

# **Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów**

Numer zadania: 31

Okres realizacji: 2014 - 2020

Wykonawcy projektu:

**dr hab. Edyta Paczos-Grzęda, prof. uczelni – kierownik projektu (edyta.paczos@up.lublin.pl)**

**dr inż. Sylwia Sowa**

**mgr inż. Aneta Koroluk**

**mgr inż. Joanna Toporowska**

**mgr inż. Ewelina Marek**

Miejsca realizacji projektu:

**Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie;**

**Danko Hodowla Roślin - Kopaszewo; Hodowla Roślin Strzelce; Małopolska Hodowla Roślin Polanowice**

W realizacji projektu uczestniczyli:

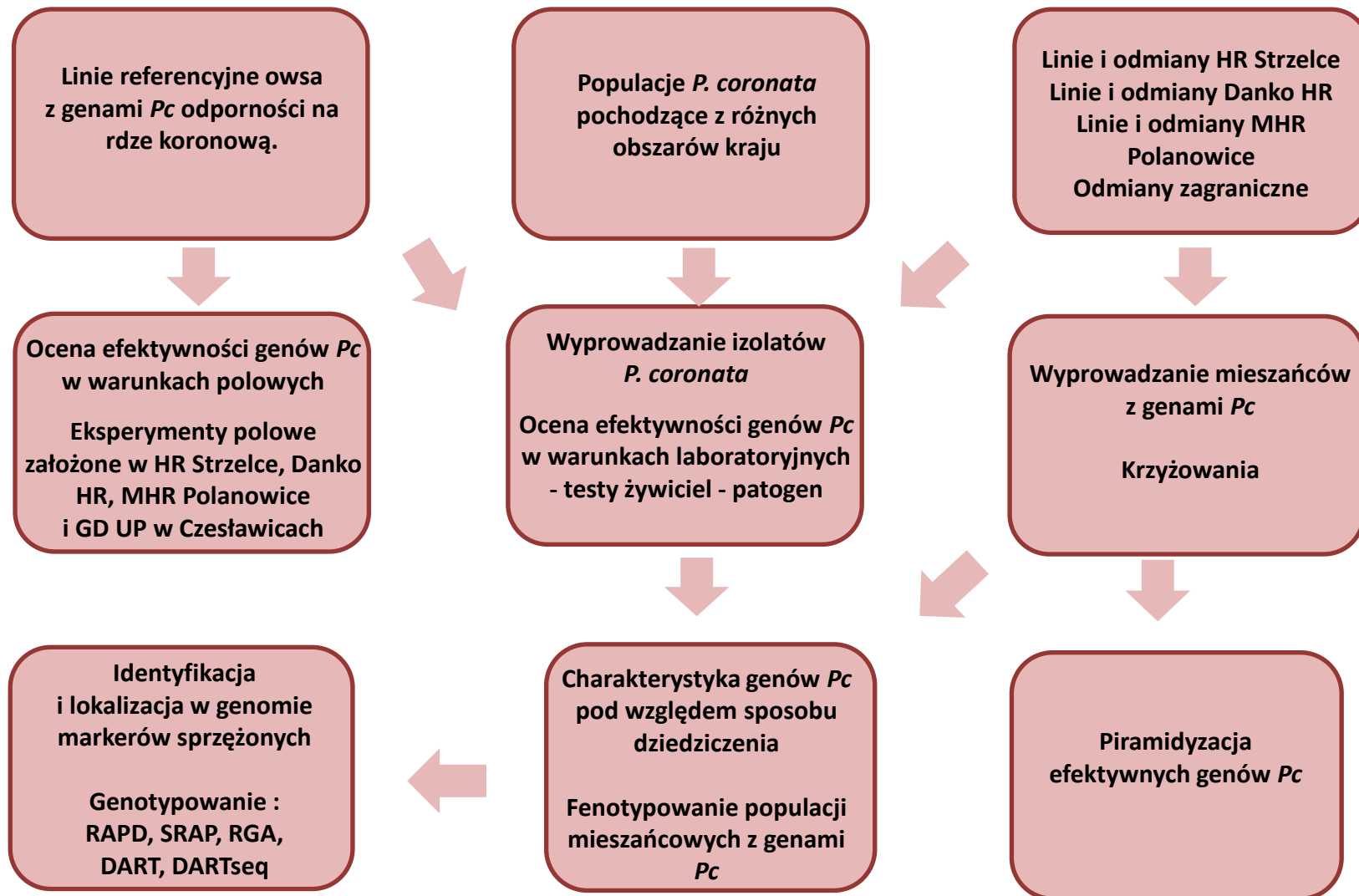
**Z. Nita, K. Werwińska, K. Job, A. Mokracka - HR Strzelce**

**K. Nowaczyk, M. Niewińska - DANKO HR, Kopaszewo**

**A. Bichoński, A. Kidacka - MHR Polanowice**

<b>Lp.</b>	<b>Cele projektu:</b>	<b>Czy cel został zrealizowany</b>
<b>1</b>	Stworzenie i utrzymanie kolekcji linii referencyjnych owsa z genami odporności na rdzę koronową.	<b>TAK</b>
<b>2</b>	Określenie spectrum patogeniczności izolatów <i>Puccinia coronata</i> pochodzących z różnych obszarów kraju.	<b>TAK</b>
<b>3</b>	Identyfikacja efektywnych w warunkach kraju genów odporności owsa na rdzę koronową.	<b>TAK</b>
<b>4</b>	Określenie podstaw odporności na rdzę koronową odmiany Celer.	<b>TAK</b>
<b>5</b>	Charakterystyka genów odporności na rdzę koronową pod względem sposobu dziedziczenia.	<b>TAK</b>
<b>6</b>	Piramidyzacja efektywnych w warunkach kraju genów odporności i wyprowadzenie w oparciu o polskie odmiany mieszańców o poprawionej odporności na rdzę koronową.	<b>TAK</b>
<b>7</b>	Opracowanie markerów molekularnych sprzężonych z efektywnymi genami odporności oraz ich lokalizacja na chromosomach owsa.	<b>TAK</b>

## Materiał i metody





- Cel 1. Stworzenie i utrzymanie kolekcji linii referencyjnych owsa z genami odporności na rdzę koronową.
- Cel 2. Określenie spectrum patogeniczności izolatów *P. coronata* pochodzących z różnych obszarów kraju.

