

## **Zadanie 74: Badania nad saturacją mapy genetycznej 'Elsanta' x 'Senga Sengana' pod kątem lokalizacji genów sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi truskawki (*Fragaria x ananassa*)**

W 2019 roku badania realizowano w ramach trzech tematów badawczych:

### **Temat badawczy 1. Przygotowanie materiału badawczego i badania fenotypowe.**

Celem prac było utrzymanie sub-populacji segregującej 'Elsanta' x 'Senga Sengana' (A) przeznaczonej do analiz molekularnych (zagęszczanie mapy genetycznej truskawki) oraz oceny fenotypowej uzyskanych siewek pod kątem jakości owoców, a także przygotowanie kolejnej sub-populacji (H) przeznaczonej do oceny fenotypowej pod kątem odporności na porażenie *Phytophthora cactorum* – sprawcę zgnilizny krony korzeni truskawki. Wyjściową populację mapującą 'Elsanta' x 'Senga Sengana' poszerzono o 132 genotypów mieszańcowych F1, pozyskanych z programu zapyleń 2018/2019. Siewki wyprodukowane w bieżącym roku poddano ocenie fenotypowej pod kątem ich odporności na zgniliznę korzeni. Równolegle owoce siewek z sub-populacji A, uprawianych w kwaterze polowej, poddane zostały ocenie pod względem stopnia jędrności oraz zawartości ekstraktu i kwasu askorbinowego. Rozkład fenotypowy cechy odporności na *P. cactorum* oraz cech warunkujących jakość owoców wskazał na wystąpienie zjawiska segregacji w uzyskanej puli roślin.

### **Temat badawczy 2. Saturacja istniejącej mapy E x SS markerami SSR.**

Celem badań było zagęszczenie szkieletu mapy genetycznej 'Elsanta' x 'Senga Sengana'. Do analiz segregacji alleli markerów SSR w obrębie populacji mapującej wytypowano 100 starterów mikrosatelitarnych. Na podstawie przeprowadzonych testów PCR-SSR, zidentyfikowano 763 alleli polimorficznych (lata 2014 - 2019), segregujących w genomach roślin mieszańcowych. Dla 736 z nich zidentyfikowano loci na mapie genetycznej genomów odmian 'Elsanta' oraz 'Senga Sengana'. Utworzona mapa genetyczna odmiany 'Elsanta' zawiera 478 alleli markerów SSR sprzężonych łącznie w 46 grupach LG (950 cM), natomiast mapa genetyczna genomu odmiany 'Senga Sengana' zawiera 514 alleli rozlokowanych w 45 grupach sprzężeń (853 cM).

### **Temat badawczy 3. Określanie położenia markerów cech i regionów QTL na mapie 'Elsanta' x 'Senga Sengana'.**

Badania obejmowały:

- a) ocenę czystości genetycznej mieszańców z otrzymanej w 2019 roku sub-populacji H,
- b) ocenę korelacji fenotypowo-genotypowych w sub-populacjach badanych w latach 2014 - 2019 (A i H),
- c) analizę terminalną i zagęszczenie wytypowanych grup sprzężeń.

(a) Status mieszańca z planowanego zapylenia dla wszystkich 132 siewek z populacji H został potwierdzony w testach molekularnych (analiza polimorfizmu DNA po amplifikacji z 5 oligonuleotydami mikrosatelitarnymi).

Na podstawie analizy rozkładu alleli markerów SSR w roślinach populacji 'Elsanta' x 'Senga Sengana' poddanych ocenom fenotypowym w latach 2014-2019 określono b) stopień korelacji genotypowo-fenotypowych. Ocena zależności pomiędzy loci alleli markerów oraz wartościami ocenianych parametrów fenotypowych w roślinach mieszańcowych wykazała istotny stopień korelacji między badanymi cechami jakości owoców, a markerami SSR zlokalizowanymi w grupie sprzężeń LG 2 genomów obu odmian ( $K^* \geq 10,5$ ). Ponadto wysoki poziom wpływu odnotowano pomiędzy markerami zlokalizowanymi w grupie sprzężeń LG 6 i 7 genomu odmiany 'Senga Sengana' ( $K^* > 7$ ), a odpornością na porażenie grzybem *P. cactorum*. W przypadku odmiany 'Elsanta' niewielki stopień korelacji ( $K^* < 5$ ) pomiędzy loci markerów, a badaną cechą odporności zidentyfikowano w LG 3, 4, 5 genomu tej formy rodzicielskiej. Istotną zależność pomiędzy jędrnością owoców, zawartością ekstraktu oraz witaminy C, a markerami zlokalizowanymi odpowiednio w grupach LG 4 (Vit. C i jędrność) i 5 (Bix i Vit. C) zidentyfikowano również w genomach obu badanych form rodzicielskich.

Na tym etapie badań wytypowano markery (FVH4076a, FVH4059z, ChFaM094xz, FVH4059z, ChFaM092, ChFv2013-13, ChFaM092) regulujące parametry warunkujące jakość owoców (dane z sezonów 2016-2019), dla których odnotowano stabilną wartość współczynnika korelacji. Markery, te mogą stanowić bazę dla selekcji genotypów produkujących wysokiej jakości owoce truskawki, uzyskanych w programach hodowlanych.

(c) Analizę terminalną wybranych regionów QTL przeprowadzono na podstawie oceny segregacji 85 alleli zidentyfikowanych dla 30 markerów SSR, różnicujących analizowane formy rodzicielskie. Loci segregujących alleli ustalono w obrębie 18 zmapowanych fragmentów chromosomów odmiany 'Elsanta' (383 cM) oraz piętnastu zmapowanych fragmentów chromosomów genomu odmiany 'Senga Sengana' (237 cM). Wydzielony region genomu 'Elsanta' zawiera 43 allele, a odmiany 'Senga Sengana' – 39 alleli markerów SSR.