



# Wyróżnianie i charakterystyka tetraploidalnych form ziemniaka odpornych na wirusy M i S ziemniaka z wykorzystaniem selekcji metodami konwencjonalnymi i markerami molekularnymi.

Tatarowska Beata, Flis Bogdan, Wasilewicz-Flis Iwona

IHAR– PIB, Oddział w Młochowie  
ul. Platanowa 19, 05-831 Młochów

## TEMAT 1

Rozmnażanie w polu odpornych na PVM rodów ziemniaka z 6 populacji ze źródłem odporności z *S. megistacrolobum* (*Rm*) lub *S. gourlayi* (*Gm*) oraz 2 populacji mających w swym pochodzeniu źródło odporności na PVS, pochodzące z *S. tuberosum subsp. andigena*.

### Wyniki (1)

W ramach tematu 1 rozmnażano w polu 423 rody mające w swym pochodzeniu gen odporności na PVM pochodzący z *S. megistacrolobum* (*Rm*) oraz 157 rodów mających w swym pochodzeniu gen odporności na PVM pochodzący *S. gourlayi* (*Gm*). Po ocenie porażenia wtórnego, ocenie cech morfologicznych bulw oraz ocenie wad zewnętrznych, do kolekcji rodów odpornych na wirus M ziemniaka wybrano 268 rody odporne na PVM. Z populacji z segregującym genem *Ns* z *S. tuberosum subsp. andigena* zebrano w sumie 154 rody (tylko te, które nie uległy porażeniu w testach ELISA w ocenie porażenia pierwotnego).

### Wnioski (1)

- Stworzono kolekcję rodów tetraploidalnych (268 genotypów) wysoko odpornych na wirus M ziemniaka, z dwoma źródłami odporności na PVM: *S. megistacrolobum* i *S. gourlayi*.
- Rody znajdujące się w kolekcji to formy, które mogą zostać wykorzystane w dalszych pracach hodowlanych jako formy rodzicielskie w programach krzyżowań.
- Z grupy 200 rodów z segregującym genem *Ns* z *S. tuberosum subsp. andigena* zebrano 154 rody, które nie uległy porażeniu wirusem S ziemniaka w testach ELISA (porażenie pierwotne, temat 2).

