

1. Спосіб ідентифікації рослини *Brassica napus*, що має підвищений рівень стійкості до конкретного грибного патогену *L. maculans* та/або *L. biglobosa*, що включає виявлення у зазначеної рослини *Brassica napus* або її частини присутність або відсутність щонайменше одного маркера, який міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga24982s01 відповідно до SEQ ID NO: 1 і ga25063s01 відповідно до SEQ ID NO: 10, при цьому спосіб включає виявлення щонайменше одного з наступних алелів:

- a) алель у або алель с в ga24982s01 відповідно до SEQ ID NO: 1,
- b) алель у або алель t в ga74607s01 відповідно до SEQ ID NO: 2;
- c) алель s або алель g в ga74625s01 відповідно до SEQ ID NO: 3;
- d) алель у або алель t в ga74605s01 відповідно до SEQ ID NO: 4;
- e) алель у або алель t в ga74601s01 відповідно до SEQ ID NO: 5;
- f) алель у або алель с в ga74589s02 відповідно до SEQ ID NO: 6;
- g) алель у або алель с в ga74593s01 відповідно до SEQ ID NO: 7;
- h) алель k або алель t в ga25028s01 відповідно до SEQ ID NO: 8;
- i) алель r або алель g в ga25042s01 відповідно до SEQ ID NO: 9;
- k) алель k або алель g в ga25063s01 відповідно до SEQ ID NO: 10.

2. Спосіб за п. 1, який включає виявлення у зазначеній рослині *Brassica napus* або її частині, як-от тканина або насіння, присутність або відсутність щонайменше двох маркерів, при цьому щонайменше один маркер міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga24982s01 відповідно до SEQ ID NO: 1 та ga74601s01 відповідно до SEQ ID NO: 5, і щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga25063s01 відповідно до SEQ ID NO: 10 та ga74589s02 відповідно до SEQ ID NO: 6.

3. Спосіб за п. 2, за яким:

- a) щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga74607s01 відповідно до SEQ ID NO: 2 та ga74601s01 відповідно до SEQ ID NO: 5, і щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga25042s01 відповідно до SEQ ID NO: 9 та ga74589s02 відповідно до SEQ ID NO: 6; і/або
- b) щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga74625s01 відповідно до SEQ ID NO: 3 та ga74601s01 відповідно до SEQ ID NO: 5, і щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga25028s01 відповідно до SEQ ID NO: 8 та ga74589s02 відповідно до SEQ ID NO: 6; і/або
- c) щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього між ga74605s01 відповідно до SEQ ID NO: 4 та ga74601s01 відповідно до SEQ ID NO: 5, і щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах

нього між ra74593s01 відповідно до SEQ ID NO: 7 та ra74589s02 відповідно до SEQ ID NO: 6; i/або

d) щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього, визначеному ra74601s01, відповідно до SEQ ID NO: 5, і щонайменше один із зазначених маркерів міститься на хромосомному інтервалі або в межах нього, визначеному ra74589s02, відповідно до SEQ ID NO: 6.

4. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, за яким рослина *Brassica napus* має геном ААСС і отримана шляхом інтрогресії *LepR1* з рослини-донора в рослину-реципієнт *Brassica napus* для отримання інтрогресованої рослини *Brassica napus*.

5. Спосіб за п. 4, за яким рослиною-донором є *Brassica rapa subsp. sylvestris*, яка має геном АА.

6. Спосіб за п. 5, за яким інтрогресовану рослину *Brassica* відбирають для події рекомбінації на хромосомному інтервалі або в межах нього між ra24982s01 відповідно до SEQ ID NO: 1 та ra25063s01 відповідно до SEQ ID NO: 10, і не зберігають другий хромосомний інтервал, отриманий від рослини-донора.

7. Спосіб за будь-яким з пп. 1-6, за яким зазначена рослина *Brassica napus* або її частина не виявляють жодних асоційованих негативних агрономічних i/або фенотипічних властивостей, спричинених зчепленим вантажем.

8. Спосіб за п. 1, за яким ідентифікація або виявлення рослини *Brassica napus*, яка має стійкість до грибного патогену *Leptosphaeria maculans* i/або *L. biglobosa*, включає використання пари праймерів, який **відрізняється** тим, що пара праймерів вибрана з групи, що складається з:

a) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 11 та SEQ ID NO: 12; i/або

b) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 13 та SEQ ID NO: 14; i/або

c) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 15 та SEQ ID NO: 16; i/або

d) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 17 та SEQ ID NO: 18; i/або

e) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 19 та SEQ ID NO: 20; i/або

f) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 21 та SEQ ID NO: 20; i/або

g) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 23 та SEQ ID NO: 24; i/або

h) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 25 та SEQ ID NO: 26; i/або

i) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 27 та SEQ ID NO: 28; i/або

j) пари праймерів, що містять SEQ ID NO: 29 та SEQ ID NO: 30.