

Marker T0834, 32.00 cM, Chr. 6
Christopher T. Martin and Douglas P. Maxwell

Primer Name	Primer Sequence (5' to 3')
T0834-F1a	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGG
T8034-R1	GGAAGGTGATGCTGCAATCCTTCAGATAACC

University of Wisconsin Madison: August 7, 2006

Purple Russian T0834-FR: 553 bp; susceptible to begomoviruses.

```
1 CTGTTAATTG GGACCCCATC AGAAGCAGGA AACTTCCCAG TATTGATATT TCTCCATGGC
61 TATCTTCTTT ACAATTCTTT CTATTCACAA CTTATTCAAC ATCTCTCTTC TCATGGCTTC
121 ATTGTTGTTG CTCCTCAGGT TTCTTCCTCT CTCTGTTTTT TTTTCGCTTT ATTGTGCTCC
181 AAGAAATTGA TAGTTTTGTA CACATTTTTA ATTTACCTGG CATCCAAACA TCTCACCAGG
241 GGTTGCCACG ATAAATAAAA AATTGTACAA AATCTCAATT TAGTTAACGT GTGTGTCTGA
301 AATATTGATC CTAGTCTAAT ATAACAGGGT ACTTGTGCGT TATTCCTATG AACGTTATTT
361 CTATAACTAT CATTAAACAGC TTTTGGATTG TGAAATTAGT TGGTTCTAAC TACTGCTAGT
421 CTGGGTACGG GTTTGCTAAT GAACAATTTT CATTTTAGTT ATATTTAGTG GAAGGAGCAG
481 ATGCAACCGA GGATATCAAA TCGACAGCTG AAGTCACCCA TTGGTTATCT GAAGGATTGC
541 AGCATCACCT TCC
```

Gh25 T0834-FR: 591 bp; moderately resistant to begomoviruses

```
1 CTGTTAATTG GGACCCCATC AGAAGCAGGA AACTTCCCAG TATTAATATT TCTTCATGGC
61 TATCTTCTTT ACAATTCTTT CTATTCACAA CTTATTCAAC ATCTCTCTTC TCATGGCTTC
121 ATTGTTGTTG CTCCTCAGGT TTCTTCCACT CTCTTTTTTT TCGCTTTTCT AGTTTTAATT
181 TTGTACACAT TTTTAATTTA CCTGGCATCC AAACATCTCA CCGTAGGTTG CCACGTAAAT
241 AAAAAAAAAAT TGTACAAAAT CTTAGTTTAG TTAACGTGTG TCAAATATTG ATCCTAGTAT
301 GATAGGGTAC TTGTGCCTTA TTCCGATGAA CTTTTGTATC AATATGTAGC TGTAATTGGC
361 AAGGAGAGTC TAATTAGTAC TTACAATGTT ATTTTTTTAT AACTATCATT AACAGCTTTT
421 GGATTGTGAA ATTAGTTGGT TTTAACAAC TTTAGTCTGT GTACTGGTTT GCTAATTTTC
481 ATTTGGTTTG TATTAGTTAT ATTTAGTGGA AGGAGCAGAT GCAACCGAGG ATATCAAATC
541 GACAGCTGAA ATCACCAATT GGTTATCTGA AGGATTGCAG CATCACCTTC C
```

Blast Search (24 Apr 09)

Matches cDNA for clone LEFL1004DH11, AK320094, full-length cDNA clone from leaves treated with pathogens

Aoki,K., Yano,K., Suzuki,A., Suda,K., Suzuki,T., Sakurai,N.,
Suzuki,H., Takahashi,H., Watanabe,Y., Arie,T., Ichinose,Y.,
Kodama,M., Ezura,H. and Shibata,D.

TITLE: Full-length cDNA sequences from tomato (*Solanum lycopersicum* cv Micro-Tom) leaves treated with pathogens

JOURNAL Published Only in Database (2009)

SGN BAC Clone Search (100% identity)

C06Hba0307J13.1 (39,305 to 39,857) and C06HBa0301C21.1 (106,352 to 105,800)

Comparison With Other Breeding Lines From Guatemala

100a and PR gave good sequence with both the forward and reverse primers. The other lines listed below gave good sequence with the reverse primer only. 902h did not sequence. Upon alignment all resistant lines matched identically, and differed significantly from the susceptible lines (100a=19a=35a=228-2=Gh13, Heinz=Purple Russian). The groups differed by 38 SNP and 8 INDEL. Therefore, an introgression that correlates to begomovirus resistance is present at this location on chromosome 6.

All evaluations for resistance were done in Guatemala to a mixture of begomoviruses.

