

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej
w 2021 roku
Zadanie badawcze 25

Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki

Kierownik:

Prof. Małgorzata Jędrzycka, Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
mjed@igr.poznan.pl

Wykonawcy:

Dr Joanna Kaczmarek – Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
Mgr Witold Irzykowski – Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
Prof. Magdalena Frąc – Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie
Dr hab. Paweł Strzeliński – Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
Personel pomocniczy IGR PAN

Cele zadania badawczego

1. Oznaczenie gatunków, patotypów bądź ras patogenów aktualnie wywołujących choroby rzepaku w Polsce.
2. Ocena odporności na choroby u genotypów rzepaku o zróżnicowanym pochodzeniu.
3. Uzyskanie form rzepaku z odpornością na różne patotypy *P. brassicae*, cennych pod względem hodowlanym oraz sprawdzenie zgodności testów odpornościowych z obecnością markera odporności wywiedzionego z odmiany Tosca.
4. Oznaczenie powiązania pomiędzy fenotypem roślin rzepaku a tolerancją na zgniliznę twardzikową - badania pilotażowe i założenie doświadczenia polowego.

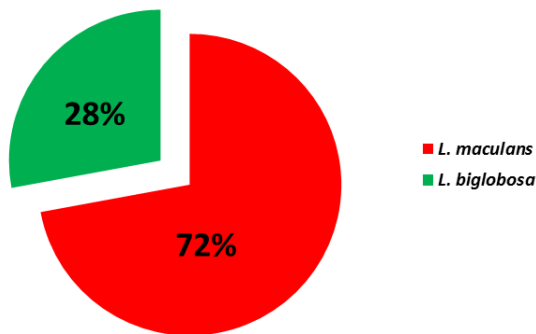
Materiały i metody



1. Testy oceny odporności rzepaku na choroby :
 - a) testy liścieniowe – odporność na suchą zgniliznę kapustnych (geny R)
 - b) test Winkelmana – odporność na suchą zgniliznę kapustnych (typ APR)
 - c) odporność na werciliozę
 - d) odporność na kiłę kapusty
2. Przygotowanie agarowych i płynnych pożywek mikrobiologicznych.
3. Badanie uzdolnień metabolicznych grzybów na płytkach FF (Biolog Inc. Hayward, CA).
4. Metody mykologiczne: izolacja patogenów z porażonych tkanek roślinnych, pasażowanie grzybów, identyfikacja morfologiczna i mikroskopowa.
5. Identyfikacja i charakterystyka molekularna izolatów grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku (powielenie i sekwencjonowanie fragmentu ITS1-5,8S-ITS2).
6. Identyfikacja patotypów *Plasmodiophora brassicae*:
 - system Somé („francuski”) - system Williama („amerykański”)
 - system ECD („europejski”) - system CCD („kanadyjski”)
7. Opis fenotypu roślin rzepaku metodą skanowania laserowego LiDAR (FARO Focus 3D)

