**STRESZCZENIE**

**z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2017. roku**

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

Celem badań w roku 2017 było wykonanie na zestawie odmian/linii pszenicy ozimej genotypowania metodą DArTseq, mapowania asocjacyjnego genów odporności *Lr* i oceny porażenia przez kolejny izolat *S. tritici* (w stadium rośliny dorosłej). Dodatkowo, założono doświadczenie tunelowe do oceny porażenia przez kolejny izolat *S. tritici*. Analiza molekularna 188 odmian i linii pszenicy ozimej na platformie DArTseq pozwoliła na utworzenie mapy molekularnej genomu pszenicy zawierającej 2 983 markery typu SNP. Większą część markerów zawierały genomy A i B, odpowiednio po 1128 i 1376 markerów. Natomiast genom D zawierał tylko 479 markerów, przy czym na chromosomie 4D zlokalizowano jedynie 20 markerów. W mapowaniu asocjacyjnym (AM) genów odporności na *P. triticina* wykorzystano dane fenotypowe (wyniki oceny odporności na 18 różnych izolatów *P. triticina* (otrzymane w latach 2014-2016) i genotypowe (zidentyfikowane markery SNP) dla 179 odmian i linii pszenicy. Wyłoniono 6 podgrup genotypów o różnym pokrewieństwie genetycznym. Mapowanie asocjacyjne na potrzeby wykrywania istotnych statystycznie asocjacji marker-cecha (MTA) wykonano w oparciu o model mieszany analizy wariancji, estymacje komponentów wariancyjnych dla czynników losowych identyfikujących markery i genotypy oparto o metodę REML z uwzględnieniem informacji o strukturze populacji. W wyniku przeprowadzonej analizy wykryto 354 MTA o wysokim stopniu prawdopodobieństwa ich występowania. Przeprowadzone analizy umożliwiły wykrycie (postulowanie) wśród badanych odmian następujących genów odporności: *Lr3bg*, *Lr9*, *Lr24* i *Lr26*, dla których wykryto liczbę MTA odpowiednio 6, 4, 72 i 243. Natomiast, 29 MTA dotyczyło nieznanych loci odporności na chromosomach: 1B, 2A, 3B, 6B, 7A, 7D. Obecność genu *Lr26* była zwykle związana wykrywaniem około 25MTA/izolat *P. triticina*, które korespondowały z blokiem markerów pokrywających fragment ok 40cM i odpowiadający translokacji z genomu żyta T1BL.1RS. Podobny rozmiarów blok markerów istotnych dla detekcji genu *Lr24* obserwowano na chromosomie 3D, na którym zlokalizowana jest translokacja z *Agropyron elongatum*. W omawianym zadaniu przeprowadzono również ocenę reakcji fenotypowej (odporny/podatny) 218 odmian/linii pszenicy ozimej na zakażenie izolatem *S. tritici* IPO92006. W celu wyróżnienia odmian charakteryzujących się podobną reakcją fenotypową zastosowano analizę skupień aglomeracyjnego grupowania hierarchicznego (ang. agglomerative hierarchical clustering, AHC). W przeprowadzonych analizach zanotowano podział odmian pszenicy na trzy główne klasy znacząco różniące się między sobą stopniem porażenia liści. Klasa pierwsza najodporniejsza, najliczniejsza ale i najbardziej zróżnicowana zawierała 170 odmian gdzie zakres procentu pokrycia powierzchni liścia mieścił się w granicach 12,4%-82,1. Na tym etapie badań, wskazanie genów odporności, które warunkują reakcje odporności dla odmian jest trudna w tej chwili do określenia i potrzebuje wsparcia badań występowania asocjacji odporność-marker molekularny, które będą prowadzone w następnym roku realizacji tematu.