

**SPRAWOZDANIE MERYTORYCZNE****z realizacji zadania na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w 2020 roku****A. INFORMACJE OGÓLNE**

Tytuł zadania <b>Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów</b>
Numer zadania <i>(w załączniku nr 8 do rozporządzenia Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 27 lipca 2017 r. w sprawie stawek dotacji przedmiotowych dla różnych podmiotów wykonujących zadania na rzecz rolnictwa (Dz. U. z 2017 r. poz. 1470))</i> <b>31</b>
Planowany okres realizacji zadania <b>12 miesięcy</b>
Planowane nakłady w zł <b>72 000</b>

**B. DANE WNIOSKODAWCY**

Imię i nazwisko osoby reprezentującej jednostkę badawczą, tytuł lub stopień naukowy, stanowisko, nazwa i adres jednostki badawczej, telefon, fax)

**Bartosz Sołowiej, dr hab., profesor uczelni, Prorektor ds. Nauki i Współpracy z Zagranicą  
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie  
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin  
Telefon: 81-445-60-66; Fax: 81-533-35-49, e-mail: biuro.rektora@up.lublin.pl**

## C. INFORMACJA O WYKONAWCACH

### 1. Zespół badawczy

kierownik zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Edyta Paczos-Grzęda	dr hab., prof. uczelni	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
wykonawcy zadania		
imię i nazwisko	stopień i tytuł naukowy	miejsce zatrudnienia
Sylwia Sowa	dr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Aneta Koroluk	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Ewelina Marek	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Joanna Toporowska	mgr inż.	Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

2. Kierownik zadania (imię, nazwisko, tytuł lub stopień naukowy, adres do korespondencji, telefon bezpośredni i do sekretariatu jednostki organizacyjnej zatrudniającej kierownika zadania, e-mail kierownika; telefon do oraz dane osoby, z którą można się kontaktować w razie nieobecności kierownika zadania)

**Edyta Paczos-Grzęda, dr hab., prof. uczelni**  
**Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie**  
**Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin**  
**ul. Akademicka 15**  
**20-934 Lublin**  
**tel. bezp. (81) 445-68-66, kom. 504098872, sekretariat (81) 445-68-84**  
**edyta.paczos@up.lublin.pl**

*osoba do kontaktu w razie nieobecności kierownika zadania:*

**Sylwia Sowa, dr inż.**  
**Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie**  
**Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin**  
**ul. Akademicka 15**  
**20-934 Lublin**  
**tel. (81) 445-68-84, kom. 509089757**  
**sylwia.sowa@up.lublin.pl**

## D. OPIS ZADANIA

### 1. Cele zadania

Lp.	Cel	Czy cel został zrealizowany
1	Określenie patogeniczności izolatów <i>Puccinia coronata</i> zebranych w roku 2019.	TAK
2	Ocena odporności na rdzę koronową wyprowadzonych w ramach projektu mieszańców wielogenowych.	TAK
3	Uzyskanie mieszańców o złożonych kombinacjach genów <i>Pc</i> .	TAK
4	Genotypowanie populacji E630 ( <i>Pc50U</i> × Kasztan) i E983 (Kasztan × <i>Pc50K</i> ) z wykorzystaniem całogenomowych analiz polimorfizmu.	TAK
5	Próba konwersji na markery specyficzne sekwencji DArTseq sprzężonych z obecnością genów <i>Pc50U</i> i <i>Pc50K</i> .	TAK

### 2. Harmonogram realizacji zadania

Harmonogram realizacji zadania należy sporządzić w tabeli, dla każdego z planowanych tematów badawczych z uwzględnieniem ilości planowanych testów/prób/linii na których prowadzone będą badania. Proszę podać koszty realizacji poszczególnych tematów badawczych.

Proszę wyróżnić etapy (tematy badawcze), określić czas ich trwania w miesiącach od rozpoczęcia projektu i przewidywane koszty. Terminy realizacji tematów badawczych mogą się zazębiać. Suma kosztów tematów badawczych musi być równa całkowitemu kosztowi zadania.

