Kukurydza *Zea mays* L. wraz z pszenicą oraz ryżem zaliczana jest do jednego z najważniejszych i najstarszych gatunków roślin uprawnych. Nieustający wzrost zasięgu uprawy kukurydzy związany jest z postępem hodowlanym, który między innymi polega na wykorzystaniu zjawiska heterozji oraz tworzeniu mieszańców o mniejszych wymaganiach klimatycznych. Bardzo istotny jest również dostęp do coraz nowocześniejszych metod hodowlanych i technologii uprawy. W ostatnim dziesięcioleciu wielu naukowców w swoich badaniach wykorzystało metody biologii molekularnej do zlokalizowania loci determinujących plon ziarna i cechy struktury plonu u kukurydzy. Nadal jednak prowadzone są intensywne badania nad poszukiwaniem nowych markerów, które byłyby sprzężone z plonem i jego komponentami. Rozwój nowych metod genotypowania opartych np. na NGS (ang. Next Generation Sequencing) sprawia, że są one coraz częściej stosowane w badaniach podstawowych. Dostępność dużej liczby markerów SNP lub powtarzalność wyników technologii DArT i ich malejące koszty sprawiają, że nowoczesne metody mają zastosowanie w przypadku ważnych gospodarczo roślin w takich badaniach jak identyfikacja markerów cech fenotypowych oraz selekcja na poziomie całych genomów. Technologia DArT również sprawdza się jako wydajne narzędzie diagnostyczne do badania różnorodności genotypowej. Od wielu lat nacis kładzie się również na hodowlę odpornościową, w zwiazku z pojawiajacymi się chorobami podstawy łodygi i kolb. W Polsce sprawcami zgorzeli podstawy łodygi oraz fuzariozy kolb są grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. (*F. culmorum, F. graminearum, F. subglutinans, F****.*** *moniliformis, F. zeae* dla fuzariozy łodyg, natomiast *F. culmorum, F. graminearum, F. subglutinans, F. moniliformis, F. zeae*  dla fuzariozy kolb). Najczęściej fuzarioza kolb wywołana jest przez *F graminearum* produkujące deoksyniwalenol-DON oraz zearalenon-ZEA i *F. verticillioides* produkujący fumonizyny. W ostatnich latach obserwuje się wzrost poziomu skażenia ziarna kukurydzy tymi związkami. Wobec powyższego w projekcie realizowane będą następujące cele główne: identyfikacja nowych markerów związanych z cechami struktury plonu kukurydzy, identyfikacja nowych markerów zwiazanych z odpornością roślin na fuzarium, optymalizacja procedur diagnostycznych, służących do identyfikacji markerów molekularnych związanych z genami odporności na fuzarium. Cele główne będą obejmowały następujące cele szczegółowe: założenie doświadczenia polowego, w skład którego wchodzić będzie: 250 linii matecznych oraz 2 linie ojcowskie, w celu przeprowadzenia obserwacji fenotypowych (obserwacje będą dotyczyły wielkości cech struktury plonu a także stopnia porażenia przez *Fuzarium* ssp), w celu identyfikacji markerów SNP i SilicoDArT związanych, cechami struktury plonu oraz odpornością na fuzarium zostanie wykonane sekwencjonowanie nowej generacji. W celu wytypowania markerów silnie sprzężonych z cechami struktury plonu i odpornością na fuzarium wykonane zostanie mapowanie asocjacyjne i fizyczne. W kolejnym etapie badań zaprojektowane zostaną startery, które w kolejnych latach poddane zostaną testowaniu na materiałach hodowlanych. W celu wyboru użytecznych markerów molekularnych opisanych w doniesieniach literaturowych zostanie przeprowadzona weryfikacja ich skuteczności. Weryfikacji poddane zostanie 12 markerów, które będą testowane na 30 genotypach referencyjnych (podatnych i odpornych na fuzarium). W celu uzyskania nasion mieszańcowych niezbednych do założenia doświadczeń w latach 2022 i 2023 wykonane zostanie krzyżowanie komponentów rodzicielskich.