

ZADANIE 43

Poszukiwanie regionów DNA sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi (bezkolcowość, wielkość owoców, zawartość w owocach ekstraktu i kwasu askorbinowego) u maliny właściwej (*Rubus idaeus* L.) poprzez analizę transkryptomów

DOFINANSOWANIE - 180 000 zł/rok

CAŁKOWITA WARTOŚĆ INWESTYCJI - 1 260 000 zł na lata 2021-2027

CEL PROJEKTU

Celem planowanych badań będzie wytypowanie sekwencji markerowych ważnych cech użytkowych maliny właściwej, takich jak: brak kolców na pędach, wielkość owoców oraz zawartość w nich substancji rozpuszczalnych (ekstraktu) oraz kwasu askorbinowego (witaminy C), które będą narzędziem do wczesnej selekcji materiałów hodowlanych pod względem tych cech.

REALIZOWANE ZADANIA

Materiałem do badań będą cztery genotypy maliny oddalone genetycznie, zróżnicowane pod względem ważnych cech użytkowych (o pędach z kolcami/duże owoce i bezkolcowe) oraz mieszańce pokolenia F₁, należące do populacji segregujących, uzyskanych ze skrzyżowania ww. genotypów. Po wykonaniu oceny młodych siewek pod kątem ilości i „agresywności” kolców na pędach i ogonkach liściowych, do dalszych badań przeznaczone będą mieszańce jednej z badanych populacji segregujących, charakteryzującej się najwyższym odsetkiem potomstwa bezkolcowego. Mieszańce te (w liczbie około 100 pojedynków losowo wybranych z populacji segregującej) oraz ich formy rodzicielskie zostaną posadzone w doświadczeniu polowym, gdzie przez kolejne cztery sezony wegetacyjne będą oceniane pod kątem ważnych cech użytkowych: ilość i „agresywność” kolców na pędach, sposób owocowania (letnie, jesienne, dwukrotne), wielkość owoców, zawartość w owocach ekstraktu i kwasu askorbinowego. Uzyskana populacja wykorzystana będzie także do weryfikacji markerów molekularnych zlokalizowanych w regionach genomu maliny właściwej warunkujących jakość owoców.

Cztery genotypy maliny, wytypowane jako formy rodzicielskie do programu krzyżowań (o pędach z kolcami/duże owoce i bezkolcowe) użyte będą do analizy transkryptomów. Wyłonione w jej wyniku geny DEG (differentially expressed genes) poddane zostaną adnotacji funkcjonalnej oraz ich zlokalizowaniu w szlakach metabolicznych (m.in. KEGG, SweesProt). Uzyskane dane będą zweryfikowane metodą RT-PCR – w reakcji ze specyficznymi, opracowanymi w badaniach własnych starterami, wybranymi i zoptymalizowanymi w reakcjach ilościowego PCR na genotypach rodzicielskich zróżnicowanych pod względem określonych cech (bezkolcowość/kolcowość, wielkość i wybrane cechy jakości owoców), a następnie na wybranych mieszańcach pochodzących z populacji segregującej, otrzymanej ze skrzyżowania tych genotypów.

GRUPY DOCELOWE

Odbiorcami badań będą hodowcy maliny, którzy wytypowane w projekcie funkcjonalne markery molekularne dla ważnych cech użytkowych maliny właściwej, takich jak: brak kolców na pędach, wielkość owoców oraz zawartość w nich substancji rozpuszczalnych (ekstraktu) oraz kwasu askorbinowego (witaminy C), będą mogli

wykorzystać w praktyce jako narzędzie do wczesnej selekcji materiałów hodowlanych pod względem tych cech.

Uzyskane wyniki badań w formie publikacji i artykułów popularno-naukowych będą skierowane do szerokiego gremium odbiorców, jak instytucje naukowe i wyższe uczelnie, Ośrodki Doradztwa Rolniczego oraz firmy hodowlane.

EFEKTY WYNIKAJĄCE Z REALIZACJI PROJEKTU

Zakłada się, że otrzymane wyniki analizy transkryptów umożliwią wyłonienie genów funkcjonalnych i rozpoznanie mechanizmu dziedziczenia bezkolcowości pędów oraz poszerzą wiedzę na temat badanego genomu. Ponadto zaprojektowane sekwencje markerowe staną się narzędziem przyspieszającym selekcję materiałów hodowlanych pod względem badanej cechy, co pomoże zmniejszyć nakłady czasu pracy i koszty hodowli nowych odmian.