

Sárgarozsda rezisztenciagének azonosítása szegedi és külföldi búzafajtákban molekuláris markerek segítségével

Kapás Mariann^{1,2*}, Csősz Lászlóné¹, Tar Melinda³ és Purnhauser László¹

¹Gabonakutató Nonprofit Kft., 6726 Szeged, Alsó Kikötő sor 9.

²Szent István Egyetem Növénytudományi Doktori Iskola, 2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.

³NAIK Növénytermesztési Önellő Kutatási Osztály, 6726 Szeged, Alsó Kikötő sor 9.

*e-mail: mariannkapas@gmail.com

Összefoglalás

A búza sárgarozsda (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) a búza egyik legfontosabb kórokozója. Bár Magyarországon átlagosan csupán 12 évenként számíthatunk nagyobb járványra, azonban e betegség az utóbbi három egymást követő évben is megjelent. A legerősebb járványt 2014-ben figyeltük meg, amikor a vizsgált fajták természetes fertőzöttsége a 90%-ot, a termésveszteség pedig a 70%-ot is elérte. A sárgarozsda rezisztenciagének (*Yr*) hatékony felhasználásához fontos megismerni az ellenállóság genetikai hátterét. Ebben a tanulmányban 34, főképp Közép-Európában termesztett őszi búzafajtát teszteltünk, hogy megállapítsuk három fontos *Yr* gén (*Yr9*, *Yr17* és *Yr18*) gyakoriságát, illetve e gének hatását a sárgarozsda fertőzöttség mértékére. E fajtákból háromban azonosítottuk az *Yr9*, négyenél az *Yr17* és ötnél az *Yr18* sárgarozsda rezisztenciagént. A tenyészkerti felvételezés alapján az *Yr9* gén hatástalan volt, az *Yr18* pedig gyenge védelmet nyújtott. A vizsgált fajták közül 11 volt ellenálló (0-10% fertőzöttség), és ezek közül 4 hordozta az *Yr17*-es gént; így a maradék hét fajtában a rezisztenciát minden bizonnyal más hatékony *Yr* gének okozták. A fajták több mint 50%-a fogékony volt, ezért további hatékony *Yr* gének beépítése szükséges az ellenállóképesség javításához. A molekuláris markerek segítségével könnyen azonosíthatóak a sárgarozsda rezisztenciagének, amely segítségével meggyorsítható a rezisztens búzafajták előállítása.

Kulcsszavak: molekuláris markerek, *Puccinia striiformis*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr18*

Abstract

Yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) is one of the most important diseases of wheat. Although this disease was rare in Hungary, heavy epidemics occurred here in the last three successive years. In the year of 2014, we observed 70% yield loss in the most susceptible cultivars. To effectively use yellow rust resistance genes (*Yr*), it is important for breeders to know the resistant genotypes in current cultivars. In this study some winter wheat cultivars (mainly in Central Europe) were investigated using molecular markers to determine the presence and absence of three important *Yr* genes (*Yr9*, *Yr17* and *Yr18*). Among the cultivars three carried yellow rust resistance gene *Yr9*, four had *Yr17*, and *Yr18* was found in five cultivars. Severity of the natural infection changed from 0% to 90% during 2014. Field scoring data demonstrated the *Yr9* to be ineffective, while *Yr18* provided some protection. Among entries 11 proved to be resistant, and all four cultivars carrying *Yr17* belonged to this group. Therefore, the rest of resistant cultivars might have other effective *Yr* genes. As more than fifty percent of cultivars investigated proved to be susceptible to yellow rust there is a need to introduce new, effective *Yr* genes into new wheat cultivars. The use of molecular markers is a convenient approach to identify effective yellow rust resistance genes in cultivars, and marker assisted selection can be efficiently applied to develop resistant wheat cultivars.