NAMES: Resistant inbreds: 100a-T0834-FR 19a-T0834F1a 35a-T0834R1 113a-T0834R1 228-2-T0834R1 Gh13-T0834R1; susceptible OP's Heinz-T0834R1, PR-T0834-FR (Purple Russian)

ORIGIN		
100a-T0834-FR	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTAATATTTCTTCATGGC	60
19a-T0834F1a	0
35a-T0834R1	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTAATATTTCTTCATGGC	60
113a-T0834R1	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTAATATTTCTTCATGGC	60
228-2-T0834R1	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTAATATTTCTTCATGGC	60
Gh13-T0834R1	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTAATATTTCTTCATGGC	60
Heinz-T0834R1	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTgATATTTCTcCATGGC	60
PR-T0834-FR	CTGTTAATTGGGACCCCATCAGAAGCAGGAAACTTCCCAGTATTgATATTTCTcCATGGC	60
Consensus		
100a-T0834-FR	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
19a-T0834F1a	0
35a-T0834R1	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
113a-T0834R1	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
228-2-T0834R1	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
Gh13-T0834R1	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
Heinz-T0834R1	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
PR-T0834-FR	TATCTTCTTTACAATTCTTTCTATTCACAACTTATTCAACATCTCTCTTCTCATGGCTTC	120
Consensus		
100a-T0834-FR	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCACTCTCT...TTTTTTTCGCTTTTCTAGTTT..	175
19a-T0834F1a	0
35a-T0834R1	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCACTCTCT...TTTTTTTCGCTTTTCTAGTTT..	175
113a-T0834R1	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCACTCTCT...TTTTTTTCGCTTTTCTAGTTT..	175
228-2-T0834R1	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCACTCTCT...TTTTTTTCGCTTTTCTAGTTT..	175
Gh13-T0834R1	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCACTCTCT...TTTTTTTCGCTTTTCTAGTTT..	175
Heinz-T0834R1	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCctCTCTGttTTTTTTTCGCTTTatTgtgcTcc	180
PR-T0834-FR	ATTGTTGTTGCTCCTCAGGTTTCTTCCctCTCTGttTTTTTTTCGCTTTatTgtgcTcc	180
Consensus		
100a-T0834-FRTAATTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	225
19a-T0834F1aTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	46
35a-T0834R1TAATTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	225
113a-T0834R1TAATTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	225
228-2-T0834R1TAATTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	225
Gh13-T0834R1TAATTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgTA	225
Heinz-T0834R1	aagaaattgaTAgTTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgGA	240
PR-T0834-FR	aagaaattgaTAgTTTTGTACACATTTTAAATTTACCTGGCATCCAAACATCTCACCgGA	240
Consensus		
ttgttacacatttttaatttacctggcatccaaacatctcaccg a		
100a-T0834-FR	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	282
19a-T0834F1a	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	103
35a-T0834R1	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	282
113a-T0834R1	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	282
228-2-T0834R1	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	282
Gh13-T0834R1	GGTTGCCACGTAAATAAAAAAAAAAATTGTACAAAATCTTAGTTTAGTTAACGTGTGTGTC...	282
Heinz-T0834R1	GGTTGCCACGatAA..AtAAAAAATTGTACAAAATCTcAaTTTAGTTAACGTGTGTgtct	298
PR-T0834-FR	GGTTGCCACGatAA..AtAAAAAATTGTACAAAATCTcAaTTTAGTTAACGTGTGTgtct	298
Consensus		
ggttgccacg aa a aaaaaattgtacaaaatct a tttagttaacgtgtgt		

100a-T0834-FR	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	336
19a-T0834F1a	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	157
35a-T0834R1	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	336
113a-T0834R1	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	336
228-2-T0834R1	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	336
Gh13-T0834R1	.AAATATTGATCCTAGT.....ATGATAGGGTACTTGTGCCTTATTCCGATGAACTTTTG	336
Heinz-T0834R1	gAAATATTGATCCTAGTctaataATaAcAGGGTACTTGTGCgTTATTCCtATGAACgTT..	356
PR-T0834-FR	gAAATATTGATCCTAGTctaataATaAcAGGGTACTTGTGCgTTATTCCtATGAACgTT..	356
Consensus	aaatattgatcctagtagt at a aggtacttgtgc ttattcc atgaac tt	
100a-T0834-FR	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	396
19a-T0834F1a	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	217
35a-T0834R1	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	396
113a-T0834R1	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	396
228-2-T0834R1	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	396
Gh13-T0834R1	TATCAATATGTAGCTGTAATTGGCAAGGAGAGTCTAATTAGTACTTACAATGTTATTTTT	396
Heinz-T0834R1aTTT	360
PR-T0834-FRaTTT	360
Consensus	ttt	
100a-T0834-FR	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGGTTTTAACAACTGTTAGT	456
19a-T0834F1a	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGGTTTTAACAACTGTTAGT	277
35a-T0834R1	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGG.....	439
113a-T0834R1	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGG.....	439
228-2-T0834R1	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGGTTTTAACAA.....	448
Gh13-T0834R1	TTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGGTTT.....	442
Heinz-T0834R1	cTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAAT.....	396
PR-T0834-FR	cTATAACTATCATTAAACAGCTTTTGGATTGTGAAATTAGTTGGTTcTAAcTACTGcTAGT	420
Consensus	tataactatcattaacagcttttggattgtgaaat	
100a-T0834-FR	CTGTGTACTGGTTTGCTAATTTTCATTTGGTTTGTATTAGTTATATTTAGTGGAAGGAGC	516
19a-T0834F1a	CTGTGTACTGGTTTGCTAATTTTCATTTGGTTTGTATTAGTTATATTTAGTGGAAGGAGC	337
35a-T0834R1	439
113a-T0834R1	439
228-2-T0834R1	448
Gh13-T0834R1	442
Heinz-T0834R1	396
PR-T0834-FR	CTGgGTACgGGTTTGCTAATgaaCAaTT..TTcaTtTTAGTTATATTTAGTGGAAGGAGC	478
Consensus		
100a-T0834-FR	AGATGCAACCGAGGATATCAAATCGACAGCTGAAATCACCAATTGGTTATCTGAAGGATT	576
19a-T0834F1a	AGATGCAACCGAGGATATCAAATCGACAGCTGAAATCACCAATTGGTTATCTGAAGGATT	397
35a-T0834R1	439
113a-T0834R1	439
228-2-T0834R1	448
Gh13-T0834R1	442
Heinz-T0834R1	396
PR-T0834-FR	AGATGCAACCGAGGATATCAAATCGACAGCTGAAgTCACCcATTGGTTATCTGAAGGATT	538
Consensus		
100a-T0834-FR	GCAGCATCACCTTCC.....	591
19a-T0834F1a	GCAGCATCACCTTCC.....	412
35a-T0834R1	439
113a-T0834R1	439
228-2-T0834R1	448
Gh13-T0834R1	442
Heinz-T0834R1	396
PR-T0834-FR	GCAGCATCACCTTCC.....	553
Consensus		