Temat badawczy 1

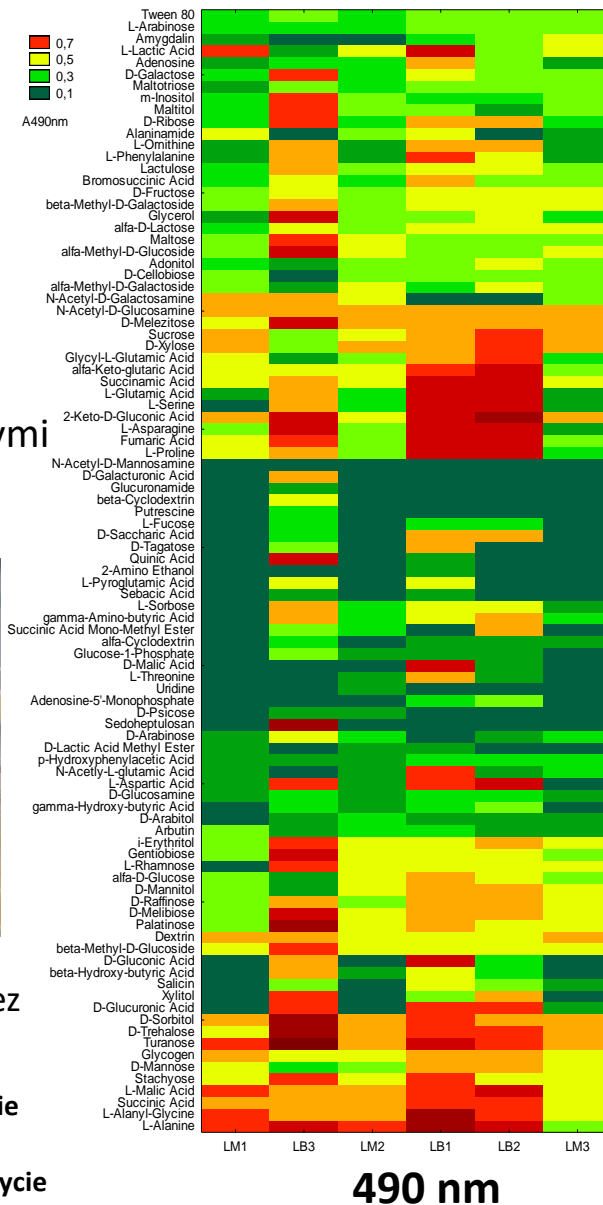
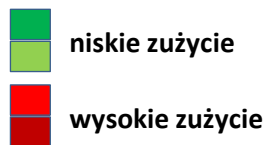
Identyfikacja i charakterystyka aktualnej populacji patogenów rzepaku w Polsce



Proporcja pomiędzy gatunkami rodzaju *Leptosphaeria*, izolowanymi z liści rzepaku jesienią 2021 r.



Mapy ciepłe zużycia substratów przez izolaty *Leptosphaeria maculans* (LM) oraz *L. biglobosa* (LB)



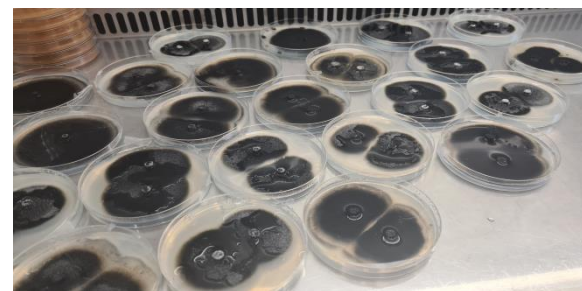
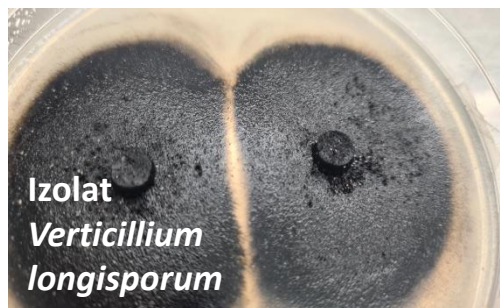
Temat badawczy 2

Ocena odporności na choroby u genotypów rzepaku o zróżnicowanym pochodzeniu.