Lp.	Nazwa tematu badawczego	Termin rozpoczęcia – zakończenia realizacji tematu badawczego w miesiącach od rozpoczęcia realizacji zadania	Przewidywane koszty realizacji tematu badawczego
1.	Określenie spectrum patogeniczności izolatów <i>Puccinia coronata</i> zebranych w roku 2019 oraz identyfikacja genotypów odpornych wśród uzyskanych mieszańców wielogenowych. (obejmuje tematy badawcze 1 i 2 planu wieloletniego)	1-6	16 000
2.	Piramidyzacja genów <i>Pc</i> . (temat badawczy 4 planu wieloletniego)	4-6	16 000
3.	Genotypowanie form rodzicielskich i mieszańców F <sub>2</sub> z wykorzystaniem całogenomowych analiz polimorfizmu. (obejmuje tematy badawcze 5,6 i 7 planu wieloletniego)	7-9	28 000
4.	Konwersja markerów losowych na specyficzne. (temat badawczy 8 planu wieloletniego)	10-12	12 000
<b>Razem</b>			<b>72 000</b>

UWAGA: Nie są tematami badawczymi czynności techniczne służące wykonaniu zadania np. zakup materiałów, utrzymanie roślin w szklarni, opracowanie statystyczne wyników, opracowanie raportów i sprawozdań.

**3. Opis tematów badawczych** (należy sporządzić opis dla tematów badawczych wymienionych w tabeli powyżej; kolejność zgodnie z tabelą powyżej)

**3. 1. Określenie spectrum patogeniczności izolatów *Puccinia coronata* zebranych w roku 2019 oraz identyfikacja genotypów odpornych wśród uzyskanych mieszańców wielogenowych.**

Cel tematu badawczego 1

- \* Utrzymanie kolekcji 45 linii referencyjnych dla genów odporności na rdzę koronową owsa.
- \* Określenie patogeniczności 40 izolatów *Puccinia coronata* wyprowadzonych z populacji skolekcjonowanych w roku 2019 w Czesławicach, Kopaszewie, Polanowicach i Strzelcach względem 45 linii referencyjnych
- \* Identyfikacja genotypów odpornych na *Puccinia coronata* wśród uzyskanych mieszańców wielogenowych.

### Wyniki

W celu zobrazowania wirulencji populacji rdzy koronowej występującej w 2019 roku na terenie Polski materiał do badań pobierano z miejsc hodowli owsa, gdzie spodziewano się największej presji selekcyjnej na populację patogenu. Wyniki porażenia 45 linii referencyjnych z genami *Pc* w stadium siewki przez izolaty wyprowadzone z populacji zebranych w Czesławicach, Kopaszewie, Polanowicach i Strzelcach przedstawiono za pomocą wartości procentowych (Tab.1). Izolaty wyprowadzone z populacji zebranych w Kopaszewie wykazały całkowitą awirulencję względem 32 linii z genami *Pc*, populacja *P. coronata* ze Strzelec była awirulentna wobec 31 testowanych linii, natomiast populacja z Polanowic, wobec 30 linii z genami odporności na rdzę koronową. Populacja patogenu zebrana w Czesławicach wykazała się największą zjadliwością i tylko 23 genów *Pc* pozostawało w pełni efektywnych względem izolatów pochodzących z tej lokalizacji (Tab.1, Wyk.1).

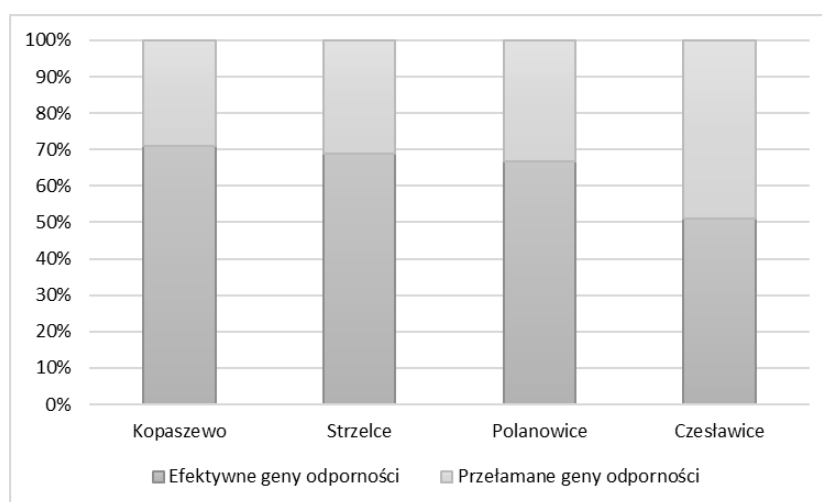
Tab. 1. Ocena porażenia 45 linii referencyjnych z genami odporności na rdzę koronową (*Pc*) przez izolaty *P. coronata* f. sp. *avenae* zebrane w Czesławicach, Kopaszewie, Polanowicach i Strzelcach

