

SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE
z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej
w 2025 roku

Zadanie badawcze 25

Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki

Kierownik:

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

Wykonawcy:

dr Joanna Kaczmarek, mgr Witold Irzykowski – Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu
Piotr Stefański – Hodowla Roślin Strzelce
prof. Jan Piekarczyk, dr Jakub Ceglarek – Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu
prof. Agnieszka Pszczółkowska, dr hab. Adam Okorski,
– Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
Jakub Tkaczuk – Pakato firma poligraficzno-projektowa
Personel pomocniczy IGR PAN i HR Strzelce

Cele zadania badawczego PB25 w 2025 roku

1. Oznaczenie gatunków, patotypów bądź ras patogenów aktualnie wywołujących choroby rzepaku w Polsce.

V

Mierniki

<i>Plenodomus</i> 50 prób	<i>Verticillium</i> 25 prób
<i>Sclerotinia</i> 25 lokalizacji	<i>Plasmodiophora</i> 8 patotypów

2. Ocena odporności genotypów rzepaku o zróżnicowanym pochodzeniu na choroby.

V

Mierniki

<i>Plenodomus</i> 90 × 2 testy	<i>Plasmodiophora</i> 90	<i>Verticillium</i> 90
--------------------------------	--------------------------	------------------------

3. Piramidyzacja odporności na patotypy *Plasmodiophora brassicae* w wysokoplennych formach *Brassica napus* typu canola oraz badania genomiczne i transkryptomiczne w zakresie interakcji *Brassica-Plasmodiophora*

V

Mierniki

21 form rzepaku	2 izolaty	58 prób
-----------------	-----------	---------

4. Oznaczenie powiązania pomiędzy fenomem roślin rzepaku a tolerancją na zgniliznę twardzikową w doświadczeniu polowym

V

Mierniki

16 odmian	2 czynniki	26 cech
-----------	------------	---------

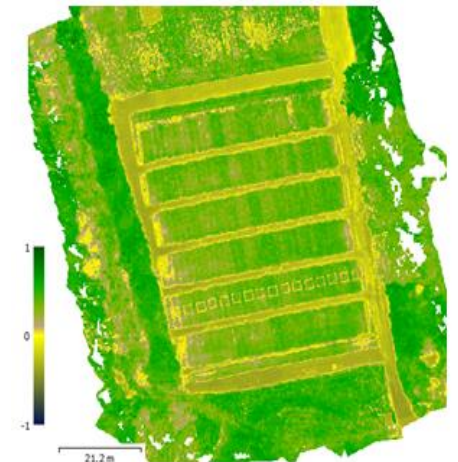
Materiały i metody

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. Metody mykologiczne: izolacja patogenów z porażonych tkanek roślinnych, pasażowanie grzybów, identyfikacja morfologiczna i mikroskopowa.
- 4. Identyfikacja i charakterystyka molekularna izolatów grzybów chorobotwórczych wobec rzepaku.
- 5. Identyfikacja patotypów *Plasmodiophora brassicae* i sekwencjonowanie genotypów.
- 6. Opis fenotypu roślin rzepaku z zastosowaniem kamer RGB i multispektralnych zamontowanych na dronie oraz na ciągniku z naczepą.

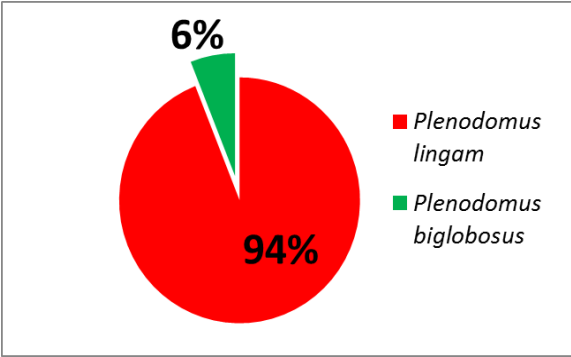


Temat 1: Identyfikacja i charakterystyka aktualnej populacji patogenów rzepaku w Polsce

CEL: Oznaczenie gatunków, patotypów bądź ras patogenów aktualnie wywołujących choroby rzepaku w Polsce.

