

ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA ¹

MIROSLAW TYRKA ²

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych

² Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza, Rzeszów
Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki
e-mail: a.pietrusinska@ihar.edu.pl; mtyrka@prz.edu.pl

Mapowanie genu odporności na rdzę brunatną *Lr55* w pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)

Rdza brunatna zbóż i traw jest jedną z najpoważniejszych chorób liści pszenicy jarej oraz ozimej. Największe straty wyrządza w uprawie pszenicy ozimej. Obserwowana jest we wszystkich fazach rozwojowych roślin. Przy silnym porażeniu starty wywołane przez tą chorobę sięgają od 40 do 50%. W Polsce średnio straty w plonach szacuje się na około 5 do 10%.

Głównym celem dzisiejszej produkcji roślinnej jest uzyskanie jak najwyższego plonu przy jednoczesnej minimalizacji stosowania środków ochrony roślin. Uprawa odmian o korzystnych cechach gospodarczych, w tym również o wysokim potencjale ich plonowania, ściśle związana jest z ich odpornością na choroby grzybowe oraz wirusowe. Ważną rolę odgrywa hodowla odpornościowa zbóż, która dysponuje wieloma narzędziami genetyki klasycznej i molekularnej, z powodzeniem mogących być wykorzystywane w celu uzyskania roślin odpornych na powszechnie występujące choroby zbóż.

Wykorzystanie narzędzi biologii molekularnych, w tym markerów DNA, znalazło szerokie zastosowanie w programach hodowlanych. Konstruowanie map genetycznych oraz identyfikacja *loci* cech ilościowych pozwala na przedstawienie położenia poszczególnych genów na chromosomie powiązanych z daną cechą.

Celem niniejszej pracy było wyznaczenie markerów molekularnych sprzężonych z genem odporności na rdzę brunatną zbóż i traw *Lr55*. Materiał roślinny stanowiły dwie populacje mapujące: F₂ (*Lr55*×Bogatka) oraz F₂ (*Lr55*×Nadobna). Do mapowania genu *Lr55* wykorzystano łącznie 15 markerów DArTs oraz 68 markerów SSR. Na podstawie analizy sprzężeń genetycznych ustalono rozmieszczenie genu *Lr55* wraz z markerami oraz określono odległości genetyczne pomiędzy nimi.