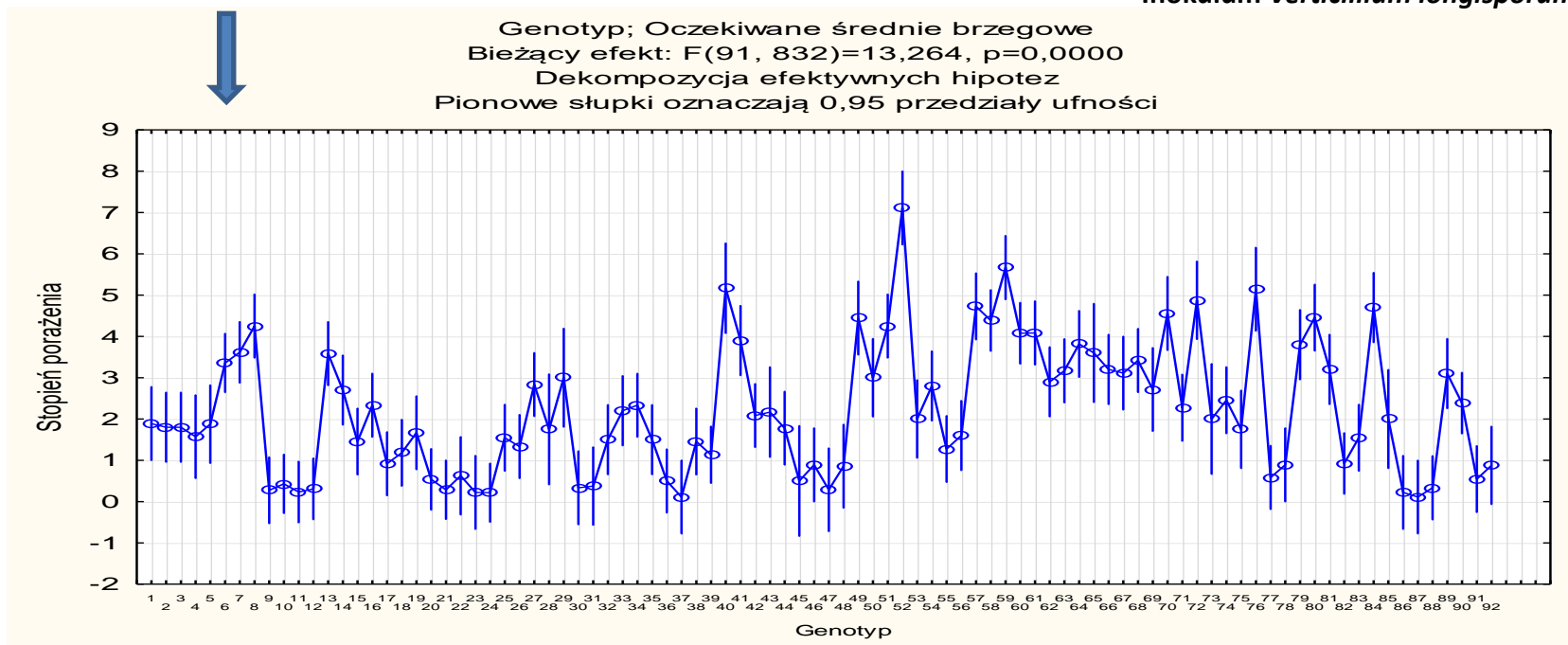
Oceniono stopień odporności/podatności 90 rodów hodowlanych o dobrych cechach agronomicznych, nadesłanych przez stacje zajmujące się hodowlą rzepaku

Oceniono odporność na:

- 1) suchą zgniliznę kapustnych
- 2) kiłę kapusty
 - mieszaninę patotypów
 - patotyp P1B
- 3) werciciliozę (*V.longisporum*)



Inokulum *Verticillium longisporum*



Porównanie stopnia porażenia materiałów hodowlanych rzepaku pod względem odporności na werciciliozę (*V. longisporum*).

Temat 3.

Uzyskanie form rzepaku z odpornością na różne patotypy *P. brassicae*, cennych pod względem hodowlanym oraz sprawdzenie zgodności testów odpornościowych z obecnością markera odporności wywiedzionej z odmiany Tosca.

Spośród 180 form mieszańcowych rzepaku ozimego uzyskanych w IHAR, Oddział Roślin Oleistych w Poznaniu 18 form mieszańcowych cechowało się odpornością na co najmniej trzy patotypy *P. brassicae*

Wśród nich udział odporności był następujący:

- odporność na **trzy patotypy** stwierdzono u **13** form,
- odporność na **cztery patotypy** stwierdzono u **4** form,
- odporność na **pięć patotypów** stwierdzono u **1** formy.

Ponadto w badanej populacji stwierdzono siedem form w pełni odpornych na dwa patotypy oraz w 80% odpornych na trzeci patotyp.