Plenodomus 50 prób

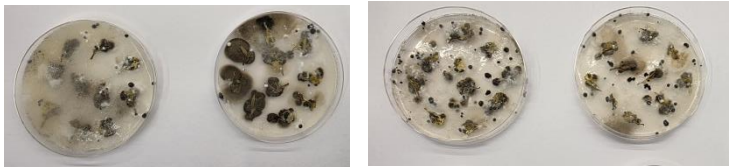
Na liściach rzepaku ozimego przeważał gatunek chorobotwórczego grzyba *Plenodomus lingam* (**94%**)



Sclerotinia 25 lokalizacji

5,00	2,50	67,50	8,75	12,50
5,00	10,00	1,00	7,50	17,50
0,00	20,00	2,50	7,50	12,50
25,00	12,50	22,50	15,00	0,00
2,50	20,00	7,50	22,50	5,00

Porażenie kwiatostanów rzepaku ozimego grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* w Polsce w 20245roku na badanych plantacjach wynosiło średnio **13,95%**



Plasmodiophora 8 patotypów

Objawy kiły kapusty powodowanej przez *Plasmodiophora brassicae* w Polsce na kiło-odpornej odmianie rzepaku ozimego w południowo-wschodniej Polsce w 2025 roku



Verticillium 25 prób

Objawy powodowane przez *Verticillium longisporum* na roślinach rzepaku ozimego z pól na terenie Polski. W 2025 roku **100%** izolatów zidentyfikowano jako VI.



Temat 1: Identyfikacja i charakterystyka aktualnej populacji patogenów rzepaku w Polsce

CEL: Oznaczenie gatunków, patotypów bądź ras patogenów aktualnie wywołujących choroby rzepaku w Polsce.

	Izolat 1	Izolat 2	Izolat 3	Izolat 4	Izolat 5	Izolat 6	Izolat 7	Oznaczenie patotypów		
Tester 1	0,00	0,00	4,00	0,00	1,40	0,00	0,00	Williams	Somé	ECD 1-5
Tester 2	0,00	0,00	4,00	4,00	1,00	1,80	0,00	16	P8	16
Tester 3	0,00	0,00	4,00	3,20	1,80	0,60	0,00	10	P1+	16
Tester 4	0,00	0,00	4,00	4,00	3,80	1,60	0,00	7	P2	16
Tester 5	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	6	P3	16
Tester 6	4,00	4,00	3,80	0,20	1,20	4,00	4,00	7	P2	16
Tester 7	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	12	P1+	16
Tester 8	4,00	3,00	4,00	4,00	4,00	2,00	0,00	5	P2	16
Tester 9	4,00	0,00	4,00	0,20	4,00	0,40	0,00	16	P1+	16
Tester 10	4,00	4,00	4,00	0,00	0,00	0,00	0,80	ECD 6-10	ECD 11-15	Stężenie (qPCR)
Tester 11	1,00	4,00	0,00	0,00	0,00	0,20	1,20	31	0	$3,8 \times 10^5$
Tester 12	0,80	0,40	4,00	0,40	0,00	2,20	2,40	18	13 (15*)	$4,2 \times 10^5$
Tester 13	1,60	3,00	4,00	4,00	0,80	1,20	0,00	3	15	$2,1 \times 10^5$
Tester 14	2,20	4,00	4,00	4,00	1,20	4,00	0,00	2	14	$4,3 \times 10^5$
Tester 15	0,00	1,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	15	5	$6,8 \times 10^4$
Tester 16	3,40	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	18	12	$5,6 \times 10^5$
Tester 17	2,40	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	3	0	$9,0 \times 10^4$
Tester 18	0,00	0,20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	18	8	$4,3 \times 10^5$
Tester 19	0,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00	4,00			
Tester 20	1,80	4,00	4,00	4,00	4,00	3,00	1,20			
Tester 21	2,00	4,00	4,00	4,00	3,80	0,00	4,00			
Tester 22	4,00	3,60	4,00	4,00	3,40	4,00	0,00			
Tester 23	3,33	3,80	4,00	4,00	3,80	1,20	0,00			
Tester 24	4,00	3,60	4,00	4,00	4,00	4,00	0,00	Do inokulacji zastosowano izolaty z 2024 roku		