Another gene on the BAC clone, which could be used to design primers:

Copied from SGN site: shaped areas are exons

>GTH_SGN_E_tom_potato_gene_6_AGS_742 class=Sequence position=C06Hba0307j13.1:25791..27257 (- strand)

```
CCAGATTTTG ATTTTATGGA GTGATTCCTGA ATATATAAAT CAGAATTGGA AAGAAGAGTG ATGCAATGAG GGATGAGTAT
TCAAGAGAAA GCAAGGTGAA TACTCATAGC ACAACCCCTT TTCTCCTTTT GCTTTCATTT TTCTTTGGAA AATGCAATTT
TTGGGGTTTT GTACTTTGAT TTCTGACATT TTGGCCCTTT GATTTCTGAA GCTGCTTGGG TCCAGAAAAT TGGFTAGSAA
ATGFTTCAGT TCAAGSAAA AGCTGTGAGA ATTTGAAATCT GFTTATGSMG GTGAGCATCT TATTTTTCTT TAATTAGGTT
TATSAATGTS TGTTTAAOC TTTTGTTTTT GAGGGGTGGA AATGTTTAST CTGAAATGSG TTTTCTCTCT GGGGTAGCTA
AAACTAGTAG ATGTAACTT ACAAAATTIA GTCAAACTCT CGTATGGTCA CTCCACTGAT ACGCTAAGAA AGTCGCTTTC
TTTGTGAGG AAAATCGGAA TTAAGAGTAA AGACGGCTTT TTGAGATAC TAACTATTAG TTGAGTAACA TTCTAAATAG
AATATTTFGT TTATTCCTTG TGTAAAACT TTGCGTATG GATAATAAT TTGCTCTGCA GCAGATGIST TTGGTGATTA
GTGAAAGTTE TGTCTCATG TGAATGTGTA TTATTCGACT GTCTTTTACT CAGGTAGAAA TGAATGGTTC TTTCCCTTIA
AGATTAAGGT AAACATAATC ATTCCTAATT TTGTGAAAAC TCAGTCGGTG TACTAAGTTC CTGCTACGTG TTAGGTTCCG
AGAGGGACTG ATCACAACTT CACAAGGGA TTGTATGCGG CCTTACTATG CATTCTTCA AGAGACGGTC TCCATAGCTC
GAACCATAGA TTGTGCAAT AGGCTGTTC CAATTTTGG GATTTGTTTA AATGTTGTA AGTTATAGTT TTTTACCAC
TTCTCAATTC GGAACATATG TTGATTTTTT CTCTTTTGG AGTATAGAG GGGGAGAAA GGTCTTSSA GTGGAGAGT
TGGCAATCA AGAAGACCA AACAAGTTAG TGGCACGATT AATATCCAA ATCCTTATA TACCCTATGT AGTATTTAAG
AGATCTTCT TACGTGACTT GAGTTAATTC TAGTCTCTTT GCCCTCTCAA ATGAGCAGAG AAATCAACCA GGTGTATGGA
GATTCCTCCA CGGGGAGTG TTGTCCTTGA TGGCCCTAAG ATATATAATG TAGAGATTA TAGCTTTGTC TTCTGTATG
ATTTTCAGA TTTTCTCTT TTTTCTATA TATTCACTA CTACTAGAT GAATTTTTT TGGTTTTAT TCTATATGC
TCACACTCTT TGTGCTACA TGGAAATGSG GTGGAGAATC GCCCCTAAGC AATTTSAATC TAGATGAATG GCTTCATCTC
TCACCCCTG CAGATATCTA TGTGCTT
```