

Zadanie 96. Wykorzystanie markerów molekularnych w hodowli odpornościowej pomidora na choroby powodowane przez *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* i *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*

Okres realizacji: 2008-2013

Kierownik zadania: **dr Mirosława Staniaszek**

Wykonawcy: dr hab. E.U. Kozik, dr M. Nowakowska, mgr W. Szczechura, inż. E. Baigazin, E. Panek

Pseudomonas syringae pv. *tomato* (Okabe)Young, Dye i Wilke (Pst) i *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Sacc) Synder i Hansen (Fol) należą do patogenów pomidora, które powodują duże straty w produkcji tego gatunku. Skuteczną metodą ochrony roślin przed chorobami jest wprowadzenie do uprawy odmian odpornych. W hodowli ukierunkowanej na uzyskanie odmian odpornych stosuje się klasyczne metody selekcji, polegające na sztucznej inokulacji roślin czynnikiem chorobotwórczym. Są to techniki czasochłonne, kosztowne i wymagające wielu powtórzeń. Alternatywą dla stosowanych dotychczas testów fitopatologicznych mogą być metody molekularne, zwłaszcza te oparte na amplifikacji DNA, przy wykorzystaniu łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR). Celem badań było opracowanie molekularnej metody identyfikacji genów warunkujących odporność roślin pomidora na *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* i *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*. Do badań wykorzystano trzy markery DNA: marker CAPS TA01₉₀₂ sprzężony z genem *I-2* warunkującym odporność roślin pomidora na rasę 2 *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, marker SCRP487₁₅₀₀ sprzężony z genem *Pto* determinującym odporność na *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* oraz marker PtoF/PtoR, który został opracowany na podstawie sekwencji sklonowanego genu *Pto* (Yang i Francis, 2005). Amplifikację markerów TA01₉₀₂, SCRP487₁₅₀₀ i PtoF/PtoR₅₅₀ zbadano w ok. 600 genotypach, reprezentujących odmiany, linie hodowlane i mieszańce F₁ pomidora. Uzyskane wyniki badań wskazują, że te trzy markery mogą być wykorzystane w hodowli odpornościowej pomidora do selekcji genotypów odpornych, zwłaszcza markery TA01₉₀₂ i PtoF/PtoR₅₅₀, które są markerami kodominującymi i umożliwiają identyfikację genotypów odpornych, homozygotycznych.