Temat 2: Poszukiwanie źródeł odporności na choroby rzepaku

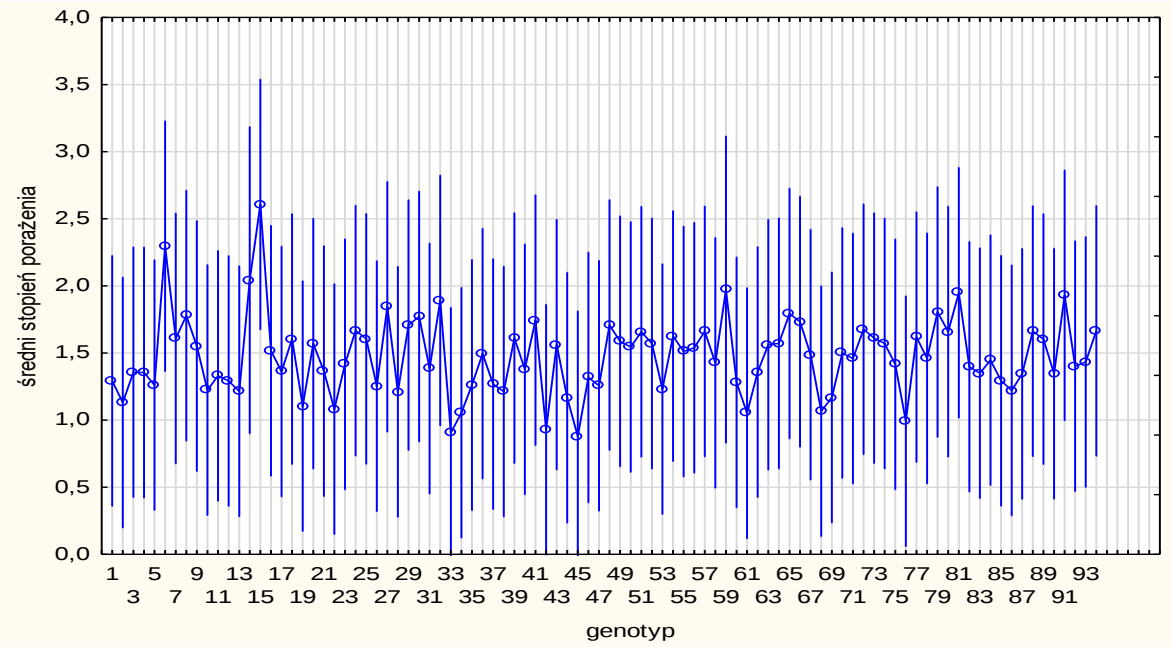
CEL: Ocena odporności na choroby u genotypów rzepaku o zróżnicowanym pochodzeniu

Test Winkelmana wiosna 2025



Ocenę objawów chorobowych wykonano na podstawie skali G2 (0-4), gdzie 0 oznacza rośliny zdrowe, 4 – całkowite wypróchnienie łodygi.

Wyniki testu Winkelmana

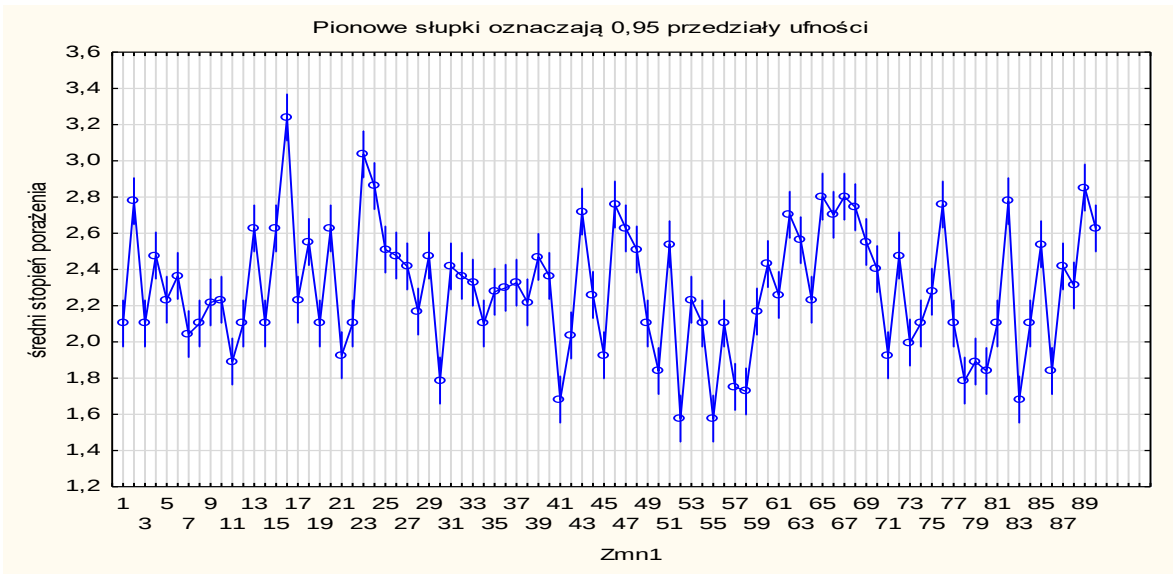


Badane genotypy rzepaku:
1-20 HR Smolice/Bąków (SMO)
21-55 HR Strzelce, Oddz. Borowo (BOH)
56-90 HR Strzelce, Oddz. Matyszyn (MAH)