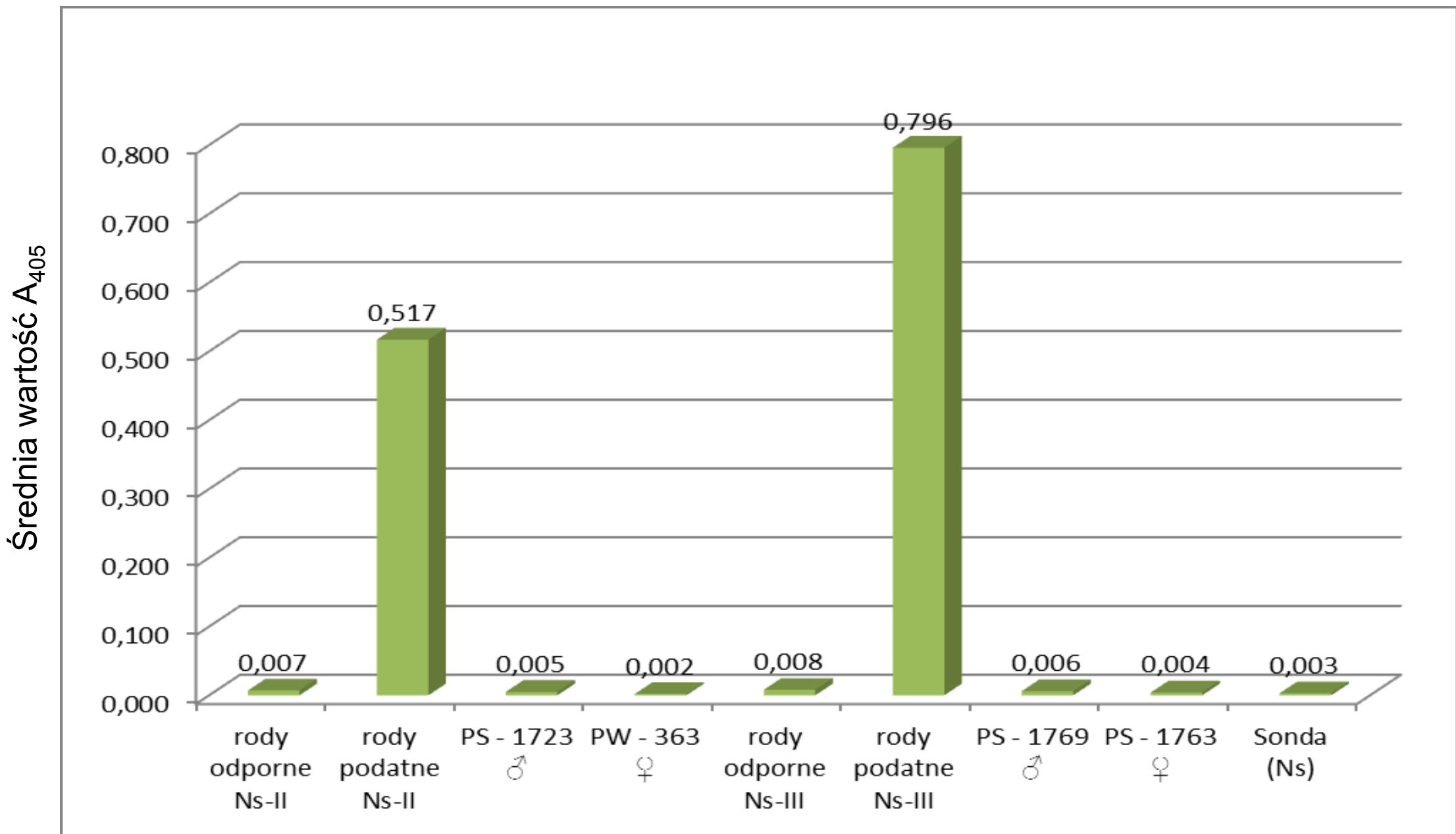
## TEMAT 2

Ocena fenotypowa na wirus S ziemniaka rodów pochodzących z populacji 4x (*Ns*) – inokulacja mechaniczna roślin.

### Wyniki (2)

W ramach tematu 2 ocenie fenotypowej poddano 200 rodów tetraploidalnych pochodzących z dwóch populacji z segregującym genem *Ns*. W grupie rodów należących do populacji *Ns-II* porażenie PVS odnotowano dla 20 rodów. Średnie porażenie w grupie rodów podatnych wyniosło 0,517. Zakres odczytów wartości  $A_{405}$  w teście Elisa dla podatnych form wyniósł od 0,058 do 1,651. Porażenia w populacji *Ns-II* nie odnotowano dla 80 rodów. Średnia wartości  $A_{405}$  w teście ELISA dla grupy odpornej wyniosła 0,007, a zakres odczytów od 0,001 do 0,042 (wyk. 1). W populacji *Ns-III* porażeniu uległo 26 rodów, a średnia wartość  $A_{405}$  dla grupy podatnej wyniosła 0,794 przy zakresie od 0,094 do 2,047 (wyk. 1). Formy rodzicielskie oraz odporna odmiana wzorcowa Sonda nie uległy porażeniu. Na roślinach obserwowano słabe i silne mozaiki, nekrozy, przebarwienia liści. Tylko dla części rodów z wysokimi wartościami  $A_{405}$ , można było zaobserwować objawy charakterystyczne dla wirusa S ziemniaka. Większość podatnych rodów na PVS nie wykazywała objawów fenotypowych w ocenie porażenia pierwotnego.

Wykres 1. Średnie wartości  $A_{405}$  dla grupy rodów odpornych i podatnych na PVS z populacji *Ns – II* i *Ns – III*, form rodzicielskich i odmiany wzorcowej Sonda.



### Wnioski (2)

- Z populacji *Ns-II* i *Ns-III* po ocenie porażenia pierwotnego wyróżniono rody, które nie uległy porażeniu wirusem S ziemniaka.
- W sumie z obu populacji *Ns* wytypowano 154 rody wstępnie uznane za odporne na PVS.
- Pomimo wysokich odczytów wartości  $A_{405}$  w teście ELISA dla rodów podatnych, objawy fenotypowe na liściach roślin ziemniaka nie zawsze były obserwowane.

