświadczenia polowe***

Pierwszą serię doświadczeń polowych założono jesienią 2021 r. w trzech lokalizacjach: Radzikowie, Kobierzycach i Smolicach. W każdym doświadczeniu badano zestaw 282 genotypów pszenicy i pszenżyta w dwóch powtórzeniach wraz z dwoma odmianami wzorcowymi – Cartago i Marko. Rośliny w fazie liścia flagowego (Zadoks GS39) zakażano mieszaniną zarodników dwóch izolatów Pst (PstS13 i PstS10) zawieszoną w płynnym nośniku NOVEC 7100 (3M). Każdy z obiektów oceniano w skali 1–9 (1 – odporny, 9 – podatny) na podstawie procentu powierzchni liścia pokrytego urediniami Pst (Maccaferri i in. 2015). Ocena wykonano dwukrotnie pomiędzy fazą kwitnienia (Zadoks GS50) a dojrzałością późnomleczną (Zadoks GS77).

Jesienią 2022 r. założono drugą serię doświadczeń polowych w układzie jednorządkowym w dwóch rozlosowanych blokach powtórzeniowych ponownie w tych samych lokalizacjach: Radzików (IHAR-PIB), Kobierzyce (Małopolska HR) i Smolice (HR Smolice).

***Analizy statystyczne***

Przed przystąpieniem do analizy danych pochodzących z doświadczenia założonego jesienią 2021, obserwacje wyrażone w skali 9-stopniowej poddano transformacji logarytmicznej. W celu wykonania oceny wpływu/zróżnicowania badanych w doświadczeniach czynników (termin oceny, genotyp i lokalizacja) przeprowadzono syntetyczną analizę wariancji w niepełnym układzie krzyżowym. W celu szczegółowego opisania istotnych różnic analizę wariancji uzupełniono wynikami porównań wielokrotnych procedurą Tukeya-Kramera (Spjotvolla-Stoline’a) przy poziomie istotności α = 0,05. Analizy statystyczne wykonanow w pakiecie *Statistica* ver. 13.3 (TIBCO Software Inc., 2017) wyposażonej w dodatki – *Zestaw Plus* i *Zestaw Przyrodnika* (StatSoft Polska Sp. z o.o., 2022).

**Wyniki**

Wyniki analizy wariancji pozwoliły na stwierdzenie statystycznie istotnego zróżnicowania pomiędzy kolejnymi terminami pomiarów (F = 416,01; p = 0,0000). Istotne różnice występowały również pomiędzy badanymi genotypami (F = 12,79; p = 0,000). Stwierdzono także występowanie istotnej interakcji drugiego stopnia pomiędzy genotypami i lokalizacją (F = 4,11; p = 0,000). Nie stwierdzono natomiast istotnego efektu głównego dla porównywanych lokalizacji (F = 2,15; p = 0,1167).

Porównując terminy oceny stwierdzono, że istotnie wyższą ocenę odnotowywano, niezależnie od genotypu i lokalziacji, w drugim (późniejszym) terminie oceny (średnia ocen = 2,44) niż w przypadku pierwszego (wcześniejszego) terminu (średnia ocen = 1,97).

Porównania wielokrotne dla średnich brzegowych (poprzez terminy i lokalizacje) dla badanych genotypów ujawniły podział badanych obiektów na 48 grup jednorodnych. Poniżej przedstawiono klasyfikację badanych genotypów do 3 grup (o istotnie najniższych ocenach, o istotnie najwyższych ocenach i o ocenach pośrednich).