Keywords: molecular markers, *Puccinia striiformis*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr18*

Bevezetés

A búza sárgarozsda (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) a búza egyik legfontosabb kórokozója. Bár Magyarországon átlagosan csupán 12 évenként számíthatunk nagyobb járványra (Szűcs *et al.* 2000; Csősz *et al.* 2002), azonban e betegség az utóbbi három egymást követő évben is megjelent. A legerősebb járványt 2014-ben figyeltük meg, amikor a vizsgált fajták természetes fertőzöttsége a 90%-ot, a termésveszteség pedig a 70%-ot is elérte. Ebben az évben ugyanis a rozsdának kedvező időjárási körülmények alakultak ki Magyarországon (enyhe téli, hűvös és csapadékos tavaszi, kora nyári időjárás), így a gomba átteleléséhez és gyors felszaporodásához a feltételek adottak voltak. Európai megfigyelések alapján e járványt valószínűleg a 'Warrior', 'Kranich', és egy a tritikálékát is fertőző sárgarozsda rasszok okozták (Bayles 2014). Míg a tritikálékkal szemben agresszív rassz 2006 óta van jelen Európában, addig a 'Warrior' és a 'Kranich' rasszok 2011-ben jelentek meg először (Hovmöller *et al.* 2015). A 'Warrior' rassz

rendkívül agresszív, számos korábban rezisztens búzafajta veszítette el ellenálló képességét miatta (Hodson 2015). A szelekció lehetőségének hiánya és a rozsdarasszok változékonysága miatt, a fajták sárgarozsda ellenállóságáról sajnos kevés információ állt rendelkezésünkre.

A molekuláris markerek alkalmazása lényegesen felgyorsíthatja a rezisztens fajták előállítását. A búzában több mint 60 *Yr* gént írtak le (McIntosh *et al.* 2013). E génekkel kapcsolt molekuláris markerek segítségével a búzafajtákban található sárgarozsda rezisztenciagének könnyen azonosíthatók. Célul tűztük ki három fontos sárgarozsda rezisztenciagén (*Yr9*, *Yr17* és *Yr18*) jelenlétének kimutatását szegedi és fontosabb európai búzafajtákban, valamint e gének hatékonyságának megállapítását.

Anyag és módszer

Vizsgálatainkba 34, főképp Közép-Európában termesztett őszi búzafajtát vontunk be, közülük 15 szegedi, 11 szerb, 5 osztrák, 2 német és egy francia volt. Az adott génekkel kapcsolatos öröklődő markereket az irodalomban leírt módszerek alapján azonosítottuk: így az *Yr9* gént az OPH 20 (Francis *et al.* 1995); az *Yr17*-et a Ventriup/LN2-vel (Helguera *et al.* 2003); az *Yr18*-at pedig a CsLV 34 (Lagudah *et al.* 2006) markerrel. A PCR vizsgálathoz csíranövényekből izoláltunk DNS-t Rogers és Bendich (1985) CTAB módszerének módosított változata szerint. A termékek elválasztásához és kimutatásához 1,5%-os agaróz gélt és etidium-bromidos festést használtunk. A szántóföldi felvételezés 2014 májusában történt a Gabonakutató Nonprofit Kft. Szeged-Kecskés telepi nemesítő állomásán. A fertőzöttség mértékét százalékban adtuk meg, amely alapján a fajtákat négy csoportba soroltuk: fogékony (70-90%), mérsékelten fogékony (50-60%), mérsékelten rezisztens (30-40%), rezisztens (0-10%).

Eredmények

Molekuláris vizsgálataink során a vizsgált 34 fajtából háromban azonosítottuk az *Yr9* (kettő szegedi és egy német fajta), négyben az *Yr17* (kettő szerb, egy osztrák és egy francia fajta esetében) és ötben az *Yr18* rezisztenciagént (három szerb és kettő szegedi fajta). A fajták közül 22 pedig egyik tanulmányozott gént sem tartalmazta.

2014-ben a vizsgált fajták természetes fertőzöttsége 0-90% között változott. A 34 fajtából 11 (hat szerb, négy osztrák, egy francia) rezisztens, 5 fajta (három szegedi, egy szerb és egy német) pedig mérsékelten rezisztens volt. A 18 fogékony fajtából 10 (hat szegedi, három szerb és egy német) a mérsékelten fogékony, 8 (hat szegedi, egy szerb és egy osztrák) pedig a fogékony

csoportba tartozott. A vizsgált géneket tartalmazó fajták átlagos fertőzöttsége alapján az *Yr9* gén nem volt hatékony (e gént hordozó fajták átlagos fertőzöttsége: 53%; n=3), míg az *Yr18* gén kismértékű védelmet biztosított (átlagos fertőzöttsége: 34%; n=5). Az *Yr17* gént tartalmazó fajták (n=4) átlagos fertőzöttsége csupán 1% volt.

