

ZADANIE 34

Badanie molekularnych mechanizmów odporności ogórka na najważniejsze czynniki biotyczne i abiotyczne

DOFINANSOWANIE - 220 000 zł/rok

CAŁKOWITA WARTOŚĆ INWESTYCJI - 1 100 000 zł na lata 2021-2025

CEL PROJEKTU

- Konstrukcja wysokorozdzielczej mapy genetycznej, która posłuży do identyfikacji i mapowania genów warunkujących odporność ogórka na *Pseudoperonospora cubensis*, wywołującego najgroźniejszą chorobę tego gatunku - mączniaka rzekomego dyniowatych.
- Analiza transkryptomów linii ogórka o zróżnicowanym poziomie tolerancji na suszę w celu wytypowania genów ulegających zróżnicowanej ekspresji pod wpływem stresu niedoboru wody.

REALIZOWANE ZADANIA

Materiałem do badań będą nowe źródła odporności na *P. cubensis*, podatne odmiany kontrolne, populacja mapująca RIL F₇ wyprowadzona ze skrzyżowania genotypów o skrajnych wartościach badanej cechy oraz populacje mieszańcowe otrzymane ze skrzyżowania nowych odpornych źródeł. W oparciu o markery wygenerowane metodą DArTseq (ang. *Diversity Arrays Technology sequencing*) oraz fenotypową ocenę mapującej populacji RIL zostanie skonstruowana wysokorozdzielcza mapa genetyczna, która posłuży do identyfikacji i charakterystyki loci cech ilościowych QTL (ang. *Quantitative Trait Loci*) związanych z odpornością ogórka na *P. cubensis*. Porównanie otrzymanych wyników z zsekwencjonowanym genomem ogórka umożliwi wnioskowanie o charakterze genów warunkujących tę cechę oraz selekcję potencjalnych genów kandydatów. Corocznie sprawdzana będzie stabilność cechy odporności wykazywanej przez nowo zidentyfikowane linie odporne na patogena występującego lokalnie w uprawach ogórka w różnych regionach Polski.

W przypadku badań dotyczących stresu suszy, planuje się przeprowadzenie porównawczej analizy transkryptomów linii ogórka o zróżnicowanym poziomie tolerancji na stres niedoboru wody celem wytypowania genów ulegających zróżnicowanej ekspresji pod wpływem suszy. Na podstawie uzyskanych wyników zostaną wybrane geny kandydackie związane z tolerancją ogórka na deficyt wody, których rola w mechanizmach tolerancji będzie weryfikowana metodą Real-Time PCR.

GRUPY DOCELOWE

Uzyskane wyniki badań zostaną przedstawione w formie oryginalnych publikacji oraz artykułów popularno-naukowych i będą skierowane do szerokiego gremium odbiorców, jak instytucje naukowe i wyższe uczelnie oraz firmy hodowlano-nasienne. Udział firm hodowlano-nasiennych w realizacji projektu przewiduje dostarczenie materiałów ogórka o zróżnicowanej reakcji na *P. cubensis* oraz założenie doświadczeń polowych z wybranymi genotypami ogórka celem testowania ich odporności na patogena w warunkach naturalnej infekcji.

EFEKTY WYNIKAJĄCE Z REALIZACJI PROJEKTU

Porównanie podłoża genetycznego odporności na *P. cubensis* w nowo zidentyfikowanych źródłach ogórka odpornych na patogena dostarczy informacji przydatnych do potencjalnego piramidowania genów w celu zapewnienia efektywnej i trwałej odporności genotypów ogórka podczas silnej presji patogena. Spodziewanym efektem wymiernym proponowanych badań będzie identyfikacja markerów DNA sprzężonych z odpornością ogórka na *P. cubensis* oraz tolerancją tego gatunku na stres deficytu wody, które będą mogły posłużyć jako narzędzia selekcyjne w metodzie MAS, umożliwiając przeprowadzenie efektywnej selekcji i skrócenie procesu hodowlanego, a w efekcie końcowym otrzymanie odmian ogórka tolerancyjnych na suszę i odpornych na mączniaka rzekomego dyniowatych.