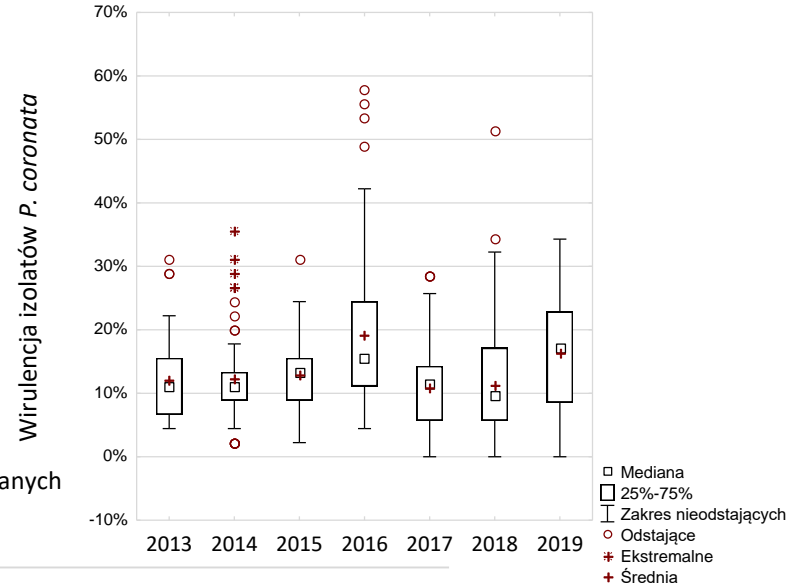
### Wyniki

W 2014 roku skompletowano kolekcję 45 linii referencyjnych owsa z genami odporności na rdzę koronową *Pc*, pochodzących z Iowa State University oraz AAFC Cereal Research Centre w Winnipeg w Kanadzie. W latach 2015-2020 linie referencyjne poddawano rozmnożeniu w warunkach polowych z zachowaniem izolacji w celu utrzymania kolekcji do dalszych badań. W latach 2014-2019 w celu określenia struktury populacji *P. coronata* zbierano populacje patogenu z różnych obszarów kraju. Z populacji wyprowadzono 250 izolatów i określono ich profile wirulencji. Poziom wirulencji izolatów wahał się od 0% do 58%, przy czym średnio wynosił 13% (Wyk.2.1.). Najwyższym poziomem wirulencji charakteryzowały się izolaty zebrane w 2016 (16%) i 2019 roku (19%). Izolaty średnio przełamwały 5 do 7 genów *Pc* (Wyk. 2.2). Ponad 75% izolatów stanowiły unikatowe patotypy, co świadczy o bardzo dużej zmienności populacji. Wskaźnik bioróżnorodności Simpsona oraz Shannon i Weaver dla *P. coronata* wynosiły średnio 9,89, a indeks Kosmana 0,234.

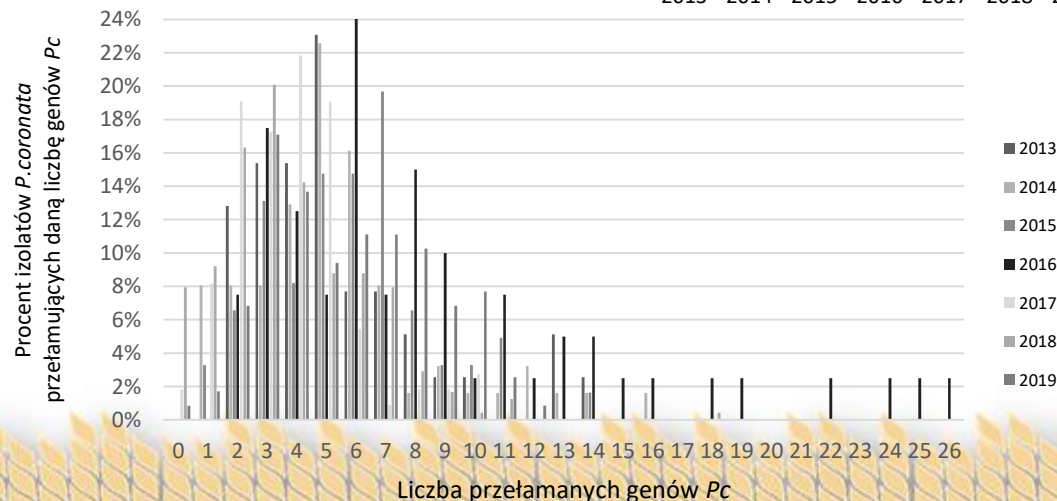
### Dyskusja i Wnioski

Badania umożliwiły ocenę struktury populacji *P. coronata* na terenie Polski, która charakteryzuje się bardzo dużą zmiennością i stosunkowo niską wirulencją. Pozyskane izolaty *P. coronata* o określonym profilu wirulencji mogą być wykorzystane w testach żywiciel-patogen do postulowania genów odporności na rdzę koronową w różnych formach owsa oraz do testowania materiałów wyjściowych i linii hodowlanych.