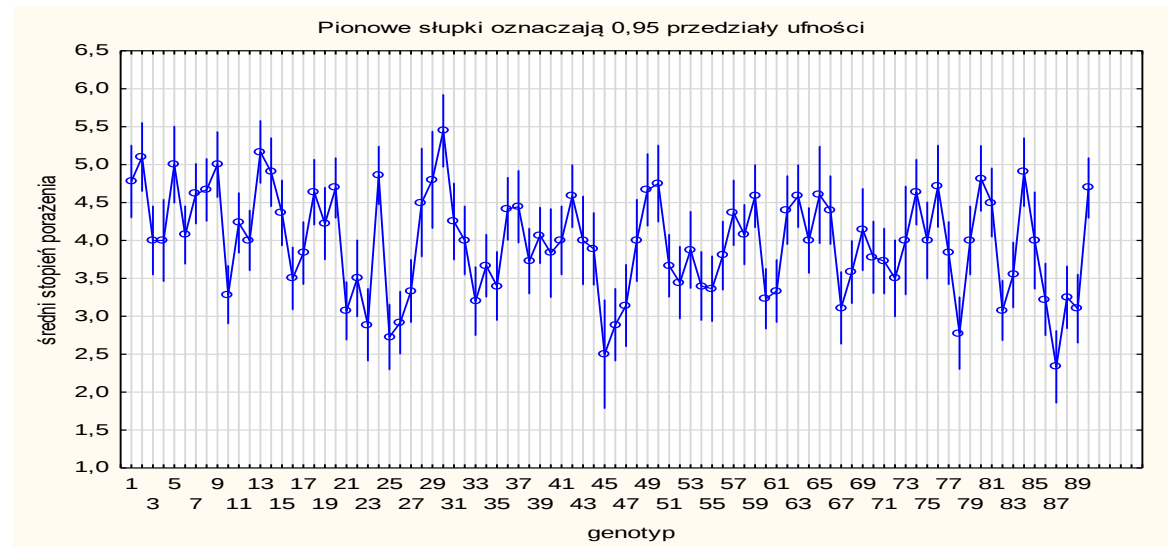
Temat 2: Poszukiwanie źródeł odporności na choroby rzepaku

Ocena odporności na choroby u genotypów rzepaku o zróżnicowanym pochodzeniu

Wyniki testu liścieniowego



Wyniki testu odporności na wercylicję



Linia /genotyp	Izolat							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	3,8	3,9	4,0	4,0	4,0	4,0	3,8	4,0
2	3,9	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	3,7	4,0
3	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	3,0	3,7	4,0
4	3,9	4,0	4,0	4,0	3,0	3,0	3,8	4,0
5	3,8	3,6	4,0	4,0	4,0	3,0	3,2	4,0
6	3,8	3,5	4,0	4,0	4,0	4,0	3,7	4,0
7	3,7	3,9	4,0	4,0	4,0	4,0	3,4	4,0
8	3,7	3,8	4,0	4,0	4,0	3,0	3,7	4,0
9	3,9	3,7	4,0	4,0	4,0	4,0	3,5	4,0
10	3,8	3,7	4,0	4,0	3,0	4,0	3,6	4,0
11	3,7	3,8	4,0	4,0	4,0	3,0	4,0	4,0
12	3,7	3,8	4,0	4,0	4,0	3,0	4,0	4,0
13	3,8	3,6	4,0	4,0	4,0	4,0	3,9	4,0
14	3,7	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	3,9	4,0
15	3,9	4,0	4,0	3,7	4,0	3,8	4,0	4,0
16	4,0	4,0	4,0	3,7	4,0	3,7	4,0	4,0
17	4,0	4,0	4,0	3,8	3,7	3,7	4,0	4,0
18	3,9	4,0	4,0	3,6	3,8	3,9	4,0	4,0
19	3,9	4,0	4,0	3,8	3,7	3,8	4,0	4,0
20	3,9	4,0	4,0	3,7	3,9	3,7	4,0	4,0
21	3,7	4,0	4,0	3,7	4,0	3,7	4,0	4,0
22	3,9	4,0	3,6	3,8	4,0	3,8	4,0	3,6
23	3,7	4,0	3,4	3,2	3,9	3,7	4,0	3,4
24	4,0	4,0	3,5	3,7	3,9	4,0	4,0	3,5
25	4,0	4,0	3,7	3,4	3,9	4,0	4,0	4,0
26	4,0	4,0	3,7	3,7	3,7	4,0	4,0	4,0
27	4,0	3,8	3,7	3,5	3,9	4,0	4,0	4,0
28	3,8	3,5	3,6	3,6	3,7	3,0	4,0	4,0
29	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	3,0	4,0	4,0
30	4,0	3,5	4,0	4,0	4,0	3,0	4,0	4,0
31	3,8	4,0	3,7	3,9	4,0	3,0	4,0	4,0
32	4,0	4,0	3,6	3,9	4,0	4,0	4,0	4,0
33	3,8	4,0	3,6	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0
34	3,8	4,0	3,8	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0
35	3,7	4,0	3,5	4,0	4,0	3,8	4,0	4,0
36	3,8	4,0	3,6	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0
37	3,8	4,0	3,7	4,0	4,0	4,0	4,0	3,7
38	4,0	3,9	3,7	4,0	3,8	4,0	4,0	3,7
39	4,0	3,8	3,4	4,0	3,8	4,0	4,0	3,4
40	4,0	3,6	3,4	4,0	4,0	4,0	4,0	3,4
41	3,8	3,7	3,4	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
42	3,8	3,5	3,5	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
43	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
44	4,0	4,0	3,9	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
45	3,8	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
46	4,0	4,0	3,6	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0