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Genotypy o istotnie najniższych ocenach (średnia ocena: 0,67 – 2,25) | Genotypy o ocenach pośrednich (średnia ocena: 2,58 – 4,08) | Genotypy o istotnie najwyższych ocenach (średnia ocena: 4,42 – 8,33) |
| *Symetria, Gentelmen, KBP 20.70, SU Viedma, SY Dubaj, SY Yukon, Triticale Danko 25, POB 0520, PHR 2, STH 4, POB 0820, STH 3, PHR 21, Stelvio, SY Orofino, POB 1220, POB 0720, Triticale Danko 35, MHR Promienna, SMH 320, Godnik, Kasyno, STH 23, STH 20, STH 2, RGT Metronom, PHR 6, DD 6, PHR 17, Triticale Danko 7, SMH 140, POB 0620, PHR 26, PHR 11, STH 5, Triticale HRS 42, LG Kermik, STH 26, STH 19, KBP 20.71, KBP 19.44, STH 24, SMH 25, Impresja, Triticale Danko 27, PHR 1, SMH 205, STH 21, RGT Bilanz, PHR 24, PHR 8, KWS Talium, Błyskawica, STH 11, Sikorka, Triticale HRS 57, STH 7, STH 18, STH 12, STH 9, SMH 214, STH 15, Triticale HRS 38, Triticale Danko 8, PHR 23, Triticale Danko 33, Triticale Danko 1, STH 25, Triticale HRS 51, DNKO62, KWS Dakotana, Triticale Danko 26, Triticale HRS 44, KBP 19.26, SMH 312, PHR 3, Hondia, KWS Donovan, Corado, KBP 19.13, STH 17, Patras, DD 2, SU Liborius, PHR 15, SU Tarroca, KBP 20.68, Apostel, SU Mangold, STH 22, KBP 19.41, Triticale HRS 47, Triticale HRS 40, SMH 489, STH 16, STH 6, MIB\_9716, POB 1120, RGT Specjalist, DC 17673, POB 0420, SMH 280, SMH 216, MIB\_9187, KBP 18.16, Damian, Franz, Triticale Danko 4, STH 14, Triticale HRS 52, STH 10, SMH 289, DL 1095/17, Sfera, PHR 22, KWS Universum, DD 5, Triticale Danko 34, STH 13, SMH 206, PHR 12, Euforia, Triticale Danko 16, Triticale HRS 46, MIB\_18624, Panaso, Triticale Danko 28, Triticale Danko 17, Moschus, Bosporus, POB 1020, Triticale Danko 24, Triticale HRS 71, PHR 5, Comandor, SMH 201, Triticale HRS 39, PHR 25, SY Cellist, Triticale HRS 62, PHR 13, Triticale Danko 6, Sekret, DC 16246, Triticale Danko 36, Triticale Danko 10, DD 1, Triticale Danko 14, PHR 10, DD 4, Medalion, Lawina, Hybery, Triticale Danko 32, Linus, DL 1274/17, Trefl, DL 1081/17, Triticale HRS 48, SMH 29, DNKO65, SMH 488, Triticale HRS 37, DC 16162, Triticale Danko 11, Triticale HRS 45, Kariatyda, SMH 230, Triticale Danko 5, Freja, Triticale Danko 19, MIB\_18265, MIB\_18203, Dolindo, Triticale Danko 21, STH 1, DL 1345/17, MIB\_9168, Lokata, Carmelo, PHR 18, DD 3, Ambicja, Opcja, RGT Kilimanjaro, PHR 16, DD 7, SMH 291, Argument, PHR 7, Tonnage, Temuco,Triticale HRS* *54* | *Bataja, Triticale HRS 43, SMH 60, KBP 19.1, SMH 264, Venecja, Triticale HRS 67, Triticale HRS 72, Triticale Danko 13, Triticale Danko 12, DC 17962, SMH 18, RGT Provision, SMH 302, Triticale HRS 69, Meloman, Triticale Danko 3, DC 16047, STH 8, Porto, Triticale HRS 64, Riposta, Triticale HRS 68, DC 171051-6, Owacja, Titanus, Triticale HRS 50, SMH 250, Rivero, Medalistka, SMH 284, POB 0320, PHR 20, Grana, Triticale HRS 49, Triticale HRS 63, Belcanto, Octavio, Triticale Danko 30, Admont, Triticale HRS 70, Triticale HRS 41, DC 17132, POB 0920, Artist, PHR 9, Triticale Danko 22, Triticale Danko 20, PHR 14, PHR 4, SMH 254, Frisky, Triticale Danko 15, Triticale HRS 66, PHR 19, SMH 210, Avokado, Triticale Danko 29, RGT Ritter, Formacja, Triticale HRS 55* | *DL 1141/17, Toro, DNKO68, KBP 19.18, Tadeus, Borowik, Plejada, Triticale HRS 65, Belissa, Triticale HRS 61, Triticale HRS 53, DC 3524/15, DC 17705-6, Triticale Danko 2, Orinoko, HRSM 940, Fredro, Triticale HRS 58, Opoka, Triticale Danko 23, Triticale Danko 31, Rotondo, Triticale HRS 56, HRSM 937, Triticale HRS 60, Triticale Danko 9, Triticale HRS 59, Triticale Danko 18* |
| Liczba genotypów pszenicy (n = 190) | | |
| 144 | 35 | 11 |
| Liczba genotypów pszenżyta (n = 92) | | |
| 49 | 26 | 17 |

Nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy średnimi brzegowymi ocen w lokalizacjach.

Ocena porównań wielokrotnych dla efektu interakcyjnego drugiego stopnia genotyp × lokalizacja pozwoliła na wydzielenie 18 grup jednorodnych średnich dla badanych kombinacji.

