

Zadanie 3.1. Poszerzenie zmienności genetycznej pomidora o odporność na wybrane stresy biotyczne oraz ważne cechy jakościowe.

Cel badań:

- ocena stopnia porażenia roślin populacji mapującej, składającej się z rekombinacyjnych linii wsobnych F₈, pochodzących z międzygatunkowego skrzyżowania *S. pimpinellifolium* (LA 1604) × *S. lycopersicum* (Rumba) pod względem reakcji na porażenie przez *Phytophthora infestans* (zaraza ziemniaka) oraz wirusa brązowej plamistości pomidora (TSWV),
- konstrukcja wysokorozdzielczej mapy genetycznej populacji mapującej LA 1604 × ‘Rumba’ w oparciu o dane genotypowe uzyskane metodą wysokoprzepustowego sekwencjonowania DArTseq,
- przygotowanie materiału biologicznego do analiz transkryptomicznych w liściach pomidora we wczesnej fazie infekcji po inokulacji roślin *P. infestans*,
- ocena wartości użytkowej wybranych eksperymentalnych mieszańców F₁ pomidora typu drobnoowocowego oraz wytypowanie obiektu do zgłoszenia do badań rejestrowych (COBORU),
- kontynuowanie badań nad poszerzeniem zmienności genetycznej pomidora pod osłony o wartościowe cechy użytkowe.

Przeprowadzona ocena reakcji 104 linii RIL F₈ populacji mapującej LA 1604 × ‘Rumba’ w warunkach polowych (dwie lokalizacje: IO-PIB w Skierniewicach oraz ODR w Boguchwale) oraz w testach kontrolowanych (dwa rodzaje testów) wykazała istotny wpływ genotypu, środowiska i interakcji genotypowo-środowiskowej na stopień porażenia roślin przez *P. infestans*. Wyniki te potwierdzają złożony, ilościowy charakter odporności oraz zasadność prowadzenia fenotypowania w wielu środowiskach jako warunku wiarygodnej identyfikacji loci QTL o stabilnym działaniu. Równolegle kontynuowano ocenę reakcji na infekcję TSWV, obejmującą 55 linii RIL, co pozwoliło na identyfikację genotypów o zróżnicowanej dynamice infekcji, w tym obiektów wykazujących opóźnioną manifestację objawów. Na podstawie danych genotypowych DArTseq dla 104 linii RIL populacji mapującej (LA 1604 × ‘Rumba’) opracowano wysokorozdzielczą mapę genetyczną obejmującą 5486 markerów DArTseq (SNP: 2683, silicoDArT: 2803), która będzie stanowić podstawę do mapowania QTL warunkujących odporność pomidora na oba patogeny na kolejnych etapach badań.

Zrealizowano etap przygotowawczy do analiz transkryptomicznych, obejmujący wybór genotypów o skrajnie zróżnicowanej reakcji na *P. infestans* (LA 1604, ‘Rumba’), przeprowadzenie testu fitopatologicznego oraz przygotowanie materiału do analizy RNA-seq mającej na celu scharakteryzowanie odpowiedzi transkryptomicznej pomidora we wczesnych fazach infekcji *P. infestans*. Łącznie przygotowano 54 biblioteki cDNA pochodzące z dwóch genotypów, pobranych w czterech punktach czasowych po inokulacji (6, 12, 24 i 48 hpi), z trzema powtórzeniami biologicznymi dla każdej kombinacji, obejmujących wariant kontrolny (mock), po inokulacji *P. infestans* oraz materiał referencyjny pobrany przed inokulacją.

Oceniono również wartość użytkową 4. mieszańców F₁ typu drobnoowocowego, wytypowanych na podstawie wieloletnich doświadczeń jako wykazujących potencjał do zgłoszenia do badań rejestrowych, spośród których jeden mieszańiec - E 1743 (SKW 1425) - został zgłoszony do badań rejestrowych w COBORU. Ponadto przeprowadzona charakterystyka 12 linii pomidora pod osłony umożliwiła selekcję i rozmnożenie 64 najbardziej wartościowych genotypów, przeznaczonych do dalszych etapów programu hodowlanego.