

**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**

Kierownik zadania: **dr M. Staniaszek**

Celem badań jest opracowanie metody diagnostycznej, polegającej na identyfikacji markerów DNA sprzężonych z genem *Frl*, warunkującym odporność pomidora na *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* (FORL) i cechą odporności ogórka na mączniaka rzekomego powodowanego przez *Pseudoperonospora cubensis* (Berk. et Curt.) Rostov, przydatnych do selekcji genotypów odpornych. Do poszukiwań polimorficznych markerów PCR sprzężonych z locus *Frl* wykorzystano sekwencje typu COSII zmapowane na chromosomie 9 genomu pomidora i dostępne w bazie danych Solanaceae Genomics Network. W badaniach stosowano trawienie produktów PCR przy użyciu enzymów restrykcyjnych. Zidentyfikowano marker C2-25 o długości 1100 pz, który po trawieniu enzymem restrykcyjnym *XapI* różnicował linie rodzicielskie odporną i podatną. Sprawdzone obecność fragmentów restrykcyjnych markera C2-25<sub>1100</sub> dla 98 roślin pokolenia F<sub>2</sub>. Analiza restrykcyjna markera C2-25<sub>1100</sub> umożliwiła wyróżnienie 20 genotypów odpornych, homozygotycznych względem locus *Frl*, 49 genotypów odpornych, heterozygotycznych i 29 genotypów podatnych. Zgodność profili restrykcyjnych markera C2-25<sub>1100</sub> z oceną biologiczną roślin pokolenia F<sub>2</sub> może świadczyć o jego silnym sprzężeniu z locus *Frl*.

Z samozapylenia pokolenia F<sub>1</sub> uzyskanego z krzyżowania linii odpornej ogórka DM49 i linii podatnej DM1, otrzymano pokolenie F<sub>2</sub>. Wykonano ocenę odporności/podatności na 115 roślinach w warunkach sztucznej infekcji grzybem *Pseudoperonospora cubensis*. Zbadano amplifikację DNA dla 115 roślin pokolenia F<sub>2</sub> ogórka pod kątem wyróżnionych markerów RAPD i ISSR, które różnicowały linie rodzicielskie. Nie zidentyfikowano markerów RAPD i ISSR sprzężonych z odpornością roślin ogórka na *Pseudoperonospora cubensis*. Przy użyciu 13 par starterów SSR dostępnych w bazie VegMarks dla rodziny *Cucurbitaceae* wykonano analizę polimorfizmu DNA linii rodzicielskich. Dotychczasowe badania nie doprowadziły do identyfikacji markerów DNA odporności roślin ogórka na *Pseudoperonospora cubensis*.