

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

W roku 2011 roku podjęto badania nad konstrukcją szkieletu mapy genomu genetycznej truskawki z wykorzystaniem bazy danych z GDB (*Rosaceae*). Badania prowadzono na populacji mapującej „Elsanta’ x ‘Dukat’, która po analizie molekularnej poszczególnych genotypów pod kątem statusu mieszańca z kontrolowanego zapylenia (testy SSR) liczyła 112 osobników. Wstępne badania przeprowadzone na roślinach modelowych pozwoliły na zoptymalizowanie warunków reakcji ze starterami mikrosatelitarnymi specyficznymi dla *Fragaria vesca*. Reakcje amplifikacji na matrycy genomowego DNA form rodzicielskich pozwoliły na ocenę przydatności 180 starterów, spośród których 32% nie generowało ampikonów lub generowało produkty monomorficzne. Ocenę segregacji alleli polimorficznych w populacji potomnej przeprowadzono dla 34 starterów. Uzyskane w reakcjach z nimi allele (13), po analizie sprzężeń w programie JoinMap, weryfikacji χ^2 oraz ocenie dystansu przy pomocy funkcji mapującej Kasambi zlokalizowano w prawdopodobnych sześciu grupach sprzężeń (LG) mapy.