**Dyskusja**

Mieszanina izolatów (PstS13 i PstS10) wykorzystanych do zakażenia doświadczenia polowego, była potencjalnie awirulentna względem następujących znanych genów *Yr*: 5, 10, 15, 24, 27 i Amb. Natomiast nie znana jest ich reakcja względem genów o charakterze ilościowym. Wśród genów głównych, *Yr5* i *Yr15* należą do najbardziej efektywnych, ponieważ jak dotąd w Europie i w większości innych rejonów świata nie zanotowano wirulentnych izolatów Pst względem tych genów (Sharma-Poudyal i wsp. 2013). Niemniej jednak, w odmianach uprawianych w Polsce można je było spotkać raczej sporadycznie lub wcale. W badaniach Radeckiej-Janusik i in. (2017) analizowano odporność w stadium siewki 83 odmian pszenicy ozimej (Krajowa lista opisowej odmian COBORU, 2013) na zakażanie izolatem rasy ‘Warrior’ (PstS7). Tylko 6 odmian wykazywało reakcję odporności (ocena 0-4). W przypadku 9 odmian zaobserwowano odporność pośrednią (ocena 5–6), natomiast 67 odmian było podatnych (ocena 7–9). Wśród badanych odmian tylko jedna odmiana, Belenus zawierała gen odporności *Yr15*, jeden z efektywnych genów na Pst (Radecka-Janusik i in. 2017). W przypadku badanej grupy 282 odmian pszenicy i pszenżyta, wraz z dwoma odmianami wzorcowymi, wyłoniono grupę 193 odmian wykazujących reakcje odpornościową. Możliwe, że ich reakcja w głównej mierze jest warunkowana genami głównymi lub ewentualnie skumulowaną reakcją genów ilościowych. Wyniki doświadczeń polowych odporności na rdzę żółtą dla 230 odmian pszenicy ozimej pochodzących z północnej i środkowej Europy wykonanych na potrzeby mapowania asocjacyjnego, wykazały bardzo szeroki zakres reakcji (procent porażenia liści) od 0 do 87,5%, przy czym cztery linie hodowlane i cztery odmiany (Gentelman, Tobak, Sinatra i Mariboss) były zupełnie odporne we wszystkich doświadczeniach (Shahinnia i wsp. 2022). Wśród badanych genotypów pszenicy, postulowano występowanie genów Yr5/YrSp, Yr44, Yr62 i Yr18, przy czym wskazywano na gen Yr5, który warunkował całkowitą odporność na rdzę zółtą (Shahinnia i wsp. 2022). Dodatkowo wykryto loci o charakterze ilościowym (qYrA), opisywane wcześniej przez Loserta i wsp. (2017) dla panelu 919 odmian i linii hodowlanych pszenżyta. W tej pracy zidentyfikowano dodatkowo dwa QTL, które jeśli wystepowały razem, to warunkowały niemal całkowitą odporność na Pst, przy czym w tskiej kombinacji były obecne tylko w 5% badanych genotypów pszenżyta (Loserta i wsp. 2017).

**Wnioski**

1. Nie stwierdzono zróżnicowania w reakcji genotypów pomiędzy badanymi lokalizacjami.
2. Wyodrębniono 193 genotypy cechujące się istotnie najniższymi ocenami z zakresu 0,67-2,25 – najbardziej odpornych
3. Wyodrębniono 28 genotypów cechujących się istotnie najwyższymi ocenami z zakresu 4,42-8,33 – najbardziej podatnych.

**Mierniki dla tematu badawczego 2:**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Lp. | miernik[[2]](#footnote-2) | wartość miernika podana w opisie zadania | wartość miernika zrealizowana |
| 2.1 | Ocena reakcji pszenicy i pszenżyta na zakażenie *P. striiformis* f. sp. *tritici* w pierwszej serii doświadczeń polowych | 282 obiektów | 282 |
| 2.2 | Założenie drugiej serii doświadczeń polowych do oceny reakcji pszenicy i pszenżyta na zakażanie *P. striiformis* f. sp. *tritici* | 282 obiektów | 282 |

**3.3 Temat badawczy 3:** **Analizy molekularne pszenicy i pszenżyta dla pokolenia F1BC1 i uzyskanie F1BC2**

**Cel tematu badawczego 3**

Celem tematu badawczego 3 jest wprowadzenie efektywnych loci odporności na Pst do materiałów hodowlanych pszenicy i pszenżyta metodą krzyżowań wspomaganych markerami molekularnymi. Celem szczegółowum na rok 2022 była selekcja molekularna roślin pokolenia F1BC1 i uzuskanie ziarna pokolenia F1BC2 dwóch kombinacji krzyzówkowych.