Wyk. 2.1. Wirulencja izolatów *P. coronata* zbieranych na terenie Polski w latach 2013-2019.



Tab. 2.2. Kompleksowość izolatów *P. coronata* zbieranych na terenie Polski w latach 2013-2019.



### Cel 3. Identyfikacja efektywnych w warunkach kraju genów odporności owsa na rdzę koronową.

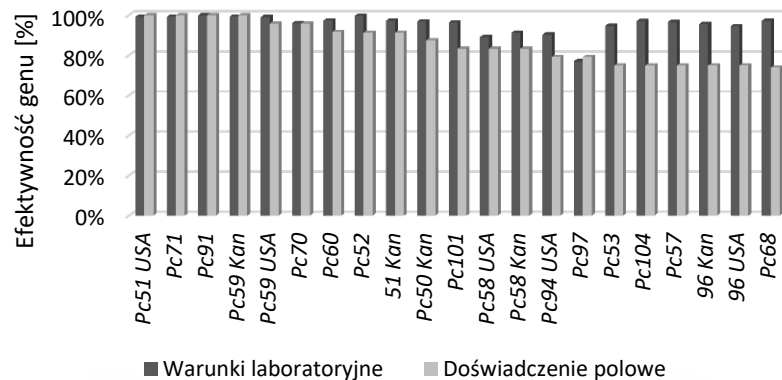
#### Wyniki

Testy prowadzone zarówno w warunkach laboratoryjnych, jak i polowych wykazały, że spośród badanych genów całkowicie efektywny był jedynie *Pc91*. Pełną efektywnością w warunkach naturalnej infekcji polowej charakteryzowały się geny *Pc51USA*, *Pc71*, *Pc59Kan* oraz *Pc59USA* Wyk. (3.1). Tylko pojedyncze izolaty przełamwały geny *Pc70*, *Pc60*, *Pc52*, *Pc51Kan* i *Pc50 Kan* (Tab. 3.1).

#### Dyskusja i Wnioski

Wiele genów *Pc* pozostaje efektywnych w Polsce, jednak wprowadzanie monogenicznie warunkowanej odporności do odmian, a następnie długotrwała uprawa tych odmian w monokulturze może przyczynić się do zwiększenia presji selekcyjnej na populacje patogenu. Efektem może być pojawianie się bardziej agresywnych izolatów i przełamanie odporności warunkowanej pojedynczym genem. Alternatywą jest piramidyzacja genów i łączenie w jednej formie co najmniej kilku genów odporności o jak najszerszym spektrum działania.

Wyk. 3.1. Najbardziej efektywne geny *Pc* w warunkach laboratoryjnych i w doświadczeniach polowych.



Tab. 3.1. Efektywność genów *Pc* w warunkach laboratoryjnych.

Linia referencyjna owsa	Źródło	Donor genu	Linia testowa	Średnia efektywność	Post hoc
<i>Pc 51</i>	ISU <sup>1</sup>	<i>A. sterilis</i> Wahl No. 8	Iowa isolines X270 & X434	100,0%	a
<i>Pc 52</i>	ISU	<i>A. sterilis</i> Wahl No. 2	Iowa isolate X421	100,0%	a
<i>Pc 91</i>	AAFC-CRC <sup>2</sup>	<i>A. magna</i>	Amaglon PI497742	100,0%	a
<i>Pc 59</i>	TAMU <sup>3</sup>	<i>A. sterilis</i> PI 296244	TAM-O-312	99,9%	a
<i>Pc 57</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CI 8295	H-555 or IA D640	99,7%	a
<i>Pc 71</i>	ISU	<i>A. sterilis</i> IA B437	IA Y345 or IA D526	99,7%	a
<i>Pc 104</i> <sup>5</sup>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> GS1	Morgan × GS1	99,7%	a
<i>Pc 50</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CW-486	Pendek × Pc50	99,4%	a
<i>Pc 68</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 4904	Makuru//Sun II/Pc68	99,3%	a
<i>Pc 98</i> <sup>5</sup>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 1979	Harmon × CAV 1979	98,8%	ab
<i>Pc 101</i> <sup>5</sup>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> PI 334961	Harmon × PI 334961	98,1%	ab
<i>Pc 70</i>	ISU	<i>A. sterilis</i> PI318282	H547	97,0%	ab
<i>Pc 60</i>	Coker's Seed Co. <sup>4</sup>	<i>A. sterilis</i> PI 287211	Coker 227	96,4%	ab
<i>Pc 96</i>	AAFC-CRC	<i>A. sativa</i> MG 85039	-	95,2%	abc
<i>Pc 39</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> F-366	Pendek × Pc39	94,4%	abc
<i>Pc 61</i>	Coker's Seed Co.	<i>A. sterilis</i> PI 287211	Coker 234	94,0%	abc
<i>Pc 53</i>	ISU	<i>A. sterilis</i> 6-112-1-15	H441	93,4%	abc
<i>Pc 14</i>	ISU	<i>A. sativa</i> Ascencao	Ascencao	92,8%	abc
<i>Pc 46</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> F-290	Pendek × Pc46	92,3%	abc
<i>Pc 36</i>	ISU	<i>A. sterilis</i> CI 8081	IA D515 or H382	92,0%	abc
<i>Pc 94</i>	AAFC-CRC	<i>A. strigosa</i> (RL1697)	-	91,8%	abc
<i>Pc 48</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> F-158	Pendek × Pc48	89,9%	abcd
<i>Pc 58</i>	TAMU	<i>A. sterilis</i> PI 295919	TAM-O-301	89,9%	abcd
<i>Pc 40</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> F-83	Pendek × Pc40	85,4%	bcde
<i>Pc 54</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 1832	Pendek × CAV 1832	81,9%	cde
<i>Pc 55</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 4963	Pendek × Pc55	81,2%	cdef
<i>Pc 63</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 4540	Fraser × Pc63	76,8%	defg
<i>Pc 97</i> <sup>5</sup>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 1180	Harmon × CAV 1180	76,8%	defg
<i>Pc 62</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 4274	Fraser × Pc62	76,4%	defg
<i>Pc 64</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 4248	Makuru//Sun II/Pc64	74,5%	efg
<i>Pc 45</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> F-169	Pendek × Pc45	67,3%	fgh
<i>Pc 103-1</i> <sup>5</sup>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> PI 333463	Harmon × PI 333463	63,8%	gh
<i>Pc 56</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CAV 1964	Pendek × Pc56	63,3%	gh
<i>Pc 35</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> D-137	Pendek × Pc35	54,6%	hi
<i>Pc 38</i>	AAFC-CRC	<i>A. sterilis</i> CW491-4	Pendek × Pc38	42,2%	hi