## (zadanie 61)

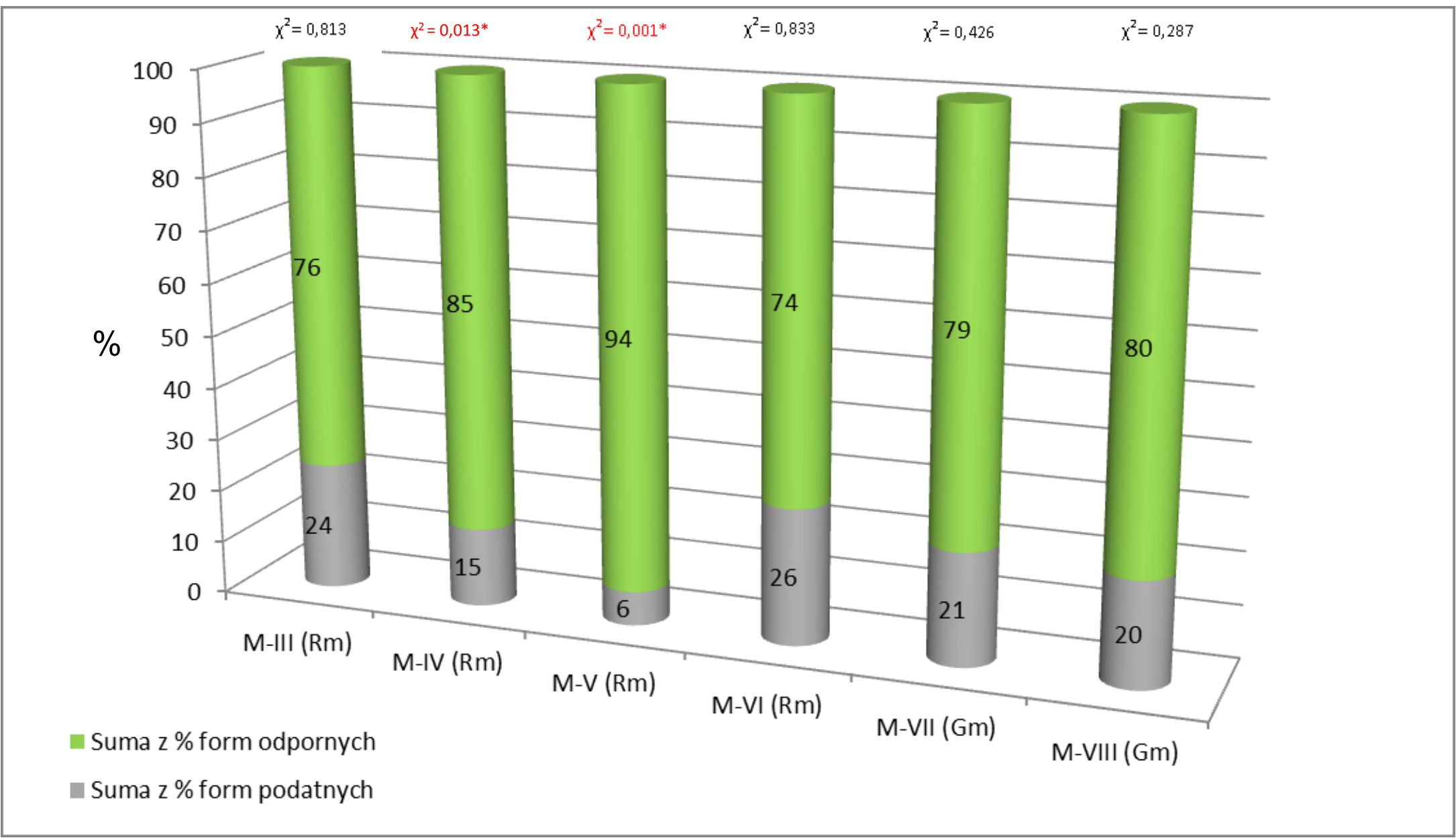
## TEMAT 3

Ocena porażenia wtórnego rodów pochodzących z 6 populacji 4x zakażanych mechanicznie PVM w poprzednim sezonie.