Linia /genotyp	Izolat							
	1	2	3	4	5	6	7	8
47	4,0	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
48	4,0	4,0	3,8	4,0	4,0	3,8	4,0	4,0
49	3,8	3,8	3,6	4,0	4,0	3,5	4,0	4,0
50	4,0	3,8	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
51	4,0	3,8	3,6	4,0	3,0	3,5	4,0	4,0
52	4,0	4,0	3,5	4,0	3,0	4,0	3,8	4,0
53	4,0	4,0	3,8	4,0	3,0	4,0	3,9	3,8
54	4,0	4,0	3,8	4,0	3,0	4,0	3,6	3,8
55	4,0	4,0	3,9	4,0	3,0	4,0	3,6	3,9
56	4,0	4,0	3,8	4,0	3,0	4,0	3,6	3,8
57	3,7	3,9	3,8	4,0	3,0	4,0	4,0	3,8
58	3,8	3,9	3,6	4,0	4,0	4,0	3,9	3,6
59	3,8	4,0	3,8	4,0	4,0	4,0	3,6	3,8
60	3,7	3,9	3,7	4,0	4,0	4,0	3,6	3,7
61	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	3,8	4,0
62	3,8	3,9	3,3	4,0	4,0	4,0	3,6	3,9
63	3,4	4,0	3,3	4,0	3,7	4,0	3,8	3,3
64	3,7	3,9	3,6	4,0	3,8	4,0	3,8	3,6
65	3,7	4,0	3,2	4,0	3,8	4,0	3,9	3,2
66	3,6	4,0	3,6	4,0	3,7	4,0	3,9	3,6
67	3,7	4,0	3,4	4,0	3,8	4,0	3,9	3,4
68	3,7	4,0	3,5	4,0	3,8	4,0	3,9	3,5
69	3,6	4,0	3,6	4,0	3,4	4,0	3,8	3,6
70	3,6	4,0	4,0	3,8	3,7	4,0	3,9	4,0
71	3,8	4,0	3,9	3,9	3,7	3,0	3,9	3,9
72	4,0	4,0	3,8	3,6	3,6	4,0	3,8	4,0
73	3,9	3,9	3,9	3,6	3,7	3,0	3,9	4,0
74	4,0	3,9	3,9	3,6	3,7	4,0	3,9	4,0
75	4,0	4,0	3,8	4,0	3,6	4,0	4,0	4,0
76	4,0	4,0	4,0	3,9	3,6	4,0	4,0	4,0
77	3,8	4,0	4,0	3,6	3,9	4,0	4,0	4,0
78	3,8	3,6	3,8	3,6	4,0	4,0	3,6	3,8
79	3,8	3,7	3,8	3,8	3,9	4,0	3,7	3,8
80	3,9	3,6	3,8	3,6	4,0	4,0	3,6	3,8
81	4,0	3,8	3,8	3,8	4,0	4,0	3,8	3,8
82	3,8	3,8	3,9	3,8	4,0	4,0	3,8	3,9
83	4,0	3,4	3,9	3,9	3,8	4,0	3,4	3,9
84	3,8	3,9	3,9	3,9	3,8	4,0	3,9	3,9
85	3,8	3,8	3,9	3,9	3,8	4,0	3,8	3,9
86	3,8	3,5	3,9	3,9	3,8	4,0	3,5	3,9
87	3,8	3,5	3,9	3,8	3,8	4,0	3,5	3,9
88	4,0	3,8	3,8	3,9	4,0	4,0	3,8	3,8
89	3,8	3,5	4,0	3,9	3,8	4,0	3,5	4,0
90	3,7	3,6	3,9	3,8	3,7	4,0	3,6	3,9
Hilton	3,8	3,6	3,8	3,9	3,8	4,0	3,6	3,8
Create	0,0	0,6	0,4	0,3	0,0	0,0	0,6	0,4