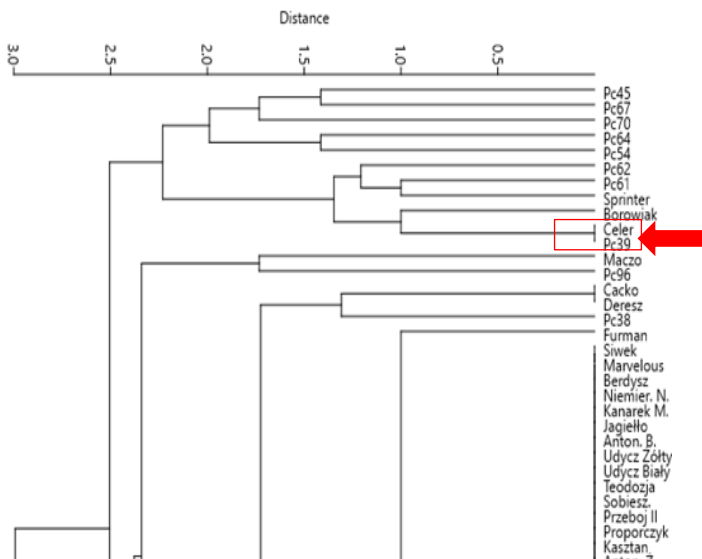
## Cel 4. Określenie podstaw odporności na rdzę koronową odmiany Celer.

### Wyniki

Na podstawie analizy rozszczepień wykazano, że odporność na *P. coronata* w odmianie Celer kontrolowana jest przez pojedynczy gen dominujący. Analiza porównawcza profili wirulencji izolatów *P. coronata* względem odmiany Celer i linii referencyjnych z genami *Pc* (Rys. 4.1) oraz wyniki testu alleliczności (Rys. 4.2) dowiodły, że za odporność na rdzę koronową w tej odmianie odpowiada gen *Pc39*.

### Dyskusja i Wnioski

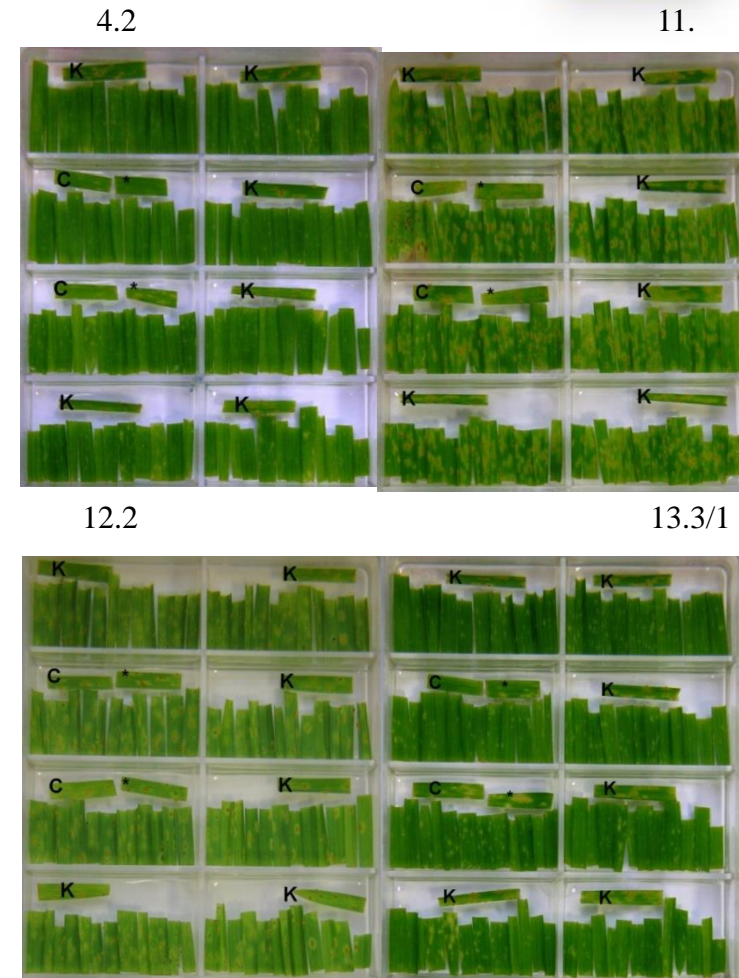
Odmianę Celer wytypowano jako najbardziej odporną z polskich odmian owsa. Ponieważ odmiana ta charakteryzuje się szeregiem korzystnych cech agronomicznych, może być z powodzeniem wykorzystywana jako bezpośredni donor genu *Pc39* w hodowli.