**Cel został zrealizowany w 100%.**

**Materiały i metody**

Materiałem wykorzystanym w Temacie 3 było ziarno pokolenia F1BC1 kombinacji krzyżówkowych UC1110 × Kariatyda (pszenica) oraz Kasyno × Mondeo (pszenżyto) uzyskane w poprzednim roku prowadzenia badań.

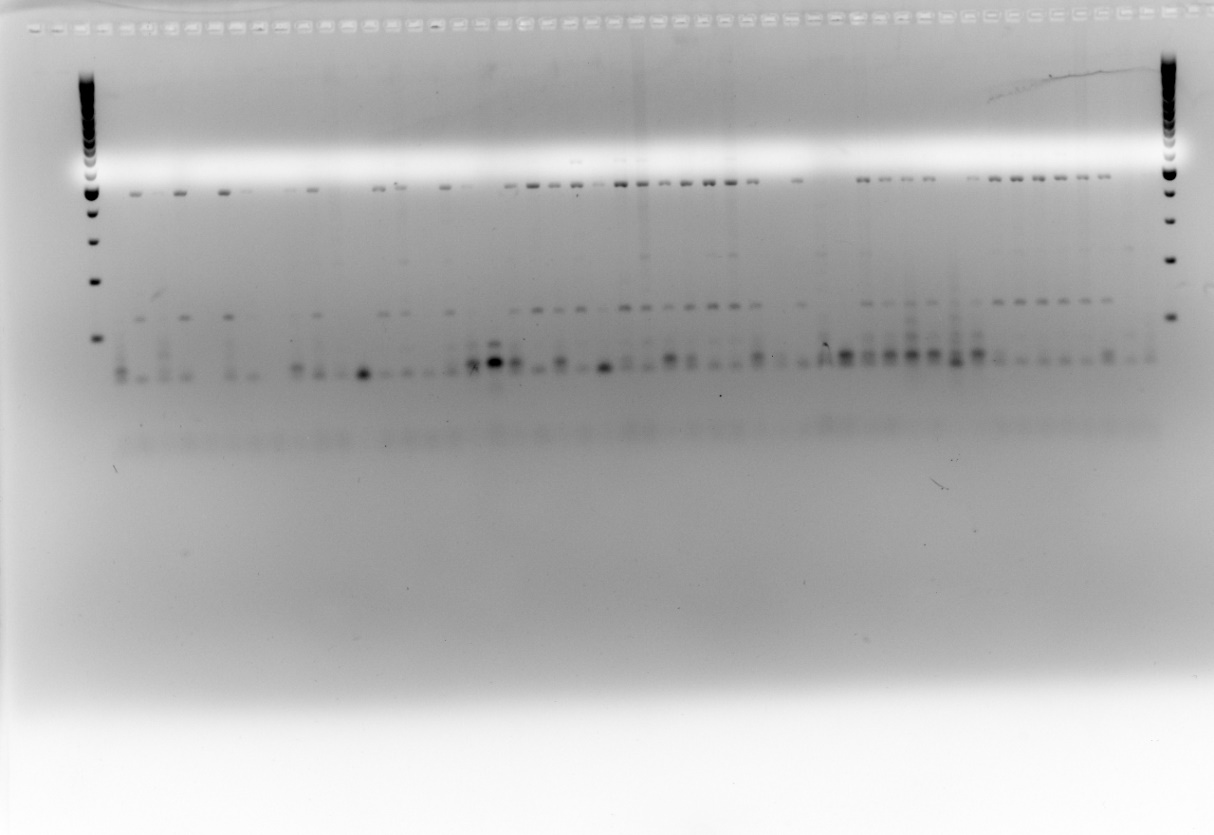
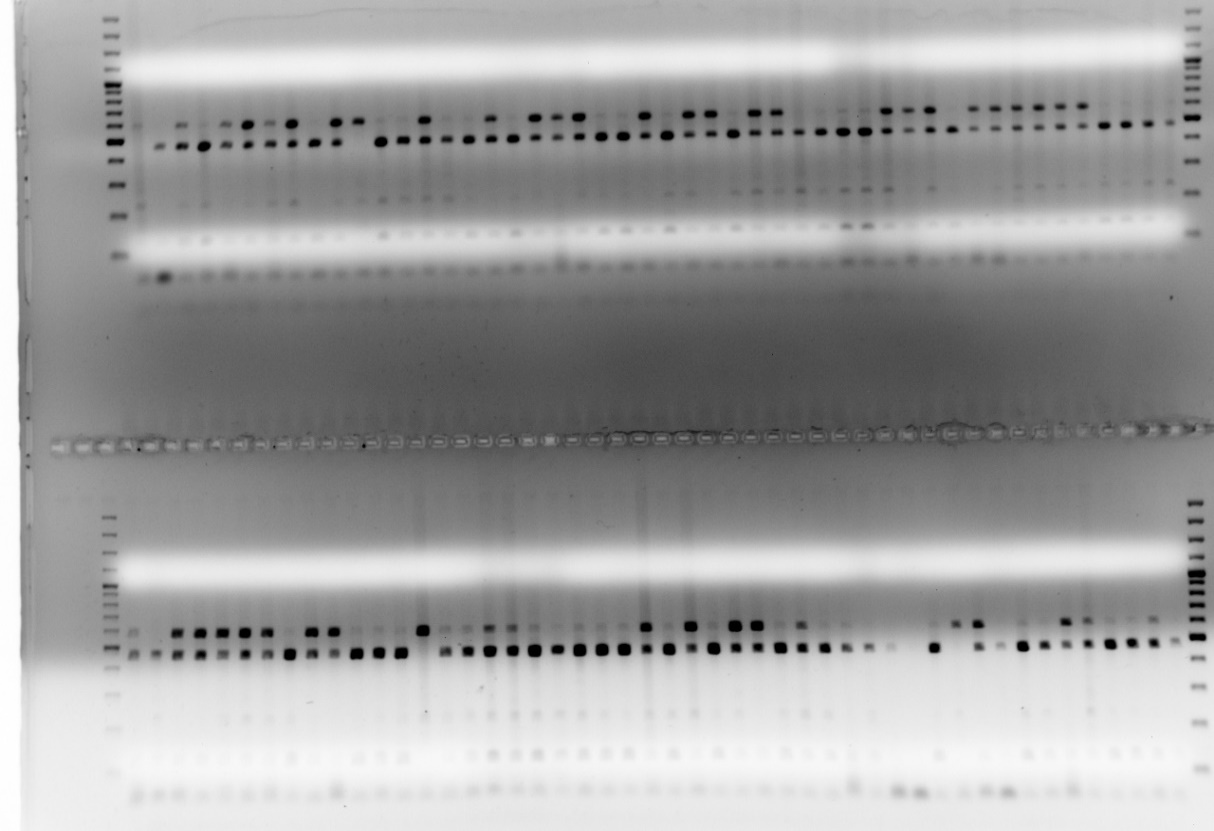
Ziarno wysiano w warunkach fitotronowych celem pozyskania tkanki do izolacji DNA. Izolację wykonano wedłóg procedury CTAB (Murray i Thompson 1980). Koncentrację i czystość uzyskanego DNA oceniono z wykorzystaniem spektrofotometru NanoDrop 1000 (ThermoScientific). Prowadzono reakcje PCR z użyciem starterów dla markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności: KASP-Yr5-Positive+Common(*Yr*5) (Marchal i in. 2018), gwm413(*Yr*15) (Li i in. 2016) i csLV46G22(Yr29) (Lagudah, dane niepublikowane). Rozdział uzyskanych produktów prowadzono w żelu poliakrylamidowym (gwm413) lub żelu agarozowym (KASP-Yr5-Positive+Common oraz csLV46G22). Przed rozdziałem produkt PCR uzyskany dla csLV46G22 trawiono enzymem restrykcyjnym *BspE*I przez 60 min. w temperaturze 37˚C. Celem kontroli tła genetycznego wykonano genotypowanie na wysokorozdzielczej platformie DArTseq (Diversity Array Technology, Cambera, Australia, von Cruz i in. 2013). W analizie zostały uwzględnione informatywne markery DArTseq, co oznacza markery o brakach danych mniejszych niż 20% i polimorficznych pomiędzy genotypami rodzicielskimi.