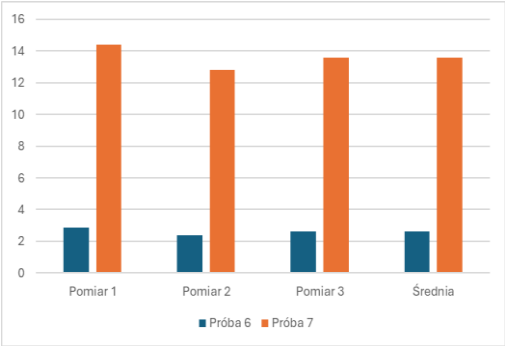
!!! Wszystkie badane 90 rodów hodowlanych rzepaku było podatnych na kiłę kapusty (*Plasmidiophora brassicae*)

Temat 3: Piramidyżacja odporności na patotypy *Plasmodiophora brassicae* w wysokoplennych formach *Brassica napus* typu canola

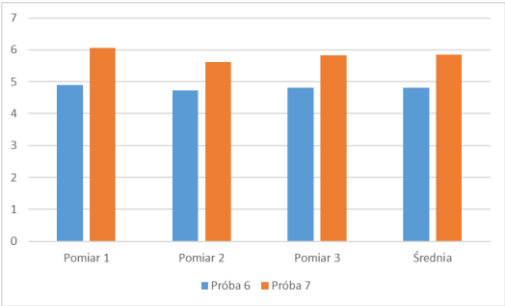
CEL: analiza odporności materiałów hodowlanych rzepaku na kiłę kapusty



Ilość genomowego DNA *Plasmodiophora brassicae* po izolacji DNA i po PCR



L.p.	Kod linii rzepaku	Patotyp <i>P. brassicae</i>			Średnie porażenie	Odporność na patotyp
		1	2	3		
1	OI 21 DH 6420	1,6	3,7	3,9	3,07	1
2	OI 21 DH 6432	1,3	4,0	1,3	2,20	1,3
3	OI 21 DH 9366	1,7	2,1	3,9	2,57	1,(2)
4	OI 21 DH 9389	0,5	0,4	3,5	1,47	1,2
5	OI 21 DH 2212	0,4	0,3	0,6	0,43	1,2,3
6	OI 21 DH 2145	2,7	2,6	3,8	3,03	-
7	SM 01-25	2,8	0,5	2,9	2,07	2
8	SM 02-25	2,2	1,2	3,8	2,40	(1),2
9	SM 03-25	1,1	1,5	3,6	2,07	1,2
10	SM 04-25	2,7	4,0	3,9	3,53	(1)
11	SM 05-25	2,9	3,4	3,5	3,27	-
12	SM 06-25	3,2	0,5	4,0	2,57	2
13	MAH 25/36	0,7	1,3	4,0	2,00	1,2
14	MAH 25/37	1,5	1,3	3,8	2,20	1,2
15	MAH 25/38	3,0	1,7	1,9	2,20	2,3
16	MAH 25/39	3,6	0,3	2,9	2,27	2
17	MAH 25/40	4,0	0,6	4,0	2,87	2
18	MAH 25/41	2,4	1,9	4,0	2,77	2



Wyniki testu odpornościowego wskazują na skuteczność polskich stacji hodowli w walce z kiłą kapusty *P. brassicae*