Kolorem szarym oznaczono całkowitą awirulencję wszystkich izolatów zebranych w danym miejscu względem poszczególnych genów *Pc*

Gen	Czesławice	Kopaszewo	Polanowice	Strzelce
<b>Kontrola</b>	100%	100%	100%	100%
<i>Pc14</i>	14%	13%	25%	3%
<i>Pc35</i>	41%	23%	50%	53%
<i>Pc36</i>	21%	0%	11%	3%
<i>Pc38</i>	90%	53%	64%	80%
<i>Pc39</i> Kan	24%	3%	11%	7%
<i>Pc39</i> USA	24%	3%	11%	7%
<i>Pc40</i> Kan	3%	30%	32%	20%
<i>Pc40</i> USA	3%	20%	32%	13%
<i>Pc45</i>	31%	30%	46%	50%
<i>Pc46</i> Kan	10%	13%	25%	10%
<i>Pc46</i> USA	0%	0%	7%	0%
<i>Pc48</i> Kan	10%	27%	0%	13%
<i>Pc48</i> USA	10%	17%	0%	10%
<i>Pc50</i> Kan	0%	0%	0%	0%
<i>Pc50</i> USA	3%	0%	18%	0%
<i>Pc51</i> Kan	0%	0%	0%	0%
<i>Pc51</i> USA	0%	0%	0%	0%
<i>Pc52</i>	0%	0%	0%	0%
<i>Pc53</i>	7%	0%	4%	7%

Gen	Czesławice	Kopaszewo	Polanowice	Strzelce
<b>Kontrola</b>	100%	100%	100%	100%
<i>Pc54</i>	28%	40%	39%	20%
<i>Pc55</i>	24%	30%	36%	10%
<i>Pc56</i>	24%	50%	71%	17%
<i>Pc57</i>	0%	0%	0%	0%
<i>Pc58 Kan</i>	7%	0%	11%	10%
<i>Pc58 USA</i>	21%	10%	14%	10%
<i>Pc59 Kan</i>	0%	0%	4%	3%
<i>Pc59 USA</i>	0%	0%	0%	0%
<i>Pc60</i>	10%	7%	7%	13%
<i>Pc61 USA</i>	21%	0%	11%	17%
<i>Pc62</i>	34%	13%	7%	57%
<i>Pc63 USA</i>	48%	23%	18%	23%
<i>Pc64</i>	41%	13%	32%	27%
<i>Pc68</i>	3%	0%	0%	0%
<i>Pc70</i>	17%	0%	11%	3%
<i>Pc71</i>	0%	0%	0%	0%
<i>Pc91</i>	0%	0%	0%	0%
<i>Pc94 Kan</i>	10%	3%	14%	3%
<i>Pc94 USA</i>	3%	7%	14%	0%
<i>Pc96 Kan</i>	0%	0%	7%	3%
<i>Pc96 USA</i>	0%	0%	0%	7%
<i>Pc97 Kan</i>	48%	40%	50%	40%
<i>Pc98 Kan</i>	0%	0%	4%	0%
<i>Pc101 Kan</i>	0%	0%	4%	7%
<i>Pc103-1 Kan</i>	52%	40%	54%	53%
<i>Pc104 Kan</i>	0%	0%	0%	0%