Rys. 4.1. Fragment dendrogramu podobieństwa profili infekcji badanych linii referencyjnych z genami *Pc* oraz polskich odmian owsa zwyczajnego



Rys. 4.3. Porażone rośliny owsa zwyczajnego.



Rys. 4.2. Test żywiciel-patogen na 96 roślinach pokolenia  $F_2$  populacji 'Celer' × linia referencyjna z genem *Pc39* z użyciem 4 izolatów *P. coronata* : 4.2 (BLDGGBLJG), 11 (QGBTFDQBG), 12.2 (QGBTKDQDB), 13.3/1 (NLBGFBBKG).

C – 'Celer',  
\* - linia referencyjna z genem *Pc39*,  
K - odmiana kontrolna 'Marvelous'.

**Cel 5. Charakterystyka genów odporności na rdzę koronową pod względem sposobu dziedziczenia.**

**Cel 6. Piramidyzacja efektywnych w warunkach kraju genów odporności i wyprowadzenie w oparciu o polskie odmiany mieszańców o poprawionej odporności na rdzę koronową.**

## Wyniki

W latach 2014-2020 prowadzono krzyżowania mające na celu wyprowadzenie populacji z genami odporności na rdzę koronową w tle odmiany podatnej na porażenie oraz piramidyzację efektywnych genów *Pc*. Na podstawie oceny efektywności genów *Pc* wytypowano kombinacje mieszańcowe do dalszego rozmnożenia. W celu określenia sposobu dziedziczenia tych genów przeprowadzono ocenę segregacji fenotypów z wykorzystaniem pozyskanych izolatów *P. coronata* o zróżnicowanej wirulencji reprezentatywnej dla populacji rdzy koronowej na terenie kraju. Na poziomie  $F_2$  sfenotypowano 1842 rośliny reprezentujące 14 kombinacji (Tab. 5.1). Wybrano populacje, dla których uzyskano segregację roślin wskazującą na fakt, że odporność ma charakter dominujący i jest warunkowana monogenicznie. 1130 linii  $F_3$  tych populacji sfenotypowano w celu wytypowania homozygotycznych rośliny  $F_2$ , które posłużyły do identyfikacji markerów molekularnych (Tab. 5.2).

Tab. 5.1. Fenotypowane linie  $F_2$

Populacja	Kombinacja mieszańcowa	Liczba roślin
310	Celer × STH9210	150
483	<i>Pc57</i> × Bingo	129
552	Bingo × <i>Pc52</i>	252
540	Bingo × <i>Pc59</i>	89
553	Bingo × <i>Pc59</i>	99
575	Kasztan × <i>Pc59</i>	123
840	<i>Pc14</i> × Kasztan	50
845	<i>Pc71</i> × Kasztan	50
842	<i>Pc70</i> × Kasztan	50
851	<i>Pc101</i> × Kasztan	50
983	Kasztan × <i>Pc50K</i>	200
630	<i>Pc50U</i> × Kasztan	200
990	Kasztan × <i>Pc59K</i>	200
656	Kasztan × <i>Pc59U</i>	200
<b>Suma</b>		<b>1842</b>

Ocena efektywności genów odporności na rdzę koronową umożliwiła wytypowanie genów *Pc* do krzyżowań. Za najbardziej perspektywiczne uznano geny *Pc39*, *Pc51USA*, *Pc71*, *Pc59Kan*, *Pc59USA*, *Pc70*, *Pc60*, *Pc52*, *Pc51Kan* i *Pc50 Kan*. Donorem *Pc39* była odmiana Celer. Krzyżowania prowadzono z najlepszymi pod względem cech plonotwórczych polskimi odmianami ośsa, a mieszańcami wielogenowymi. W sumie wykastrowano i zapyłono 8459 kwiatków i otrzymano 1366 ziarniaków. Efektem krzyżowań były między innymi 24 kombinacje wielogenowe łączące w sobie od 3 do 5 genów *Pc*, wśród których znalazły się *Pc39*, *Pc50U*, *Pc52*, *Pc50K*, *Pc59U*, *Pc60*, *Pc70* i *Pc91* (Tab.5.3). Uzyskano również wiele mieszańców zawierających inne kombinacje genów.

Tab. 5.2. Fenotypowane linie  $F_3$

Populacja	Kombinacja mieszańcowa	Liczba linii
310	Celer × STH9210	150
552	Bingo × <i>Pc52</i>	220
983	Kasztan × <i>Pc50K</i>	90
630	<i>Pc50U</i> × Kasztan	90
660	<i>Pc60</i> × Kasztan	200
990	Kasztan × <i>Pc59K</i>	90
656	Kasztan × <i>Pc59U</i>	90
635	<i>Pc51U</i> × Kasztan	200
<b>Suma</b>		<b>1130</b>

## Dyskusja i Wnioski

W efekcie krzyżowań przeprowadzonych w ramach tematu uzyskano mieszańce dla niemal wszystkich wartościowych genów nadających odporność na rdzę koronową. Mieszańce wykorzystano do oceny sposobu dziedziczenia warunkowanej przez te geny odporności, poszukiwania sprzężonych markerów oraz wyprowadzania wysoce złożonych kombinacji.

Tab. 5.3. Piramidyzacja genów

Wprowadzone geny <i>Pc</i>	Liczba kombinacji
39,50U,59U	6
39,50U,50K	6
39,52,60,91	6
39,52,60,70,91	3
39,52,60,70	3

## Cel 7. Opracowanie markerów molekularnych sprzężonych z efektywnymi genami odporności oraz ich lokalizacja na chromosomach owsa.

