

PIOTR M. KOPEĆ¹
KATARZYNA MIKOŁAJCZYK²
JOANNA NOWAKOWSKA²
EWA JAJOR³
AGNIESZKA PEREK³
EMILIA CUGIER⁴
MAGDALENA GRYNIA⁴
DOMINIKA PAWLAK⁴
EWELINA MAJCHRZAK⁴
DOROTA KAWKA⁴
MAREK KORBAS³
IWONA BARTKOWIAK-BRODA²
WOJCIECH M. KARŁOWSKI^{1,♦}

¹ Zakład Biologii Obliczeniowej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

³ Zakład Mikologii, Instytut Ochrony Roślin PIB, Poznań

⁴ Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział w Borowie

♦ e-mail: wmk@amu.edu.pl

Analiza genetycznego podłoża odpowiedzi na *Plasmodiophora brassicae* Wor. u rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.)*

Porażenie przez *Plasmodiophora brassicae* powoduje znaczne straty w uprawie rzepaku ozimego (*Brassica napus*). Z racji braku skutecznych środków ochrony przed pierwotniakiem wyprowadzanie odmian wykazujących odporność jest obecnie najlepszą strategią ograniczania szkód. Kluczowym elementem hodowli jest identyfikacja zmienności genetycznej powiązanej ze zróżnicowaną odpowiedzią na ekspozycję na patogen. Zastosowanie metod molekularnych oraz wysokoprzepustowych pozwala na uzyskanie danych o wysokiej rozdzielczości, które umożliwiają określenie markerów hodowlanych, a jednocześnie dają możliwość zgłębienia biologicznego charakteru układu gospodarz — pasożyt.

W toku badań wyprowadzono mapującą populację podwójnych haploidów (DH) powstałą przez skrzyżowanie odpornej oraz podatnej na porażenie *Plasmodiophora*

* Projekt realizowany w ramach grantu NCN 2016/22/M/NZ9/00604 oraz POWR.03.02.00-00-I022/16.

brassicae odmian rzepaku ozimego. Wykorzystując analizę danych z sekwencjonowania nowej generacji, mikromacierzy *Brassica* 60K SNP Chip oraz *loci* SRR zidentyfikowano allele zasocjowane ze zróżnicowaną odpowiedzią na patogen. W przyszłości badania zostaną uzupełnione o kolejne linie DH oraz przeprowadzone zostaną transkryptomiczne analizy układu rzepak — *Plasmodiophora brassicae*.