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 F1BC2.

**Wyniki**

Na podstawie oceny wariantów markerów molekularnych wyselekcjonowano 84 rośliny pokolenia F1BC1 z kombinacji UC1110 × Kariatyda i 94 rośliny Kasyno × Mondeo posiadające odpowiednio geny *Yr*5+*Yr*15 oraz *Yr*29 (Rys.1). Rośliny te zostały genotypowane na platformie DArTseq.

Wygenerowane dane DArTseq zawierały pule marlerów kodominujących typu zmienności pojedyńczego nukleotydu (DArTsnp) oraz markerów dominujących (silicoDArT). Zestawienie uzyskanych danych znajdune się w tabeli (Tab.1).



B.

A.

Rys.1. Przykładowy obraz żeli agarozowych uzyskanych po rozdziale produktów PCR dla markarów: A.) KASP-Yr5-Positive+Common; B.) csLV46G22.

Tab.1. Zestawienie danych DArTseq uzyskanych dla populacji F1BC1.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Populacja | DArTsnp- wszystkie | DArTsnp- informatywne | silicoDArT- wszystkie | silicoDArT- informatywne |
| UC1110 × Kariatyda | 26 478 | 5 090 | 34 104 | 16 119 |
| Kasyno × Mondeo | 36 844 | 1 620 | 40 502 | 8 180 |

Analizę tła genetycznego prowadzono w oparciu o wyniki genotypowania DArTseq. Średni udział wariantów markerów polimorficznych pochodzących od rodzica wypierającego wyniósł 51% i 62%. Szczegółowe dane liczbowe zostały przedstawione w tabeli (Tab.2).

Tab.2. Udział tła gentycznego rodzica wypierającego w populacji F1BC1 na podstawie wariantów markerów DArTseq.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Populacja | Wartość udziału tła genetycznego | | |
| minimalna | średnia | maksymalna |
| UC1110 × Kariatyda | 22% | 51% | 96% |
| Kasyno × Mondeo | 15% | 62% | 77% |

Do dalszych prac wyselekcjonowano 21 roślin UC1110 × Kariatyda oraz 30 roślin Kasyno × Mondeo. Rośliny zostały poddane jarowizacji w warunkach fitotronowych i skrzyżowane z rodzicem wypierającycm. Uzyskano ziarno pokolenia F1BC2, które będzie wysiane na cele selekcji molekularnej i krzyżowań w przyszłym roku badań.

**Dyskusja**

Wprowadzenie efektywnych genów do odmian uprawnych pszenicy i pszenżyta jest pilną potrzebą i odpowiedzią na zalecenia Integrowanej Ochrony Roślin (Dyrektywa 2009/128/WE 2009). W ramach prac zaplanowanych w Temacie 3 wprowadzne są do odmian efektywne geny odporności na rdzę żółtą *Yr*5 i *Yr*15, dla których dotychczas nie zaobserwowano przełamania odporności warunkowanej tymi genami przez *P. striiformis* (Sharma-Poudyal i in. 2013), oraz *Yr*29 niosący efekt plejotropowy odporności na rdze żółtą i brunatną (*Lr46-Yr29*).

Do oceny zawartości tła genetycznego rodzica wypierającego została wybrana platforma DArTseq. Dzięki optymalizacji użytych enzynów restrykcyjnych możliwe jest uzyskanie wystarczającego pokrycia genomu do celów selekcji. W protokole DArTseq pszenicy i pszenżyta wykorzystuje się układ restryktaz *Pst*I–*Mse*I (Dracatos i in. 2016). Dodatkowo głębokie sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) uzyskanych fragmentów pozwala na identyfikację wariantów nukleotydowych w organizmach poliploidalnych, jak ziemniak (*Solanum tuberosum* L.) (Habyarimana i in. 2017), truskawka (*Fragaria* × *ananassa*) (Sánchez-Sevilla i in. 2015) i pszenica (Heslot i in. 2013). Różna liczba uzyskanych w ramach realizacji Tematu informatywnych markerów DArTseq dla populacji (Tab.1) wynika ze stopnia podobieństwa pomiędzy genotypami rodzicielskimi. Większa natomiast liczba markerów silicoDArT w stosunku do DArTsnp wynika z ich dominującego charakteru. Generalnie pula uzyskanych markerów była wystarczająca do oszacowania udziału tła genetycznego rodzica wypierającego, który zgodnie z oczekiwaniem był bardzo zmienny (15%-96%).

Zastosowana w Temacie selekcja roślin z użyciem markerów molekularnych sprzężonych z wprowadzamyni genami odporności wraz z kontrolą udziału tła genetycznego rodzica wypierającego pozwala na szybsze i skuteczniejsze wprowadzenie genu do odmiany.

**Wnioski**

1. Analiza DArTseq jest szybką i skuteczną metodą oceny zawartości pożadanego tła genetycznego roślin.

**Mierniki dla tematu badawczego 3:**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Lp. | miernik[[3]](#footnote-3) | wartość miernika podana w opisie zadania | wartość miernika zrealizowana 1) |
| 3.1 | Analiza molekularna pokolenia F1BC1 | 2 kombinacje krzyżówkowe | 2 kombinacje krzyżówkowe |
| 3.2 | Uzyskanie pokolenia F1BC2 | 2 kombinacje krzyżówkowe | 2 kombinacje krzyżówkowe |

**Literatura**

Ali S., Gautier A., Leconte M., Enjalbert J.,de Vallavieille-Pope C. 2011. A rapid genotyping method for an obligate fungal pathogen, Puccinia striiformis f.sp. tritici, based on DNA extraction from infected leaf and Multiplex PCR genotyping. BMC Research Notes, 4:240.