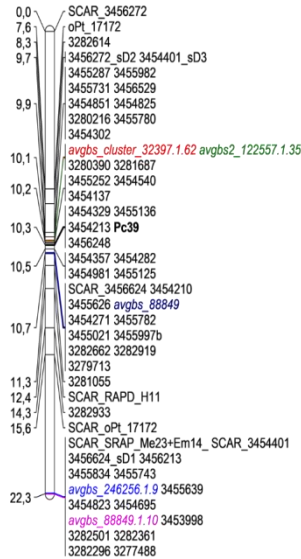
### Wyniki

W celu opracowania markerów molekularnych do identyfikacji genu *Pc39* w populacji E310 (Celer × STH9210) przetestowano 500 starterów RAPD, 960 par starterów SRAP oraz 15 par starterów RGA. Wytypowane homozygoty populacji poddano również genotypowaniu metodą mikromacierzy DARt oraz sekwencjonowania DARtseq. Zidentyfikowano 6 markerów sprzężonych z genem *Pc39* typu RAPD, SRAP, DARt i DARtseq, które przekonwertowano na specyficzne markery typu SCAR. Analiza BLASTn z T3/Oat umożliwiła zlokalizowanie markerów w obszarze 3,7 – 6,7 cM Mrg 11 (Rys. 7.1).

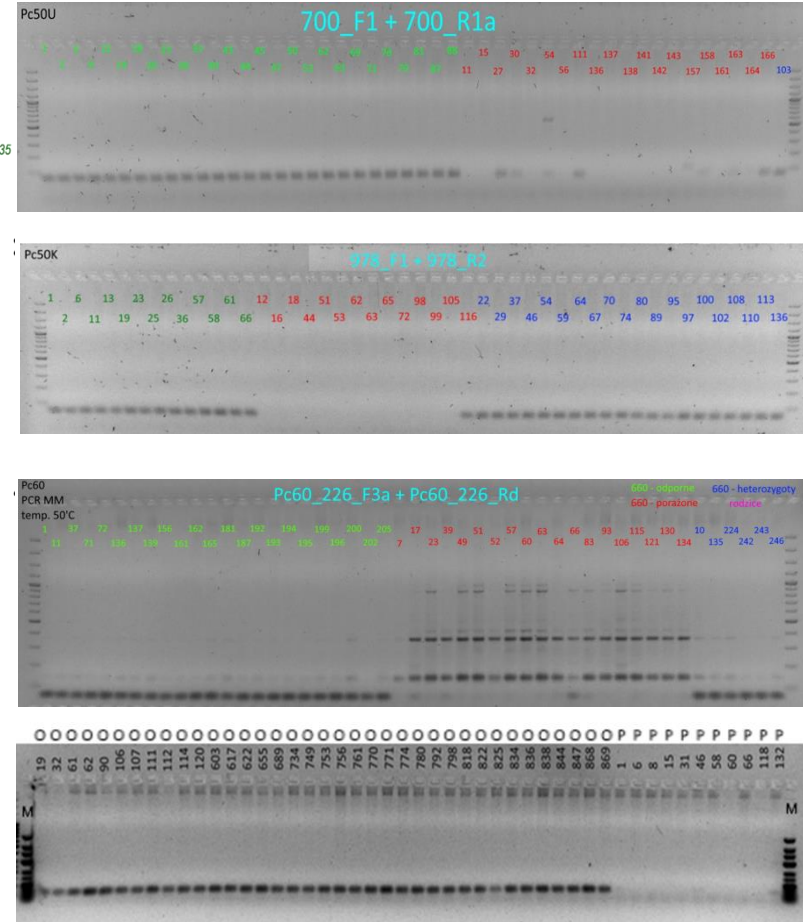
Genotypowaniu za pomocą metody DARtseq, a w niektórych przypadkach także markerów RAPD lub SRAP, poddano również populacje 983 (Kasztan × Pc50K), 630 (Pc50U × Kasztan), E635 (Pc51U × Kasztan), 552 (Bingo × Pc52) oraz E660 (Pc60 × Kasztan). Wytypowane sekwencje DARtseq i silicoDARt konwertowano do warunków specyficznego PCR. Konwersji poddawano sekwencje nie tylko charakteryzujące się silnym sprzężeniem z genem odporności, ale również odpowiednią długością, a w przypadku markerów DARtseq również właściwym położeniem SNP, co najmniej 20 nukleotydów od końca 5' lub 3'. Pozwoliło to na opracowanie markerów dla genów *Pc50U*, *Pc50K* i *Pc60*.

### Dyskusja i Wnioski

Skomplikowana budowa, duży rozmiar i segmentalna homeologia chromosomów gatunków z rodzaju *Avena* wymusza stosowanie systemów markerowych identyfikujących wysoki poziom polimorfizmu na jak największym obszarze genomu, takich jak DARtseq. Genotypowanie DARtseq umożliwiło lokalizację genu *Pc39* na mapie konsensusowej owsa, a także opracowanie markerów molekularnych zarówno dla genu *Pc39*, jak i *Pc50U*, *Pc50K* oraz *Pc60*. Dalsza analiza z wykorzystaniem nowszej wersji genomu referencyjnego *Avena*, może przyczynić się do określenia lokalizacji pozostałych sekwencji markerowych dla badanych genów *Pc*.



Rys. 7.1 Fragment mapy sprzężeń z markerami dla genu *Pc39*.



Rys. 7.2. Specyficzne produkty PCR dla genów *Pc50U*, *Pc50K*, *Pc60*, i *Pc39*.



## KONKRETNE OSIĄGNIĘCIA PROJEKTU

1. Skompletowanie zestawu linii referencyjnych z genami *Pc*, wyprowadzenie linii czystych, usunięcie duplikatów. Linie referencyjne mogą być nadal wykorzystywane zarówno do bezpośredniego wprowadzania genów *Pc* do materiałów hodowlanych, jak i do testowania wirulencji populacji i izolatów.

