

## **Zadanie 73 Poszukiwanie regionów DNA sprzężonych z tolerancją wegetatywnych podkładek jabłoni na niskie temperatury poprzez analizę transkryptomu i ocenę stopnia polimorfizmu genów kandydujących**

### **Streszczenie**

Jedną z najbardziej pożądanых cech podkładek jabłoni w warunkach klimatycznych Polski jest ich wytrzymałość mrozowa. Uszkodzenia zarówno części nadziemnej, jak i systemu korzeniowego roślin sadowniczych, wywołane przez niskie temperatury podczas mroźnych, bezśnieżnych zim i wiosennych przymrozków sięgnęły około 75% po zimie 2011/2012.

Dotychczasowe badania wykazały, że tolerancja roślin sadowniczych na niskie temperatury ma charakter poligeniczny a w przypadku roślin drzewiastych nie udało się jeszcze rozpoznać jej podłoża molekularnego.

Do opracowania markerów DNA pozwalających na wczesną identyfikację podkładek charakteryzujących się tolerancją na niskie temperatury proponujemy zastosowanie najnowszej technologii sekwencjonowania genomów NGS (*New Generation Sequencing*). Metoda ta pozwoli na wykrycie transkryptów genów uaktywniających się w wyniku stresu niskiej temperatury w genomie wzorcowych (tolerancyjna i wrażliwa) podkładek, skrajnie reagujących na stres przemrażania. Następnie dwutorowa analiza genomu kilkunastu wytypowanych podkładek pochodzących z różnych ośrodków hodowlanych (w tym z hodowli polskiej), obejmować będzie analizę wytypowanych fragmentów transkryptomu oraz analizę polimorfizmu sekwencji (CAPS) wybranych genów kandydujących m.in. z grupy COR, CBF i dehydryn (literatura, baza ncbi).

Zidentyfikowane, poprzez syntezę *de novo* transkryptomu podkładek wzorcowych, sekwencje genów uaktywniających się pod wpływem stresu (*differentially expressed sequence tags*, dESTs) zbadane zostaną pod kątem poziomu ich ekspresji w genomach podkładek jabłoni powszechnie stosowanych w hodowli.

Materiał roślinny do badań molekularnych oraz oceny fenotypowej będzie przemrażany w komorze do sztucznego mrożenia we wcześniej zoptymalizowanych warunkach traktowania roślin (3 temperatury mrożenia). Ostatecznie ustalony będzie stopień korelacji między wynikami analizy transkryptomu oraz oceny fenotypowej badanych podkładek. Uzyskane dane stanowiąc będą bazę dla określenia markerów DNA przydatnych do selekcji podkładek jabłoni pod kątem tolerancji na mróz.

### **Cele zadania**

Celem badań będzie wytypowanie regionów genomu podkładek jabłoni uaktywniających się w niskich, ujemnych temperaturach oraz porównanie poziomu aktywności tych regionów dla podkładek określonych w badaniach fenotypowych, jako wrażliwe i tolerancyjne na mróz. Wytypowanie regionów o zróżnicowanej ekspresji w podkładkach różniących się stopniem tolerancji na mróz pozwoli zgromadzić wiedzę stanowiącą podstawę dla poszukiwania markerów molekularnych, przydatnych do wczesnej selekcji pożądanых genotypów hodowlanych.

### **Planowany okres realizacji zadania**

84 m-ce (lata 2014-2020)

### **Informacja o uzyskanych wynikach badań**

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej Instytutu Ogrodnictwa (<http://www.inhort.pl/projekty-finansowane-przez-mrirw-w-2014-2020-r.>), nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku, oraz będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.