Dracatos P.M., Zhang P., Park R.F., McIntosh R.A., Wellings C.R., 2016. Complementary resistance genes in wheat selection ‘Avocet R’ confer resistance to stripe rust. Theor. Appl. Genet. 129, 65–76.

Dyrektywa 2009/128/WE (2009) Dyrektywa Parlamentu Europejskiego na rzecz zrównoważonego rozwoju. Załącznik III Ogólne zasady integrowanej ochrony roślin.

Habyarimana E., Parisi B., Mandolino G., 2017. Genomic prediction for yields, processing and nutritional quality traits in cultivated potato (Solanum tuberosum L.). Plant Breed. 136, 245–252.

Heslot N., Rutkoski J., Poland J., Jannink J.L., Sorrells M.E., 2013. Impact of marker ascertainment bias on genomic selection accuracy and estimates of genetic diversity. PLOS One 8(9), e74612.

Hovmøller M. S., S. Walter, R. Bayles, A. Hubbard, K. Flath, N. Sommerfeldt, M. Leconte, P. Czembor, J. Rodriguez-Algaba, T. Thach, J. G. Hansen, P. Lassen, A. F. Justesen, S. Ali and C. de Vallavieille-Pope. 2016. Replacement of the European wheat yellow rust population by new races from the centre of diversity in the near-Himalayan region. Plant Pathology, 65:402-411.

Hovmøller M.S. 2007. Sources of seedling and adult plant resistance to Puccinia striiformis f.sp. tritici in European wheats. Plant Breeding 126: 225–233.

Li Q., Wang B., Chao K., Guo J., Sing J., Yue W., Li Q. 2016. Molecular detection of stripe rust resistance gene(s) in 115 wheat cultivars (lines) from the yellow and Huai river valley wheat region. Journal of Phytopathology 164: 946–958.

Losert D, Maurer HP, Leiser WL, Würschum T (2017) Defeating the Warrior: genetic architecture of triticale resistance against a novel aggressive yellow rust race. Theor Appl Genet 130:685–696.

Maccaferri,M., Zhang J., Bulli P., Abate Z., Chao S., Cantu D., Bossolini E., Chen X., Pumphrey M., Dubcovsky J. 2015. A Genome-Wide ssociation Study of Resistance to Stripe Rust (Puccinia striiformis f. sp. tritici) in a Worldwide Collection of Hexaploid Spring Wheat (Triticum aestivum L.). Genes, Genomes, Genetics, 5: 449-465.

Marchal C, Zhang J, Zhang P, Fenwick P, Steuernagel B, Adamski NM, Boyd L, McIntosh R, Wulff BBH, Berry S, Lagudah E, Uauy. 2018. BED-domain containing immune 1 receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust. Nature Plants 4: 662–668.

McNeal, F.H., Konzak, C.F., Smith, E.P., Tate, W.S., and Russell, T.S. 1971. A uniform system for recording and processing cereal research data. US Dept. Agric. Res. Serv. ARS, 34. 121-43. 1971.

Murray AA, Thompson WF. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res 8:4321-4325.

Radecka-Janusik M., Czembor P.Cz., Czajowski G. 2017. Odporność odmian pszenicy ozimej na rdzę żółtą powodowaną przez Puccinia striiformis f. sp. tritici. [Ang.: Resistance of winter wheat cultivars to yellow rust cuased by Puccinia striiformis f. sp. tritici]. Progress in Plant Protection 57:285-291.

Radhakrishnan, G.V., Cook, N.M., Bueno-Sancho, V. et al. 2019. MARPLE, a point-of-care, strain-level disease diagnostics and surveillance tool for complex fungal pathogens. BMC Biol 17:65.

Sánchez-Sevilla J.F., Horvath A., Botella M.A., Gaston A., Folta K., Kilian A., Denoyes B., Amaya I., 2015. Diversity Arrays Technology (DArT) marker platforms for diversity analysis and linkage mapping in a complex crop, the octoploid cultivated strawberry (Fragaria × ananassa). PLOS One 10(12), e0144960.

Shahinnia F., Geyer M., Schürmann F., Rudolphi S., Holzapfel J., Kempf H., Stadlmeier M., Löschenberger F., Morales L., Buerstmayr H., Isidro y Sánchez J., Akdemir D., Mohler V., Lillemo M., Hartl L. 2022. Genome‑wide association study and genomic prediction of resistance to stripe rust in current Central and Northern European winter wheat germplasm. Theor Appl Genet, <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04202-z>.