Skompletowane linie referencyjne zostały przesłane do University of Sydney w Australii i są przedmiotem międzynarodowego eksperymentu mającego na celu stworzenie zunifikowanego zestawu linii do testowania wirulencji *Puccinia coronata* w laboratoriach na całym świecie.

Mieszance  $F_2$  odmian Kasztan i Bingo z genami *Pc* uzyskane w ramach projektu zostały przesłane do Agriculture and Agri-Food Canada, Morden Laboratory w Winnipeg, w Kanadzie, gdzie zostały poddane genotypowaniu metodą GBS i fenotypowaniu wraz z populacjami kanadyjskimi. Efektem tej współpracy są dwie publikacje z JCR:

Kebede A.Z., Friesen-Enns J.R., Gnanesh B.N., Menzies J.G., Mitchell Fetch J.W., Chong J., Beattie A.D., Paczos-Grzęda E., McCartney C.A. 2019. Mapping Oat Crown Rust Resistance Gene *Pc45* Confirms Association with *PcKM*. *G3: Genes, Genomes, Genetics* .9 (2).505-511. **MNiSW 2019 – 30 pkt, IF = 2,742**

Zhao J., Kebede A.Z., Menzies J.G., Paczos-Grzęda E., Chong J., Mitchell Fetch J., Beattie A.D., Peng Y.Y., McCartney C. 2020. Chromosomal location of the crown rust resistance gene *Pc98* in cultivated oat (*Avena sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 133 (4) s. 1109–1122. **MEN 2020 - 100 pkt, IF = 4,439**

2. Utworzenie kolekcji izolatów *P. coronata* f. sp. *avenae*, które mogą być wykorzystane w testach żywiciel-patogen do postulowania genów odporności na rdzę koronową w różnych formach ośsa oraz do testowania materiałów wyjściowych i linii hodowlanych.

Izolaty wyprowadzone w ramach projektu zostały wykorzystane do analizy polskich odmian *A. sativa* i licznych form dzikich z rodzaju *Avena*, czego efektem były publikacje z JCR: Sowa S., Paczos-Grzęda E., Koroluk A., Okoń S., Ostrowska A., Ociepa T., Chrzęstek M., Kowalczyk K., 2016. Resistance to *Puccinia coronata* f. sp. *Avenae* in *Avena murphyi*, *Avena magna* and *Avena insularis*. *Plant Disease*, 100 (6), s.1184-1191. **MNiSW 2019 – 35 pkt, IF = 3,173.**

Paczos-Grzęda, E., Sowa, S., Koroluk, A. Langdon T., 2018. Characteristics of resistance to *Puccinia coronata* f. sp. *avenae* in *Avena fatua* L. *Plant Disease*. 102(12), s.2616-2624. **MNiSW 2019 – 35 pkt, IF = 3,583.**

Paczos-Grzęda, E., Sowa, S., Boczkowska, M., Langdon T., 2019. Detached leaf assays for resistance to crown rust reveal diversity within populations of *Avena sterilis* L. *Plant Disease*. 105(5), s.832-840. **MNiSW 2019 – 35 pkt, IF = 3,809.**

Sowa, S., Paczos-Grzęda, E. 2020 A study of crown rust resistance in historical and modern oat cultivars representing 120 years of Polish oat breeding. *Euphytica* 216, 12. **MEN 2020 – 70 pkt, IF = 1,614.**

3. Poznanie wirulencji populacji *P. coronata* na terenie kraju, co pozwala zaplanować kierunki hodowli odpornościowej na najbliższe lata.

4. Uzyskanie mieszańców wielogenowych, w których spiramidyzowano od 3 do 5 genów *Pc*. Stanowią one wartościowy materiał badawczy i hodowlany

5. Opracowanie markerów dla genów odporności na rdzę koronową ośsa *Pc39*, *Pc50U*, *Pc50K* i *Pc60*. Opatentowanie trzech par starterów identyfikujących markery dla genu *Pc39*.

L.p.	Imię i nazwisko twórców	Nr patentu	Data zgłoszenia	Data udzielenia	Nazwa wynalazku
1	Paczos-Grzęda E., Sylwia Sowa	P.422535	11.08.2017	06.06.2019	Dwie pary oligonukleotydowych starterów do wykrywania obecności alleli dominującego lub recesywnego genu odporności na rdzę koronową <i>Pc39</i> w genomie ośsa zwyczajnego ( <i>Avena sativa</i> L.), kombinacja dwóch par starterów oraz sposób wykrywania układu alleli genu <i>Pc39</i>
2	Paczos-Grzęda E., Sylwia Sowa	P.422536	11.08.2017	06.06.2019	Para oligonukleotydowych starterów do wykrywania oraz sposób wykrywania allelu dominującego genu odporności na rdzę koronową <i>Pc39</i> w roślinach ośsa zwyczajnego ( <i>Avena sativa</i> L.)
3	Paczos-Grzęda E., Sylwia Sowa	P.422537	11.08.2017	06.06.2019	Para oligonukleotydowych starterów do wykrywania oraz sposób wykrywania allelu recesywnego genu odporności na rdzę koronową <i>Pc39</i> w roślinach ośsa zwyczajnego ( <i>Avena sativa</i> L.)

