

Genetyczne determinanty odporności rzepaku (*Brassica napus* L.) na infekcję *Plasmodiophora brassicae* Wor.

Piotr Kopec

Streszczenie

Brassica napus należy do najważniejszych roślin oleistych na świecie. Jej uprawom zagrażają liczne choroby roślin kapustowatych. Jedną z nich jest kiła kapusty, globalnie odpowiedzialna za około dziesięcioprocentową utratę plonów. Kiła kapusty wywoływana jest przez *Plasmodiophora brassicae* - obligatoryjnego endobiotrofa należącego do kladu Rhizaria. Patogen ten stymuluje rozrost zainfekowanych korzeni, w rezultacie wywołując charakterystyczne narośla. Porażone rośliny wykazują ogólnoustrojowe objawy, prowadzące do nieoptymalnego kwitnienia i przedwczesnego starzenia.

Ze względu na długowieczność i trwałość przetrwalników *P. brassicae*, ochrona upraw przed kiłą kapusty stanowi trudne wyzwanie. Jedną z najlepszych strategii ograniczania szkód jest wyprowadzanie odmian odpornych, opierające się na uprzedniej identyfikacji genetycznych czynników zaangażowanych w odpowiedź na infekcję.

W niniejszej pracy zmapowano *locus* odporności na kiłę kapusty w odmianie *B. napus* 'Tosca' do fragmentu genomu obejmującego około 100 kbp. Następnie zbadano miejscową zmienność sekwencji oraz różnice w ekspresji lokalnych genów, pomiędzy liniami odpornymi, a podatnymi na porażenie kiłą kapusty. W wyniku analiz zidentyfikowano wysoce polimorficzny, zduplikowany gen należący do rodziny TNL, który poddano analizie funkcjonalnej. Ektopiczna ekspresja sekwencji kodujących w *Arabidopsis thaliana* mocno wsparła hipotezę udziału zduplikowanego genu w odporności na chorobę.

Ponadto przeprowadzono analizę porównawczą struktury *locus* odporności wśród szerszego panelu genomów roślin kapustowatych. Wyniki podkreślają wysoką dynamikę ewolucyjną regionu, zwłaszcza w przypadku genu TNL.

Przeprowadzone badania dostarczyły cennych zasobów dla programów hodowli odpornościowej oraz otworzyły wiele nowych możliwości dalszych badań podstawowych i aplikacyjnych.