

Zadanie 95. Poszukiwanie nowych źródeł odporności na zarazę ziemniaka u pomidora z uwzględnieniem zmian w patogeniczności w populacjach *Phytophthora infestans* oraz próby identyfikacji markerów sprzężonych z genami odporności

Okres realizacji: 2008-2013

Kierownik zadania: **dr hab. Elżbieta U. Kozik**

Wykonawcy: dr M. Nowakowska, dr M. Nowicki, mgr A. Niezgoda, inż. E. Baigazin, K. Szewczyk,

K. Lelonkiewicz, M. Czajka

Ocena źródeł odporności pomidora na porażenie przez *P. infestans* w dwóch lokalizacjach badań wykazała wysoką wartość poddanych badaniom linii *S. pimpinellifolium* w tym aspekcie. Wyjątek stanowiła linia WV 700, u której zaobserwowano znaczne porażenie roślin, w tym także owoców, zarówno w Skierniewicach, jak i w Boguchwale. Wysoką odpornością na zarazę ziemniaka w obu lokalizacjach wyróżniły się również dwie linie *S. habrochaites*. Natomiast u linii uprawnych pomidora (*S. lycopersicum*) własnej hodowli o wysokim poziomie zawansowania w hodowli odpornościowej, tempo rozwoju choroby było znacznie ograniczone w obu lokalizacjach, czego efektem była wysoka odporność większości badanych populacji, utrzymująca się do końca wegetacji.

Badania nad sposobem dziedziczenia odporności na *P. infestans* u linii L 3708 wskazują na wielogenowy charakter tej cechy. Stwierdzono istotne działanie efektów addytywnych oraz istotny wpływ nieallelicznych interakcji genowych. Analizy DNA z wykorzystaniem czterech specyficznych markerów (TG 328, TG 591, M 4, M 5) w roślinach pokolenia F₂ pochodzącego ze skrzyżowania podatnej odmiany Rumba z odporną linią L 3708 wykazały niską skuteczność badanych markerów w ocenie poziomu odporności pomidora na *P. infestans*. Analiza sposobu dziedziczenia odporności na *P. infestans* wykazała, że w dziedziczeniu tej cechy u WV 700 istotną rolę odgrywa współdziałanie dwóch komplementarnych genów recesywnych. Dla pokolenia F₂ pochodzącego ze skrzyżowania podatnej odmiany Rumba z odporną linią WV 700, w przypadku 60% roślin pomyślnie weryfikowano poziom odporności na *P. infestans* przy pomocy markera T 1682. Natomiast w przypadku drugiego analizowanego markera TG 422 rozbieżności pomiędzy oceną fenotypową a statusem loci markera obserwowano u około 50% badanych roślin.

Powiększono bibliotekę izolatów *P. infestans* o 158 obiektów zebranych z roślin pomidora z różnych rejonów Polski. Kolekcja IO Skierniewice licząca w obecnej chwili 348 izolatów będzie mogła być wykorzystana do szerokiego spektrum badań, w tym do prac genetyczno-hodowlanych uwzględniających relacje patosystemu *P. infestans* – pomidor. Stwierdzono dużą zmienność populacji *P. infestans*, pochodzącej z upraw pomidora na terenie Polski pod względem cech fenotypowych (typu kojarzeniowego, poziomu odporności na metalaksyl, profilu wirulencyjnego w stosunku do testerów pomidora i ziemniaka, poziomu agresywności) oraz zmienności genetycznej (badania molekularne zmienności alleli SSR). Wyniki tych badań są zgodne z ogólnościową tezą o wysokim zróżnicowaniu populacji tego patogena.