## DONIESIENIA KONFERENCYJNE

1. Paczos-Grzęda E., Koroluk A., Róg S., Okoń S., Ostrowska A., Kowalczyk K. (2014) Spectrum patogeniczności *Puccinia coronata* f.sp. *avenae* w centralnej i południowo-wschodniej Polsce. Międzynarodowa Konferencja Naukowa „Nauka dla gospodarki i środowiska” Lublin, 15-16.09.2014 r.
2. Paczos-Grzęda E., Koroluk A., Róg S., Okoń S., Ostrowska A., Kowalczyk K. (2014) Identification of effective oat crown rust resistance genes. III Ogólnopolska Konferencja „Genetyka i genomika w doskonaleniu roślin uprawnych – od rośliny modelowej do nowej odmiany”, Poznań, 5-7.11.2014r
3. Edyta Paczos-Grzęda, Sylwia Róg, Aneta Koroluk, Agnieszka Ostrowska, Maria Chrzastek. 2015. Wyprowadzanie populacji mapujących dla genów odporności na rdzę koronową. XII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych”, 2-6 lutego 2015 r., Zakopane.
4. Edyta Paczos-Grzęda, Sylwia Róg, Aneta Koroluk, Sylwia Okoń, Agnieszka Ostrowska, Tomasz Ociepa, Patrycja Erdzik, Maria Chrzastek, Krzysztof Kowalczyk. 2015. Virulence structure of *Puccinia coronata* f.sp. *avenae* in Central and South Eastern Poland. XIV International Cereal Rusts and Powdery Mildews Conference, 5-8 lipca 2015, Helsingør, Dania.
5. Sowa S., Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., 2016. Virulence of *Puccinia coronata* f.sp. *avenae* in Poland during 2013-2015; X International Oat Conference, 11 - 15 lipca 2016, St. Petersburg, Rosja. – poster.
6. Sowa S., Paczos-Grzęda E., Ostrowska A., 2016. Ocena odporności na rdzę koronową polskich odmian owsa zwyczajnego. „Nowe osiągnięcia polskich zespołów badawczych w dziedzinie genetyki, hodowli i biotechnologii roślin”, Konferencja Naukowa Katedr Jednoimiennych, Międzyzdroje 8-10 czerwiec 2016, str. 70. – streszczenie wystąpienia.
7. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Koroluk A., Erdzik P. 2017. Ocena efektywności genów odporności na rdzę koronową owsa w warunkach naturalnej infekcji polowej. XIII Ogólnopolska Konferencja Naukowa „Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych – Innowacje w hodowli roślin i rolnictwie”, Zakopane, 30.01.- 03.02.2017 r.
8. Sowa S., Paczos-Grzęda E., Koroluk A. 2017. Comparison of crown rust resistance reaction of oat differential lines obtained from different sources. 12th Conference of the European Foundation for Plant Pathology (EFPP) "Deepen knowledge in plant pathology for innovative agro-ecology" 29.05 - 2.06. 2017 r. Malo-les-bains k. Dunkierki, Francja, Book of abstracts, session 2, poster 35, str. 104
9. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Koroluk A. Efektywność genów odporności w warunkach naturalnej infekcji polowej. Ogólnopolska Konferencja Naukowa Katedr Jednoimiennych „Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin – osiągnięcia, wyzwania, perspektywy” Lublin, 25-27. 06.2018 r. Streszczenia, str. 44.
10. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Koroluk A., 2019. Efektywność krzyżowań odmian owsa z liniami o zdefiniowanych genach odporności na *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*. Międzynarodowa Konferencja Naukowa połączona z Jubileuszem 75-lecia Wydziału Agrobiotechnologii "Nauka dla zrównoważonego rozwoju i biogospodarki" 12 -13.06.2019 r. Streszczenia s.97.
11. Sowa S., Paczos-Grzęda E., Marek E. 2019. Ocena zróżnicowania genetycznego izolatów *Puccinia coronata* f.sp. *avenae*. Międzynarodowa Konferencja Naukowa połączona z Jubileuszem 75-lecia Wydziału Agrobiotechnologii "Nauka dla zrównoważonego rozwoju i biogospodarki" 12 -13.06.2019 r. Streszczenia s.94.
12. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Koroluk A., Marek E., Toporowska J. 2019. Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową owsa. "Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych" - XIV Ogólnopolska Konferencja Naukowa, 5-8 luty 2019, Zakopane. Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl. 2019, 285, s.327-328.

## PUBLIKACJE NAUKOWE

1. Sowa S., Paczos-Grzęda E. 2017. *Puccinia coronata* f.sp. *avenae* virulence in south-eastern Poland in 2014. Folia Pomer. Univ. Technol. Stetin., Agric., Aliment., Pisc., Zotech. 336(43)3, s.157–166. **MNiSW 2017 - 10 pkt**
2. Paczos-Grzęda E., Sowa S. 2019. Virulence structure and diversity of *Puccinia coronata* f. sp. *avenae* P. Syd. & Syd. in Poland during 2013-2015. Plant Disease. 103(7), s.1559-1564. **MNiSW 2019 – 35 pkt, IF = 3,809**
3. Paczos-Grzęda E., Sowa S., Koroluk A., Toporowska J., Marek E. 2019. Piramidyzacja genów odporności na rdzę koronową w genomie owsa oraz identyfikacja i lokalizacja markerów DNA dla tych genów. Biuletyn IHAR 286, 173-176. **MNiSW 2019 – 20 pkt**
4. Sowa S., Paczos-Grzęda E. 2020. Identification of molecular markers for the *Pc39* gene conferring resistance to crown rust in oat. Theor Appl Genet 133, s.1081-1094. **MEN 2020 – 100 pkt, IF = 4,439**
5. Sowa S., Paczos-Grzęda E. 2020. Virulence structure of *Puccinia coronata* f. sp. *avenae* and effectiveness of *Pc* resistance genes in Poland during 2017-2019. Phytopathology. doi: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-10-20-0457-R>. **MEN 2020 – 100 pkt, IF = 3,234**