Wśród testowanych 45 linii referencyjnych z genami odporności (*Pc*) w stadium siewki najsilniej porażona była linia *Pc38*, względem której wirulencję wykazało ponad 50% izolatów z Czesławic, Kopaszewa i Strzelca (Wyk.2). Bardzo niskim poziomem odporności wykazały się również linie z genami *Pc55*, *Pc62*, *Pc63 USA* *Pc64*, *Pc54*, *Pc45*, *Pc56*, *Pc35*, *Pc97 Kan* oraz *Pc103-1 Kan*. Pełną odpornością w stadium siewki charakteryzowały się linie zawierające geny *Pc50 Kan*, *Pc51 Kan*, *Pc51 USA*, *Pc52*, *Pc57*, *Pc59 USA*, *Pc71*, *Pc91* oraz *Pc104*, które nie zostały przełamane przez żaden z testowanych izolatów. Odporność warunkowaną genami *Pc68*, *Pc98 Kan*, *Pc96 Kan*, *Pc59 Kan* oraz *Pc46 USA* przełamały w niewielkim stopniu jedynie pojedyncze izolaty, ponadto wysokim poziomem odporności wykazały się linie z genami *Pc101 Kan*, *Pc96 Kan* i *Pc53*.



Wyk. 1. Wirulencja izolatów *P. coronata* wyprowadzonych z populacji w Czesławicach, Polanowicach, Kopaszewie i Strzelcach względem testowanych linii referencyjnych z genami *Pc*.

Tab. 2. Wyniki testu laboratoryjnego żywiciel-patogen, przeprowadzonego w stadium siewki na potomstwie F<sub>2</sub> 4 kombinacji mieszańców wielogenowych reprezentowanych przez 2 populacje.

Populacja mieszańcowa F <sub>2</sub>	Fenotyp (O-Odporny; W-Wrażliwy)	Izolaty <i>P. coronata</i> wykorzystane do testu. W nawiasach zaznaczone geny <i>Pc</i> z testowanych kombinacji, które są przelamywane przez izolat na podstawie jego profilu wirulencji					Komponenty rodzicielskie mieszańca	
		241 ( <i>Pc52U</i> )	CR 233 ( <i>Pc39U</i> , <i>Pc70U</i> )	230 ( <i>39U</i> , <i>Pc60U</i> , <i>Pc70U</i> , <i>Pc91U</i> )	257 ( <i>Pc39U</i> , <i>Pc70U</i> )	241/19 ( <i>Pc39U</i> , <i>Pc52U</i> , <i>Pc91U</i> )	Forma mateczna	Forma ojcowska
1080/3	O	71	5	15	22	7	1004 ( <i>Pc60</i> x <i>Celer</i> )	1001 ( <i>Pc52</i> x <i>Celer</i> )
	W	19	85	74	67	83		
1088/3	O	54	70	57	14	11		
	W	19	3	16	1	4		
1081/1	O	97	94	76	24	24	1001 ( <i>Pc52</i> x <i>Celer</i> )	1004 ( <i>Pc60</i> x <i>Celer</i> )
	W	0	3	21	0	0		
1081/2	O	76	5	0	39	32		
	W	21	92	97	58	65		
1084a/1	O	63	66	67	65	26	1003 ( <i>Pc52</i> x (968 552/240 x 310/798))	1006 ( <i>Pc70</i> x <i>Celer</i> )
	W	26	24	23	24	64		
1084a/2	O	75	65	25	64	5		
	W	15	25	5	26	85		
1097/1	O	72	3	0	25	12	1006 ( <i>Pc70</i> x <i>Celer</i> )	1004 ( <i>Pc60</i> x <i>Celer</i> )
	W	0	69	72	47	60		
1097/2	O	67	53	0	53	59		
	W	5	19	72	19	13		

