

Zadanie 108: **Badania nad uzyskaniem komparatywnej mapy genomu truskawki (*Fragaria x ananassa*)**

Badania prowadzono w latach 2011-2013. Ich celem było utworzenie mapy genetycznej oktoploidalnej truskawki (*Fragaria x ananassa*, 8n) poprzez wykorzystanie zjawiska kolinearności genomów i aplikację informacji z dostępnych baz danych genetycznych rodziny *Rosaceae*. Mapy genetyczne są przydatne w pracach hodowlanych, ukierunkowanych na introdukcję określonych genów/ cech. Badania realizowano w Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli Roślin Sadowniczych oraz Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach.

Badania były prowadzone na roślinach z populacji mapującej 'Elsanta' x 'Senga Sengana' (ponad 100 pojedynków), w której pierwsza forma rodzicielska jest znana jako podatna na wertycyliozę i mączniaka oraz wrażliwa na niskie temperatury, a druga jako tolerancyjna na wertycyliozę, mączniaka i niskie temperatury. Materiał genetyczny (DNA), z którego korzystano w badaniach pochodził z roślin należących do populacji wyjściowej (krzyżowanie 2010), wzbogaconej roślinami z subpopulacji (krzyżowanie 2011/2012). Materiał kontrolny dla markerów zidentyfikowanych pierwotnie w roślinie *Fragaria vesca* (2n) stanowiły rośliny poziomki. Badania obejmowały: przegląd baz danych pod kątem doboru markerów mikrosatelitarnych specyficznych dla genomów *Fragaria*, optymalizację testów PCR na matrycy DNA form rodzicielskich 'Elsanta' i 'Senga Sengana' i ocenę polimorfizmu genetycznego uzyskanych amplikonów, określenie typu segregacji w obrębie populacji mapującej oraz analizę bioinformatyczną prowadzącą do zlokalizowania pozyskanych markerów w określonych grupach sprzężeń. Zadania te były realizowane sukcesywnie przez cały okres trwania projektu.

W wyniku przeprowadzonych badań utworzono pierwszą w Polsce mapę genetyczną truskawki i pierwszą w świecie mapę dla wymienionej populacji. Mapę zbudowano w oparciu o analizę 400 alleli markerowych, wygenerowanych w ponad 30.000 reakcjach amplifikacji na matrycy genomowego DNA pojedynków 'Elsanta' x 'Senga Sengana'. Na mapie zlokalizowano 186 alleli. W oparciu o w/w bazę danych zidentyfikowano 30 grup sprzężeń reprezentujących siedem chromosomów truskawki w układzie typowym dla oktoploidu (cztery kopie każdego chromosomu). Uzyskana mapa wysyca w 68% (~ 500 Mbp) genom truskawki i wykazuje 50-85% korelacji z opublikowanymi w ostatnich latach mapami innych genomów z rodzaju *Fragaria*.