

# Ekspresja wybranych genów odporności na suchą zgniliznę kapustnych u mieszańców oddalonych z rodzaju *Brassica*



Ewa Starosta<sup>1</sup>, Justyna Szwarc<sup>1</sup>, Izabela Pawłowicz<sup>2</sup>, Janetta Niemann<sup>1</sup>,

<sup>1</sup> Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

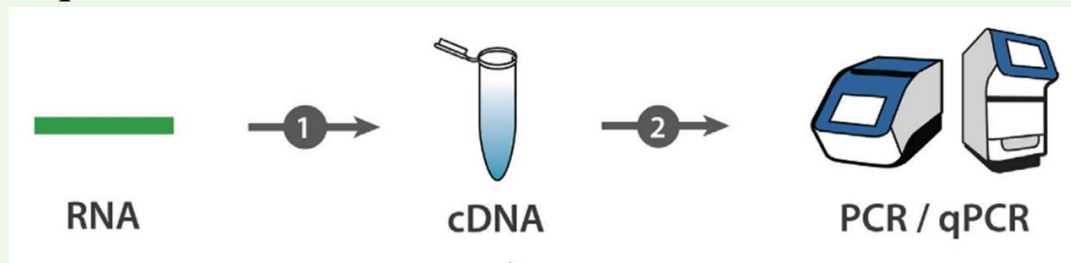
Pracę wykonano w ramach projektu MRiRW, zadanie nr 27

## Wstęp, cel badań i metody

Sucha zgnilizna kapustnych, powodowana przez kompleks patogenów grzybowych *Leptosphaeria spp.*, stanowi poważne zagrożenie dla roślin z rodzaju *Brassica*. Strategie zwalczania tej choroby opierają się między innymi na hodowli odmian odpornych rzepaku (*Brassica napus* L.), posiadających geny odporności pionowej. Źródłami tych genów mogą być genotypy dzikie lub rośliny blisko spokrewnione z rodzaju *Brassica*. Celem przeprowadzonych badań była wstępna analiza ekspresji wybranych genów odporności na suchą zgniliznę kapustnych – *Rlm3*, *Rlm4* oraz *Rlm7* wśród 50 genotypów z rodzaju *Brassica*.

**Materiał badawczy:** mieszańce oddalone z rodzaju *Brassica* oraz gatunki rodzicielskie.

**Metody:** w celu analizy poziomu ekspresji wybranych genów odporności na suchą zgniliznę kapustnych, tj. *Rlm3*, *Rlm4* oraz *Rlm7* zastosowano dwustopniową technikę RT-qPCR.



Sekwencje starterów genów odporności i genu referencyjnego aktyny:

	Forward	Reverse	Długość ampliconu
<b>Rlm 3</b>	CCATCACGTCTCCCTCAAGT	ACAAGCTCGTTCAAGCACCT	242
<b>Rlm 4</b>	ACCTTTGATCGTCGTTGAGG	GGACAAGAGACGCCAAATA	218
<b>Rlm 7</b>	TCTTACCAAGGGCTTCTGT	TTGCTGTCACGCCTTAACTG	206
<b>Aktyna</b>	GCCATTCAAGCTGTCCTCTC	CTCTGACGATTCACGCTCA	229



## Wnioski:

- Krzyżowanie ze sobą roślin spokrewnionych, posiadających pożądane geny odporności może prowadzić do otrzymania roślin o podwyższonej odporności na choroby.
- W niniejszej analizie nie zauważono żadnych zależności pomiędzy poziomem ekspresji genów odporności pomiędzy liniami rodzicielskimi a mieszańcami oddalonymi. Można się domyślać, że jest to spowodowane zjawiskiem szoku genomowego, które często występuje w wyniku hybrydyzacji interspecyficzej. Potwierdzenie tej tezy wymaga dalszej analizy ekspresji genów i korelacji jej poziomu z odpornością na chorobę.

## Kolejne etapy badań:

- Analiza ekspresji genów odporności na suchą zgniliznę kapustnych (*Rlm3*, *Rlm4*, *Rlm7*) u mieszańców oddalonych i gatunków rodzicielskich po inokulacji *Leptosphaeria maculans* z odpowiadającymi genami awirulencji (*AvrLm3*, *AvrLm4*, *AvrLm7*),
- Ocena fenotypowa 50 genotypów pod kątem odporności na suchą zgniliznę kapustnych.