### Wyniki (3)

W ramach tematu 3 w testach odpornościowych przebadano 580 rodów ziemniaka pochodzących z 6 populacji 4x. W grupie genotypów podatnych znalazły się 42 rody, natomiast w grupie odpornej 538 rody. Na wykresie 2 przedstawiono procentowy udział w każdej z ocenianych populacji genotypów odpornych i podatnych na PVM. Przedstawione wyniki obejmują dane dwuletnie, czyli ocenę populacji w porażeniu pierwotnym i wtórnym. W ocenianych populacjach, zarówno tych gdzie źródłem odporności na PVM był gen *Rm* z dzikiego gatunku *S. megistacrolobum* jak i gen *Gm* *S. gourlayi* otrzymano wysoką frekwencję rodów wysoko odpornych. Dla czterech populacji uzyskano rozkład w potomstwie form odpornych do podatnych w stosunku 3:1 (wykres 2). Zgodność wyników uzyskanych z oczekiwanymi potwierdzono za pomocą testu chi – kwadrat ( $\chi^2$ ).

Wykres 2. Udział genotypów podatnych i odpornych na wirus M ziemniaka w 6 tetraploidalnych populacjach (wyniki dwuletnie).



### Wnioski (3)

- W każdej populacji wyróżniono rody odporne na wirus M ziemniaka.
- W sumie wyselekcjonowano 538 rodów odpornych na wirus M ziemniaka.
- Frekwencja form odpornych do podatnych dla 4 populacji była zgodna z oczekiwaną.
- Rody odporne na PVM, z poprawną oceną cech morfologicznych, bez wad zewnętrznych i wewnętrznych zostały umieszczone w kolekcji genotypów odpornych na PVM (temat 1).

## TEMAT 4

Ocena porażenia wtórnego rodów ocenianych w doświadczeniu szczegółowym:

- ocena porażenia wtórnego (testy ELISA) wytypowanych rodów 4x (*Rm* i *Gm*) poddanych kompleksowej ocenie odporności na wirus M ziemniaka w poprzednim sezonie.
- ocena porażenia wtórnego (analizy Real-Time PCR) wytypowanych rodów 4x (*Rm* i *Gm*) poddanych kompleksowej ocenie odporności na wirus M ziemniaka w poprzednim sezonie.

### Wyniki (4)

W ramach tematu 4 poddano szczegółowej ocenie odpornościowej na wirus M ziemniaka 12 rodów należących do 4 populacji *Rm* i dwóch populacji *Gm*. Porównywano wpływ genotypu, szczepu wirusa i temperatury inkubacji na poziom porażenia po zakażeniu mechanicznym roślin i po szczepieniu. Ocena zawartości wirusa w komórkach roślinnych była oceniana na roślinach z porażenia wtórnego. Obecność wirusa M ziemniaka była oceniana w testach ELISA i przy wykorzystaniu metody Real-Time PCR. Uzyskane wyniki z porażenia wtórnego dla rodów z populacji *Rm* i *Gm* potwierdziły poziom odporności ocenianych genotypów z porażenia pierwotnego przeprowadzonego w roku 2017. Uzyskano bardzo wysoką korelację pomiędzy wynikami uzyskanymi w porażeniu pierwotnym i wtórnym we wszystkich układach doświadczeń.

### Wnioski (4)

- Rody należące do populacji *Rm* i *Gm* w ocenie porażenia wtórnego potwierdziły swój poziom odporności na wirus M ziemniaka z oceny porażenia pierwotnego.
- Dla genotypu M-III-130 odnotowano istotny wpływ temperatury i szczepu na namnażanie się wirusa M ziemniaka w komórkach roślinnych.
- Odporność na PVM pochodząca od *S. megistacrolobum* i warunkowana genem *Rm* w naszych badaniach nie była rasowo specyficzna. Wyjątek stanowił ród M-III-130.
- Odporność na PVM warunkowana genem *Rm* dla dwóch genotypów z populacji M-III w dużym stopniu zależała od temperatury inkubacji.
- Odporność na PVM pochodząca od *S. gourlayi* przejawia się w szerokiej skali temperatur, nie zależy od szczepu wirusa użytego do zakażeń oraz związana jest ze zjawiskiem tolerancji (brak objawów fenotypowych na roślinach i brak spadku wigoru roślin).
- Rody odporne z genem *Gm* mogą stanowić doskonały materiał hodowlany i wprowadzać do programów hodowlanych wysoki poziom odporności na PVM.