Z wykorzystaniem testu żywiciel-patogen przetestowano pokolenie F<sub>2</sub> czterech kombinacji mieszańców wielogenowych: 1004 x 1001 reprezentowanej przez 1080/3 oraz 1088/3; 1001 x 1004, które reprezentowały 1081/1 oraz 1081/2; 1003 x 1006 reprezentowanej przez 1084a/1 1084a/2, a także 1006 x 1004, dla której przetestowano populacje 1097/1 i 1094/2 (Tab.2). W mieszańcach sprawdzano obecność genów *Pc* w różnych kombinacjach. W teście wykorzystano 5 izolatów *P. coronata* o zróżnicowanej wirulencji: izolat 241, który ma zdolność przełamania *Pc52*, izolat CR233, który przełamuje *Pc39* i *Pc70*, izolat 230 przełamujący *Pc39*, *Pc60*, *Pc70* oraz *Pc91*, izolat 257 przełamujący *Pc39* i *Pc70*, a także izolat 241/19, który ma zdolność przełamania *Pc39*, *Pc52* i *Pc91*. Uzyskane wyniki wskazują, że w większości testowanych mieszańców obecnych jest więcej niż jeden gen odporności na rdzę koronową (*Pc*).

### Mierniki dla tematu badawczego 1

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba izolatów analizowanych pod kątem patogeniczności względem 45 linii referencyjnych.	40	40
2.	Liczba analizowanych kombinacji wielogenowych.	4	4

### 3. 2. Piramidyżacja genów *Pc*.

Cel tematu badawczego 2

\* Piramidyżacja genów *Pc* w efekcie krzyżowań mieszańców wielogenowych z polskimi odmianami owsa

#### Wyniki

Przeprowadzono krzyżowania mające na celu uzyskanie mieszańców pomiędzy 3 najlepszymi pod względem cech plonotwórczych polskimi odmianami owsa, takimi jak Rambo, Pablo oraz linią 10056/8/1/2, a mieszańcami wielogenowymi F<sub>1</sub> uzyskanymi w ciągu wieloletnich krzyżowań kumulujących geny *Pc*.

W celu uzyskania mieszańców wykastrowano 424 kwiatki w 37 wiechach uzyskując 65 ziarniaków (Tab. 3). Z uwagi na to, że nie urósł mieszaniec (Celer x Pc50U) x (Celer x Pc59U), 3 najlepsze odmiany skrzyżowano z mieszańcem wielogenowym (Pc59U x Celer) x (Pc50U x Celer), co dało taki sam zestaw genów. Nie urósł także mieszaniec [1001 (Pc52×Celer Pc39) × 1004 (Pc60×Celer Pc39)] × [1001 (Pc52×Celer Pc39) × 1002 (Pc52×NAM2 Pc91)], dlatego odmiany skrzyżowano z mieszańcem [1006 (Pc70×Celer Pc39) × 1004 (Pc60×Celer Pc39)] × [1001 (Pc52×Celer Pc39) × 1002 (Pc52×NAM2 Pc91)], które również zawierały ten sam zestaw genów jak w planowanym mieszańcu. Dodatkowo forma ta niosła w sobie gen *Pc70*. Średnia efektywność krzyżowania wyniosła 10,89% wahając się od 0,00% do 43,33%. Uzyskano od jednego do 19 ziarniaków mieszańcowych. W sumie uzyskano 8 kombinacji wielogenowych. Trzy kombinacje trójgenowe, dwie czterogenowe i trzy pięciogenowe. 24 ziarniaki z odmianą Rambo, 4 z Pablo i 36 z linią 10056/8/1/2.

Tab. 3. Efektywność krzyżowań odmian z mieszańcami.