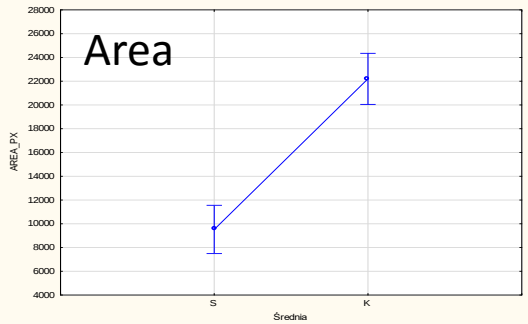
Temat 4: Tolerancja rzepaku na zgniliznę twardzikową

CEL: Oznaczenie powiązania pomiędzy fenomem roślin rzepaku a tolerancją na zgniliznę twardzikową w doświadczeniu polowym

Układ doświadczenia polowego w sezonie badawczym 2024/2025

pas zakrzewień i drzew													
obsiew													
T R A W N I K	obsiew	nr polowy		nr polowy		nr polowy		nr polowy		nr polowy		nr polowy	
		16	16	11	32	13	48	16	64	11	80	13	96
		15	15	2	31	3	47	15	63	2	79	3	95
		14	14	8	30	9	46	14	62	8	78	9	94
		13	13	4	29	16	45	13	61	4	77	16	93
		12	12	7	28	1	44	12	60	7	76	1	92
		11	11	5	27	4	43	11	59	5	75	4	91
		10	10	6	26	8	42	10	58	6	74	8	90
		9	9	14	25	12	41	9	57	14	73	12	89
		8	8	15	24	5	40	8	56	15	72	5	88
		7	7	16	23	2	39	7	55	16	71	2	87
		6	6	3	22	10	38	6	54	3	70	10	86
		5	5	13	21	15	37	5	53	13	69	15	85
		4	4	1	20	7	36	4	52	1	68	7	84
		3	3	9	19	6	35	3	51	9	67	6	83
		2	2	12	18	14	34	2	50	12	66	14	82
		1	1	10	17	11	33	1	49	10	65	11	81
obsiew													
D R O G A													

Zastosowano kamery multispektralne umieszczone na dronie i kombajnie do opisania różnic między łanem rzepaku z roślinami zdrowymi oraz porażonymi grzybem *Sclerotinia sclerotiorum*, wywołującym zgniliznę twardzikową.



Exemplary graph showing significant differences between healthy and infected plants



Sensor RGB oraz cztery kanały spektralne: Green (550 nm), Red (660 nm), Red Edge (735 nm), Near infrared (790 nm).

