

Zadanie 6.6. Identyfikacja markerów DNA sprzężonych z genami warunkującymi odporność na choroby stanowiące istotne zagrożenie w uprawie roślin warzywnych, przydatnych do selekcji genotypów odpornych

Okres realizacji: 2008-2014

Kierownik zadania: dr Mirosława Staniaszek

Kontynuowano badania dotyczące poszukiwania markerów DNA dla genu *Frl* odporności pomidora na *Fusarium oxysporum* f.sp. *radicis-lycopersici* i loci cech ilościowych determinujących odporność ogórka na *Pseudoperonospora cubensis*.

W przypadku pomidora do badań wykorzystano 5 sekwencji typu COSII: 4 sekwencje specyficzne zidentyfikowane w *Arabidopsis thaliana*, oraz jeden marker COSII zmapowany na chromosomie 9 genomu pomidora. Polimorfizm DNA badano przez trawienie amplikonów enzymami restrykcyjnymi. Spośród analizowanych sekwencji specyficznych zidentyfikowano cztery przydatne do detekcji genu *Frl*. Markery C2_At2g37500, C2_At3g10070 o długości ok. 1200 pz i C2_At5g11560 o długości ok. 500 pz, zmapowane na chromosomie 2, 3 i 5 genomu *Arabidopsis thaliana* oraz C2_At4g10360 (chromosom 9 genomu pomidora) o długości ok. 800 pz były powielane dla linii rodzicielskich odpornej M3070 i M3063 oraz podatnej A100. Zastosowanie 10 enzymów restrykcyjnych do trawienia produktów PCR otrzymanych w wyniku amplifikacji z markerami C2_At2g37500, C2_At3g10070, C2_At5g11560 i C2_At4g10360 nie doprowadziły do uzyskania specyficznych markerów typu CAPS.

Do analizy polimorfizmu DNA linii rodzicielskich ogórka: odpornej DM49 i podatnej DM1 wykorzystano 15 markerów RAPD, 4 markery SCAR i 5 markerów typu SSR zmapowanych w genomie ogórka i melona, zdeponowanych w bazie Cucurbit Genomics Database oraz w USDA Cucumber SCAR Marker Database. W wyniku przeprowadzonych analiz molekularnych zidentyfikowano 18 fragmentów polimorficznych, specyficznych dla linii rodzicielskich (odpornej, podatnej). Zbadano amplifikację DNA dla 115 roślin F₂ pod kątem wyróżnionych markerów. Obliczono współczynnik determinacji R² dla markerów polimorficznych w celu oceny ich sprzężenia z loci cech ilościowych (QTL) determinujących odporność na *Pseudoperonospora cubensis*. Analiza statystyczna wykazała, że markery: OP-W16₁₁₅₀, OP-AM14₂₅₀₀, SCAR-AW14₁₃₀₀, OP-AX06₁₉₀₀, SSR00772₁₈₀, SSR00772₁₉₀ są najsilniej sprzężone z QTL odporności na *Pseudoperonospora cubensis* i najlepiej identyfikują analizowany fenotyp.