A fajták ellenállósága származási országok szerint is eltérő volt. Amíg a nyugat-európai fajtáknak 75%-a, a szerbiaiaknak pedig 64%-a volt rezisztens vagy mérsékelten rezisztens, addig a szegedi szegedi fajtáknak csak 20%-uk volt mérsékelten rezisztens.

Megvitatás

Az *Yr9* és az *Yr18* génekkel szemben az *Yr17* sárgarozsda rezisztenciáján igen hatásosnak bizonyult Magyarországon a 2014. évi járványos évben. A 11 rezisztens fajtából négyben találtuk meg az *Yr17* gént, a többi rezisztens fajtában minden bizonnyal más hatékony *Yr* génnek vagy géneknek kell jelen lenniük. Mivel az Európában igen elterjedt 'Warrior' sárgarozsda rassz virulens az *Yr17* génnel szemben, ezért ez a rassz nem okozhatta a 2014 évi járványt hazánkban. A szegedi fajták sárgarozsda ellenállósága nem kielégítő, amit az *Yr17* gén hiánya is magyarázhat. Mindezt figyelembe véve az *Yr17* gén hazai fajtákban való elterjesztése kívánatos lehet, annál is inkább mert e génnel az *Lr37* levélrozsa rezisztenciáján is szoros kapcsoltságban öröklődik. Azonban a 'Warrior' rassz esetleges megjelenése miatt a gén jelenléte sem jelenthet hosszú távú megoldást.

Köszönetnyilvánítás

A vizsgált nyugat-európai fajták a CORNET_6_08_WHEATSTR' NKTH (OM-00887/2009), a vizsgált szerb fajták pedig a BIOCEREAL (HUSRB/1002/214/045) pályázat fajtái közül kerültek ki.

Hivatkozások

Bayles, R. 2014. Update on 2014 Yellow rust situation – Focus on races. Agrii Internal document, 08: 1-3.

Csősz L-né, Matuz J., Kertész Z. és Mesterházy A. 2002. A 2001. évi sárgarozsda-járvány tapasztalatai. Gyakorlati Agrofórum, 13(5): 14-16.

- Francis, H.A., Leitch, A.R. and Koebner, R.M.D. 1995. Conversion of a RAPD-Generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat. – *Theoretical and Applied Genetics* 90: 636-642.
- Helguera, M., Khan, I. A., Kolmer, J., Lijavetzky, D., Zhong-Qi, L. and Dubcovsky J. 2003. PCR assays for the Lr37-Yr17-Sr38 cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. – *Crop Science* 43: 1839-1847.
- Hodson, D. 2015. CAUTION – Increasing Risk of Stripe (Yellow) Rust Outbreaks North Africa to South Asia - <http://rusttracker.cimmyt.org/?p=6600>.
- Hovmöller, M.S., Walter, S., Bayles, R.A., Hubbard, A., Flath, K., Sommerfeldt, N., Leconte, M., Czembor, P., Rodriguez-Algaba, J., Thach, T., Hansen, J.G., Lassen, P., Justesen, A.F., Ali, S. and de Vallavieille-Pope, C. 2015. Replacement of the European Wheat Yellow Rust Population by New Races from the Centre of Diversity in the Near-Himalayan Region. – *Plant Pathology*. Doi: 10.1111/ppa.12433
- Lagudah, E.S., Mcfadden, H., Singh, R.P., Huerta-Espino, J., Bariana, H.S. and Spielmeyer, W. 2006. Molecular genetic characterization of the Lr34/Yr18 slow rusting resistance gene region in wheat. – *Theoretical and Applied Genetics* 114: 21-30.
- McIntosh, R.A., Dubcovsky, J., Rogers, W.J., Morris, C., Appels, R. and Xia, X.C. 2013. Catalogue of Gene Symbols for Wheat: 2013-2014 Supplement. <http://wheat.pw.usda.gov/GG3/pubs>
- Rogers, S.O. and Bendich, A.J. 1985. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant-tissues. – *Plant Molecular Biology*. 5: 69-76.
- Szunics, L., Pocsai, E., Szunics, Lu. and Vida, G. 2000. Viral Diseases on Cereals in Central Hungary. *Acta Agr. Hung.* 48(3): 237-250.