

**Ogólnopolska Konferencja Naukowa**

**„Genetyka, hodowla i biotechnologia roślin –  
osiągnięcia, wyzwania, perspektywy”**

## **STRESZCZENIA**



**WYDZIAŁ  
AGROBIOINŻYNIERII**

*Lublin, 2018*

## ZAGĘSZCZANIE MAPY GENETYCZNEJ OGÓRKA W OBRĘBIE LOCI ODPORNOŚCI NA KANCIASZĄ PLAMISTOŚĆ

RENATA SŁOMNICKA, GABOR MILIŃSKI, GRZEGORZ BARTOSZEWSKI

*Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego  
w Warszawie, Nowoursynowska 159, 02-787 Warszawa*

**Słowa kluczowe:** *Cucumis sativus*, kanciasta plamistość ogórka, mapa genetyczna, *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans*

Kanciasta plamistość ogórka wywoływana przez bakterię *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* jest obok mączniaka rzekomego i prawdziwego jedną z groźniejszych chorób występujących w uprawie polowej ogórka. W ostatnich latach nasilenie występowania tej choroby zaobserwowano w Polsce, jak również w Chinach i Stanach Zjednoczonych. Objawami kanciastej plamistości ogórka są uwodnione, ograniczone nerwami plamy na liściach, które z czasem przekształcają się w nekrozy. Wokół nekroz może występować chlorotyczne halo. Stopień nasilenia objawów wyrażony w liczbie i wielkości nekroz jest cechą poligeniczną, natomiast obecność chlorotycznego halo warunkowana jest recesywnie przez gen *psl*. Na podstawie wcześniej przeprowadzonych badań skonstruowano mapę genetyczną ogórka dla populacji mapującej Gy14×B10, a następnie zidentyfikowano na chromosomie 5 dwa główne QTL *psl5.1* i *psl 5.2* związane ze stopniem nasilenia objawów choroby oraz gen *psl* znajdujący się w obrębie locus *psl5.1*. Celem badań było znalezienie nowych polimorficznych markerów pozwalających zagęścić genetyczną mapę genetyczną ogórka w obrębie locus *psl5.1*. W pierwszym etapie w sekwencji genomu linii B10 zidentyfikowano bioinformatycznie sekwencję o wielkości 895 kbp odpowiadającą locus *psl5.1*. Następnie do sekwencji tej przyrównano sekwencję genomu linii Gy14. W obrębie przyrównania zidentyfikowano 64 polimorfizmy typu insercja-lub-delecja (indel) oraz 34 polimorficzne loci mikrosatelitarne. W celu potwierdzenia polimorfizmu wybrane loci mikrosatelitarne oraz indele przetestowano na liniach rodzicielskich i ośmiu wybranych liniach populacji mapującej. Wygenerowanie zestawu nowych markerów będzie przydatne w skonstruowaniu nowej mapy genetycznej dla populacji mapującej Gy14×B10, zagęszczonej w obrębie locus *psl5.1*, co pozwoli wskazać kandydackie geny odporności na kanciastą plamistość i zaproponować markery molekularne blisko sprzężone z tymi genami.