Forma mateczna	Forma ojcowska	Liczba wykastrowanych i zapylonych wiech	Liczba wykastrowanych i zapylonych kwiatków	Liczba zawiązanych ziarniaków	Efektywność krzyżowania (%)	Geny
Rambo	(Pc59U x Celer) x (Pc50U x Celer)	1	8	0	0,00	39,50U,59U
	(Celer x Pc59U) x (Celer x Pc 50U)	1	14	0	0,00	39,50U,59U
	(Celer x Pc50U) x (Celer x Pc50K)	2	30	13	43,33	39,50U,50K
	(Celer x Pc50K) x (Celer x Pc50U)	2	22	3	13,64	39,50U,50K
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	2	24	0	0,00	39,52,60,91
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)]	1	14	2	14,29	39,52,60,70,91
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	2	18	0	0,00	39,52,60,70
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	1	14	6	42,86	39,52,60,70
Pablo	(Pc59U x Celer) x (Pc50U x Celer)	2	22	2	9,09	39,50U,59U
	(Celer x Pc59U) x (Celer x Pc 50U)	1	14	1	7,14	39,50U,59U
	(Celer x Pc50U) x (Celer x Pc50K)	1	12	0	0,00	39,50U,50K
	(Celer x Pc50K) x (Celer x Pc50U)	2	20	0	0,00	39,50U,50K
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	2	24	0	0,00	39,52,60,91
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)]	1	9	1	11,11	39,52,60,70,91
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	1	10	0	0,00	39,52,60,70
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	1	8	0	0,00	39,52,60,70
10056/8/1/2	(Pc59U x Celer) x (Pc50U x Celer)	3	34	5	14,71	39,50U,59U
	(Celer x Pc59U) x (Celer x Pc 50U)	2	51	19	37,25	39,50U,59U
	(Celer x Pc50U) x (Celer x Pc50K)	2	7	0	0,00	39,50U,50K
	(Celer x Pc50K) x (Celer x Pc50U)	2	8	0	0,00	39,50U,50K
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	1	9	0	0,00	39,52,60,91
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1002 (Pc52xNAM2 Pc91)]	1	9	2	22,22	39,52,60,70,91
	[1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	1	13	0	0,00	39,52,60,70
	[1006 (Pc70x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)] x [1001 (Pc52x Celer Pc39) x 1004 (Pc60x Celer Pc39)]	2	30	10	33,33	39,52,60,70
<b>Suma</b>	<b>37</b>	<b>424</b>	<b>64</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	
<b>Średnia</b>	<b>1,54</b>	<b>17,67</b>	<b>2,71</b>	<b>10,89</b>	<b>-</b>	

### Mierniki dla tematu badawczego 2

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba uzyskanych kombinacji mieszańcowych	8	8



### 3.3. Genotypowanie form rodzicielskich i mieszańców F<sub>2</sub> z wykorzystaniem całogenomowych analiz polimorfizmu

- \* Analiza polimorfizmu DArTseq 45 linii reprezentujących populację mapującą F<sub>2</sub> E630 (Pc50U × Kasztan) i 45 linii populacji E983 (Kasztan × Pc50K) oraz form rodzicielskich.

#### Wyniki

Genotypowaniu poddano 45 linii reprezentujących populację mapującą F<sub>2</sub> E630 (Pc50U × Kasztan) i 45 linii populacji E983 (Kasztan × Pc50K) oraz formy rodzicielskie tych populacji. W efekcie prowadzonych analiz uzyskano w sumie 91 788 markerów sekwencyjnych, w tym 53 130 markerów silicoDArT oraz 38 658 markerów DArTseq. Spośród uzyskanych markerów udało się przyporządkować markery GBS z bazy T3Oat do 12 423 markerów silicoDArT oraz 18 708 markerów DArTseq. Z kolei do genomu owsa, w jego pierwszej dostępnej wersji przyporządkowano odpowiednio 40 862 i 34 702 markerów silicoDArT i DArTseq

#### Mierniki dla tematu badawczego 3

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba roślin genotypowanych metodą DArTseq	94	94

### 3.4. Konwersja markerów losowych na specyficzne.

Cel tematu badawczego 4

- \* Próba konwersji na markery specyficzne sekwencji DArTseq i silicoDArT sprzężonych z obecnością genów Pc50K i Pc50U.

#### Wyniki

Na podstawie segregacji markerów DArTseq i silicoDArT zidentyfikowano sekwencje sprzężone z obecnością genu odporności Pc50U. Dla 10 najsilniej sprzężonych sekwencji o właściwej pozycji SNP zaprojektowano startery i przeprowadzono reakcje PCR.

