

Zadanie nr 95

Poszukiwanie nowych źródeł odporności na zarazę ziemniaka u pomidora z uwzględnieniem zmian patogeniczności w populacjach *Phytophthora infestans* oraz próby identyfikacji markerów sprzężonych z genami odporności

Kierownik tematu: dr hab. Elżbieta U. Kozik

Celem badań w 2012 roku była ocena zgromadzonych w poprzednich latach źródeł odporności na zarazę ziemniaka, określenie czynników genetycznych odporności na tę chorobę oraz charakterystyka fenotypowa i genotypowa izolatów *Phytophthora infestans*.

Warunki meteorologiczne jakie panowały w czasie wegetacji w bieżącym roku nie sprzyjały tak intensywnemu jak w latach poprzednich rozwojowi zarazy ziemniaka. Pięć linii *Solanum pimpinellifolium* wykazało wysoką odporność na zarazę ziemniaka w dwóch lokalizacjach (Skierniewice, Boguchwała). Wyjątek stanowiła linia WV700, której rośliny zostały częściowo porażone przez lokalną populację *P. infestans* w warunkach Boguchwały. Natomiast u linii *S. habrochaites* odnotowano nieco wyższą intensywność porażenia roślin na polu doświadczalnym IO w Skierniewicach, podczas gdy w Boguchwale linie te cechowała wysoka odporność liści i łodyg oraz owoców do końca sezonu wegetacyjnego. U linii uprawnych pomidora o wysokim poziomie odporności tempo rozwoju choroby było znacznie ograniczone w obu lokalizacjach, czego efektem była w tym roku szczególnie wysoka odporność badanych populacji, która utrzymała się do końca wegetacji.

Przeprowadzony test na allelizm genetycznych czynników odporności na zarazę ziemniaka w odpornych liniach WV700 i L3707 wykazał segregację roślin we wszystkich klasach porażenia (1-9) sugerując, że odporność w komponentach rodzicielskich jest uwarunkowana innymi czynnikami genetycznymi.

Na podstawie analizy genetycznej w populacjach mieszańcowych (F_1 , F_2 , Bc_1P_1 , Bc_1P_2) pochodzących ze skrzyżowania podatnej odmiany *S. lycopersicum* Rumba z odporną linią *S. pimpinellifolium* L3708 stwierdzono istotny wpływ addytywnych form działania genów oraz efekty działania genów z występowaniem epistazy. Wstępne analizy DNA z wykorzystaniem czterech specyficznych markerów (M4, M14, TG328, TG591) w roślinach pokolenia F_2 pozwoliły na wytypowanie do dalszych badań kodominującego markera TG328. Biorąc jednak pod uwagę wyniki wstępnych analiz niniejszego projektu wskazujące na poligeniczny charakter cechy odporności na *P. infestans* w L3708, genotypowanie roślin przy użyciu tylko jednego markera może okazać się mało skuteczne w hodowli odpornościowej pomidora z wykorzystaniem tej linii. Przy pomyślnej weryfikacji poligenicznego charakteru tej cechy należałoby bowiem zidentyfikować zestaw markerów DNA, z których każdy wykazywałby wysokie sprzężenie ze składowymi czynnikami genetycznymi warunkującymi odporność na zarazę ziemniaka w L3708.

W celu uchwycenia trendów w zmianach zachodzących w strukturze populacji *P. infestans* występujących w różnych rejonach upraw pomidora w Polsce przeprowadzono badania zgromadzonych izolatów pod względem cech fenotypowych i genotypowych. Charakterystyka izolatów *P. infestans* pokazała, że przeanalizowane izolaty cechują się dużą zmiennością pod względem typu kojarzeniowego, liczby czynników wirulencji, profilu wirulencyjnego względem standardów pomidora oraz odpornością na metalaksyl.