



Webinarium Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
22 listopada 2022 r.

"GENETYCZNE PODŁOŻE ODPOWIEDZI IMMUNOLOGICZNEJ ŻYTA NA PORAŻENIE PRZEZ RDZĘ BRUNATNĄ - AKTUALNY STAN BADAŃ"

Monika Rakoczy-Trojanowska
monika_rakoczy_trojanowska@sggw.edu.pl

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie [

Żyto zwyczajne (*Secale cereale* L.) jest uważane za gatunek o wysokiej tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne. Mimo to, może ono być atakowane aż przez 37 różnych chorób. Wśród najgroźniejszych chorób żyta jest rdza brunatna (RB), która powoduje znaczne straty w plonie, sięgające nawet 40%. RB wywołuje biotroficzny grzyb z rodziny rdzowatych - *Puccinia recondita* f. sp. *secalis* (Prs). Dotychczas na 5 chromosomach: 1R, 2R, 4R, 6R i 7R zmapowano 17 genów *Pr* nadających odporność na RB (*Pr1* ÷ *Pr6*, *Pr-d* ÷ *Pr-f*, *Pr-i* ÷ *Pr-l*, *Pr-n*, *Pr-p*, *Pr-r* i *Pr-t*), jednak jedynie dwa z nich - *Pr3* i *Pr6* scharakteryzowano pod względem molekularnym. Celem niedawno podjętych prac przez nasz zespół było znalezienie i charakterystyka molekularna kolejnych genów odporności żyta na RB. W pierwszym etapie, w genomach linii wsobnych Lo7, L318, D33 i D39 zidentyfikowano i scharakteryzowano sześć genów (w większości posiadających po kilka do kilkunastu wariantów sekwencyjnych), będących ortologami genów odporności na rdzę brunatną pszenicy; w tym czterech genów R związanych z odpornością siewkową - *Lr1*, *Lr10*, *rga2*, *Lr21* i trzech genów niosących odporność w stadium dojrzałym - *Lr34* i *Lr67*, *Lr22a*. Kolejnym etapem badań było sekwencjonowanie transkryptomów (RNA-seq) i analiza metabolomów 3 linii wsobnych żyta: L318, D33 i D39 infekowanych zgodnymi i niezgodnymi szczepami *Prs*. Na jej podstawie wytypowano kilkanaście genów kandydujących, wśród nich geny kodujące glikozylotransferazy, beta-glukanazy, S-metylotransferazy tiopuryny, endotransglikozylazy/hydrolazy ksyloglukanu, białka „thaumatin-like”, syntetazę asparaginy, syntetazę ent-kaurenu a także geny związane z metabolizmem fenylopropanoidów i biosyntezą metabolitów wtórnych. Potencjalna funkcja w reakcji obronnej przeciwko RB i innym rdzom została przypisana niektórym z tych białek po raz pierwszy. Prowadzone obecnie kompleksowe badania molekularne pozwolą lepiej poznać specyfikę oddziaływań między żytem a RB oraz na stworzenie pełniejszego obrazu tych relacji.

Finansowanie: Narodowe Centrum Nauki. Projekt nr 2018/31/B/NZ9/00439.