Początkowo amplifikację prowadzono w obecności DNA 3 homozygotycznych roślin odpornych i 3 porażonych reprezentujących populację E630 z genem Pc50U, z wykorzystaniem 67 par starterów. Po przeanalizowaniu elektroforegramów do dalszej analizy wybrano 16 najlepiej segregujących par starterów i nastawiono reakcje na JumpStart MM w gradiencie temperatur dobranych zgodnie z temperaturą topnienia poszczególnych starterów, dla 4 odpornych i 4 porażonych roślin. Po przeanalizowaniu wyników wybrano 10 najlepszych par oraz optymalnych dla nich temperatur i nastawiono reakcje na większej liczbie DNA (12 odpornych i 12 porażonych roślin) w celu potwierdzenia prawidłowości segregacji. W kolejnym etapie analiz przeprowadzono reakcje amplifikacji dla wszystkich roślin z populacji E630 dla 6 najlepiej segregujących par starterów. Najlepiej segregująca para starterów dawała produkt o masie ok. 80 pz, który był obecny u homozygot odpornych, heterozygot, ale także u niektórych porażonych form.

Na podstawie segregacji markerów DArTseq i silicoDArT zidentyfikowano także sekwencje sprzężone z obecnością genu odporności Pc50K. Dla 10 najsilniej sprzężonych sekwencji o właściwej pozycji SNP zaprojektowano startery i przeprowadzono reakcje PCR.

Początkowo amplifikację prowadzono w obecności DNA 3 homozygotycznych roślin odpornych i 3 porażonych reprezentujących populację E983 z genem Pc50K, z wykorzystaniem 36 par starterów. Po przeanalizowaniu elektroforegramów do dalszej analizy wybrano 18 najlepiej segregujących par starterów i nastawiono reakcje na Jump Start MM w gradiencie temperatur dobranych zgodnie z temperaturą topnienia poszczególnych starterów, dla 4 odpornych i 4 porażonych

roślin. Po przeanalizowaniu wyników wybrano 9 najlepszych par oraz optymalnych dla nich temperatur i nastawiono reakcje na większej liczbie DNA (12 odpornych i 12 porażonych roślin) w celu potwierdzenia prawidłowości segregacji. W kolejnym etapie analiz przeprowadzono reakcje amplifikacji dla wszystkich roślin z populacji E983 dla 5 najlepiej segregujących par starterów (Fot. 6). Z każdej z tych reakcji otrzymano produkty wielkości ok. 80 pz segregujące pod względem odporności roślin z populacji E983.

#### Mierniki dla tematu badawczego 4

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
1.	Liczba sekwencji DArTseq i silicoDArT konwertowanych do warunków specyficznego PCR	20	20

**4. Planowana prezentacja wyników badań** (podać w tabeli - należy wymienić konferencje, na których zaprezentowano wyniki i wymienić publikacje, przygotowane i przyjęte do druku w trakcie realizacji zadania w danym roku).

Prezentacja wyników na konferencjach				
lp.	konferencja	prezentacja	liczba prezentacji podana w opisie zadania	liczba prezentacji zrealizowana
-	VI Polski Kongres Genetyki, Kraków, 14-17.09.2020 r.	poster	2	0*
	Bioprotection - Global Plant Health and Product Safety Lublin, 23-25.09.2020 r.	poster	2	0*
Publikacje w monografiach/czasopismach recenzowanych				
lp.	monografia/czasopismo	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana
-	-	-	-	-

\*konferencje odwołano z powodu epidemii COVID-19.

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

<http://www.up.lublin.pl/badania-gen>

#### 6. Miernik zadania - stopień realizacji.

Lp.	miernik	wartość miernika podana w opisie zadania	wartość miernika zrealizowana	stopień realizacji zadania
1	2	3	4	5
temat badawczy 1				
1.1	Liczba izolatów analizowanych pod kątem patogeniczności względem 45 linii referencyjnych.	40	40	100
1.2	Liczba analizowanych kombinacji wielogenowych	4	4	100
temat badawczy 2				
2.1	Liczba uzyskanych kombinacji mieszańcowych	8	8	100
temat badawczy 3				
3.1	Liczba roślin genotypowanych metodą DArTseq	94	94	100
temat badawczy 4				
4.1	Liczba sekwencji DArTseq i silicoDArT konwertowanych do warunków specyficznego PCR	20	20	100
			<b>ŚREDNIA</b>	100
			<b>% REALIZACJI ZADANIA</b>	100