Sharma-Poudyal D., Chen X.M., Wan A.M., Zhan G.M., Kang Z.S., Cao S.Q., Jin S.L., Morgounov A., Akin B., Mert Z., Shah S.J.A., Bux H., Ashraf M., Sharma R.C., Madariaga R., Puri K.D., Wellings C., Xi K.Q., Wanyera R., Manninger K., Ganzález M.I., Koyda M., Sanin S., Patzek L.J. 2013. Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, Puccinia striiformis f. sp. tritici. Plant Disease 97:379–386.

Sharma-Poudyal D., Chen X.M., Wan A.M., Zhan G.M., Kang Z.S., Cao S.Q., Jin S.L., Morgounov A., Akin B., Mert Z., Shah S.J.A., Bux H., Ashraf M., Sharma R.C., Madariaga R., Puri K.D., Wellings C., Xi K.Q., Wanyera R., Manninger K., Ganzález M.I., Koyda M., Sanin S., Patzek L.J. 2013. Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, Puccinia striiformis f. sp. tritici. Plant Disease 97:379–386.

von Cruz, M., Kilian, A., & Dierig, D. A. (2013). Development of DArT marker platforms and genetic diversity assessment of the U.S. Collection of the new oilseed crop lesquerella and related species. PLoS ONE, 8,e64062.

Ward, J. H., Jr. 1963. Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function. Journal of the American Statistical Association, 58, 236–244.

4. Prezentacja wyników badań

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Prezentacja wyników na konferencjach | | | |  |
| lp. | konferencja | prezentacja[[4]](#footnote-4) | Liczba prezentacji podana w opisie zadania | Liczba prezentacji zrealizowana |
|  |  |  |  |  |
| Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych | | | |  |
| lp. | monografia/czasopismo | publikacja[[5]](#footnote-5) | Liczba publikacji podana w opisie zadania | Liczba publikacji zrealizowana |
|  |  |  |  |  |

Załączniki[[6]](#footnote-6):

brak

5. Adres, pod którym wyniki badań są dostępne na stronie internetowej wnioskodawcy:

<http://bip.ihar.edu.pl/artykul/128/585/l-p-w-zal-do-rozporzadzenia-mrirw-7>

6. Miernik zadania - stopień realizacji

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 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 *P. striiformis* f. sp. *tritici* | co najmniej 27 izolatów | 27 | 100% |
| 1.2. | Analiza molekularna (genotypowanie) izolatów *P. striiformis* f. sp. *tritici* | co najmniej 44 izolatów | 44 | 100% |
| temat badawczy 2 | | | | |
| 2.1 | Ocena reakcji pszenicy i pszenżyta na zakażenie *P. striiformis* f. sp. *tritici* w pierwszej serii doświadczeń polowych | 282 obiektów | 282 obiektów | 100% |
| 2.2 | Założenie drugiej serii doświadczeń polowych do oceny reakcji pszenicy i pszenżyta na zakażanie *P. striiformis* f. sp. *tritici* | 282 obiektów | 282 obiektów | 100% |
| temat badawczy 3 | | | | |
| 3.1 | Analiza molekularna pokolenia F1BC1 | 2 kombinacje krzyżówkowe | 2 kombinacje krzyżówkowe | 100% |
| 3.2 | Uzyskanie pokolenia F1BC2 | 2 kombinacje krzyżówkowe | 2 kombinacje krzyżówkowe | 100% |
|  |  |  | **ŚREDNIA** | 100% |
|  |  |  | **% REALIZACJI ZADANIA** | 100% |

Sporządzono:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Pieczęć jednostki | Osoba reprezentująca jednostkę | Kierownik zadania |
|  |  |  |
| data | podpis i pieczęć | podpis |

1. Jeśli dotyczy – proszę opisać pod tabelą, w jakim stopniu cel został osiągnięty i podać przyczyny [↑](#footnote-ref-1)
2. Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc. [↑](#footnote-ref-2)
3. Podać miernik – np. ilość testów, prób, badanych genotypów etc. [↑](#footnote-ref-3)
4. Podać, czy chodzi o wykład plenarny, doniesienie konferencyjne czy poster. [↑](#footnote-ref-4)
5. Podać, czy chodzi o publikację oryginalną, czy np. polemika, list do edytora, rozdział w monografi etc. [↑](#footnote-ref-5)
6. Podać listę oraz dołączyć do sprawozdania kopie posterów/wyciągi z materiałów konferencyjnych/publikacje etc. W nawiasie podać, na której stronie sprawozdania znajdują się prezentowane wyniki. [↑](#footnote-ref-6)