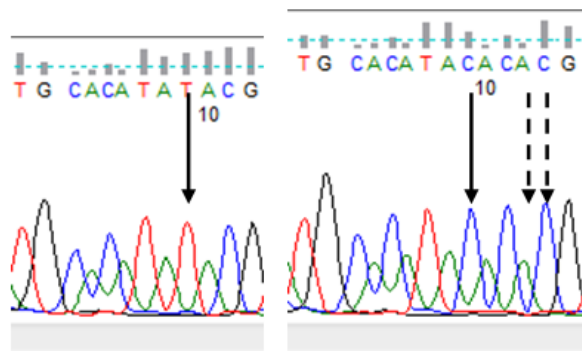
Temat 3.

Poznanie genomu *Plasmodiophora brassicae*; zmienność patotypów patogenu w Polsce

W genomie pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* stwierdzono następujący polimorfizm DNA regionu ITS1-ITS2

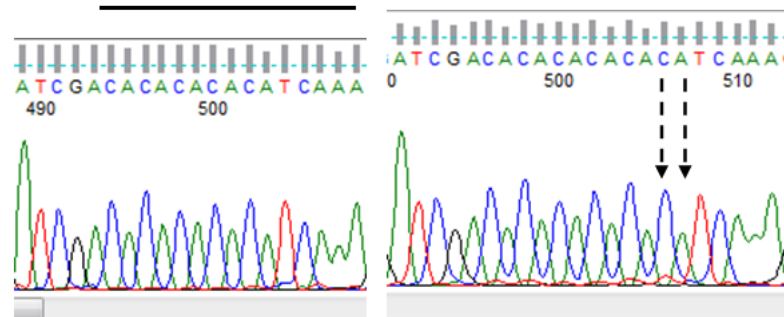
W jednostce rybosomalnej 18S stwierdzono zarówno występowanie substytucji T/C jak i delecji/insercji CA

ACATATA--CGTTCCG
ACATACACACGTTCCG



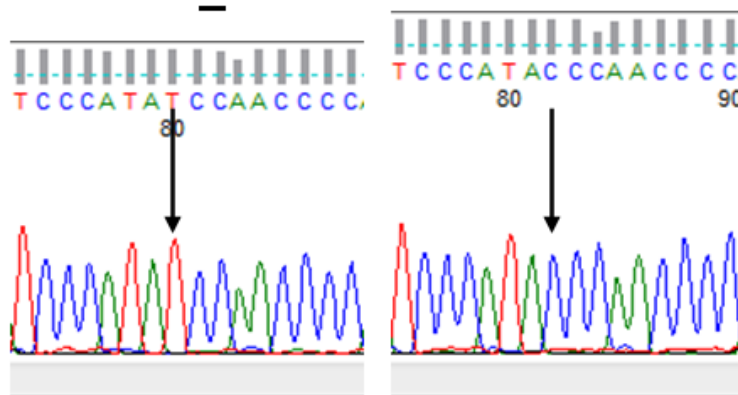
W regionie ITS2 stwierdzono występowanie 5 lub 6 powtórzeń CA

TCGACACACACACA--TCAA
TCGACACACACACATCAA

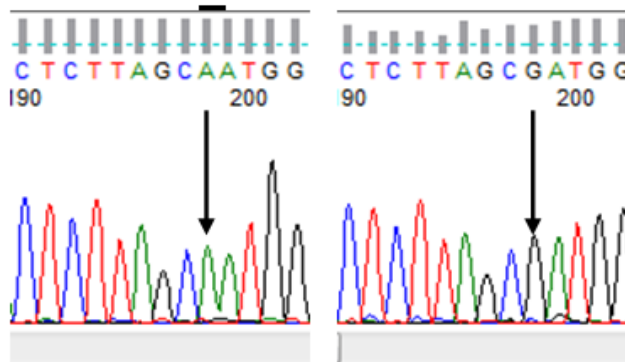


W regionie ITS1 stwierdzono występowanie 2 substytucji: C/T oraz A/G

TCCCATACCCAACCC
TCCCATATCCAACCC



TCTTAGCAATGGATAT
TCTTAGCGATGGATAT



Temat 4.

Oznaczenie powiazania pomiędzy fenomem roślin rzepaku a tolerancją na zgniliznę twardzikową - badania pilotażowe i założenie doświadczenia polowego.