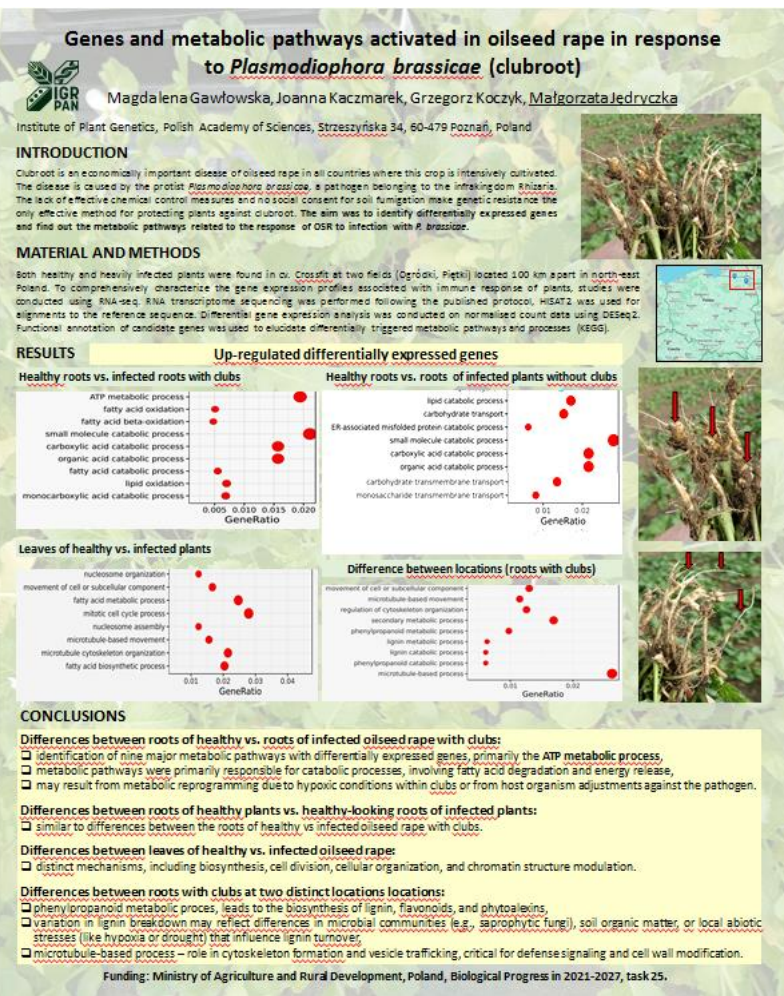


Panel sterujący

W warunkach stacjonarnych rośliny inokulowane grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* charakteryzowały się istotnie większą powierzchnią (AREA), obwodem (PERIMETER), szerokością i wysokością (WIDTH/HEIGHT) w porównaniu z roślinami zdrowymi, przy jednocześnie niższym współczynniku zwartości (COMPACTNESS), co wskazuje na rozrost i deformację strukturalną. Wartości barwne (RGB) w większości zakresów były wyższe dla roślin porażonych, co może świadczyć o degradacji chlorofilu i występowaniu martwicy tkanek charakterystycznej dla postępującej infekcji patogenem.

Promocja wyników zadania MRiRW25

Konferencja 14th Conference of the European Foundation for Plant Pathology, 2-5 czerwca 2025 Uppsala, Szwecja



Gawłowska M., Kaczmarek J., Koczyk G., Jędrzycka M. (2025). Genes and metabolic pathways activated in oilseed rape in response to *Plasmodiophora brassicae* (clubroot)

King KM, [...] Kaczmarek J, Jędrzycka M, West JS. Decreased DMI sensitivity of *Plenodomus biglobosus* (phoma of oilseed rape) associated with CYP51 substitution G476S. Pest Manag Sci. (2025) doi: 10.1002/ps.8926



Chorobotwórczy grzyb *Plenodomus biglobosus* – występowanie w Polsce i charakterystyka gatunku



Małgorzata Jędrzycka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań



Pest Management Science



Research Article | Open Access | 10.1002/ps.8926

Decreased DMI sensitivity of *Plenodomus biglobosus* (phoma of oilseed rape) associated with CYP51 substitution G476S

Kevin M King, Liza M González-Rodríguez, Joanna Kaczmarek, Małgorzata Jędrzycka, Jonathan S West

First published: 28 May 2025 | <https://doi.org/10.1002/ps.8926> | Citations: 1

SECTIONS

PDF TOOLS SHARE

Abstract

BACKGROUND

Phoma leaf spot/stem canker is an international oilseed rape (*Brassica napus*) disease caused by *Plenodomus lingam* (Pl) and *Plenodomus biglobosus* (Pb). Phoma management can include fungicide applications, often sterol 14α-demethylase (CYP51) inhibitors (DMIs). Pl and Pb isolates (collected throughout Poland in 2024) were screened for *in vitro* sensitivity to the DMI prothioconazole-dethio, and molecular mechanisms associated with altered sensitivity were investigated.

RESULTS

Pl isolates (2024) were less sensitive (4-fold) than older (before 2002) isolates. All Pl (2024) isolates carried CYP51 promoter inserts, likely a *Sahana* transposable element (TE) fragment, previously associated with CYP51 overexpression and decreased DMI sensitivity. In addition, Pb isolates with decreased DMI sensitivity were also identified, but without such TE inserts. CYP51 gene sequencing instead revealed substitution G476S that was absent in more-sensitive G476 isolates. G476S homologues have been linked to decreased DMI sensitivity in multiple other fungi. Pb G476S isolates were less sensitive (7.3-fold) than Pb G476, widespread throughout Poland, and comprised 14 of 24 (58%) Pb isolates tested. Although CYP51 promoter inserts were detected in 2 of 24 (8%) Pb isolates, these were promoter sequence duplications (not TEs) and not obviously associated with decreased sensitivity. Pl isolates carrying promoter inserts (predominant in recently tested European populations) were more sensitive (2.6-fold) than Pb G476S, but less sensitive (2.8-fold) than Pb G476.

CONCLUSION

We provide first evidence for a CYP51 substitution associated with decreased DMI sensitivity in Pb. Result implications for phoma management, how DMI usage might influence pathogen population structure, resistance management strategies and future research required are discussed. © 2025 The Author(s). *Pest Management Science* published by John Wiley & Sons Ltd on behalf of Society of Chemical Industry.

Konferencja naukowa Polskiego Towarzystwa Botanicznego, 29 czerwca - 3 lipca 2025 r., Katowice