

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

Celem zadania jest utworzenie szkieletu mapy genomu truskawki (*Fragaria x ananassa*), w oparciu o wiedzę dotyczącą kolinearności markerów genetycznych, zgromadzonych w dostępnych bazach genomów roślin z rodziny *Rosaceae*. Uzyskany szkielet genomu będzie stanowił podstawę dla dalszych badań nad lokalizacją genów istotnych dla prac w hodowli twórczej tego gatunku m. in. genów warunkujących odporność truskawki na stesy biotyczne i abiotyczne oraz jakość owoców. Badania są prowadzone w dwóch Pracowniach Zakładu Hodowli Roślin Sadowniczych Instytutu Ogrodnictwa, tj. w Pracowni Genetyki i Hodowli (przygotowanie materiału roślinnego do badań) oraz Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli (ocena fenotypowa roślin zakażonych izolatem *Verticillium dahliae* w warunkach szklarniowych, laboratoryjne testy molekularne, analizy komputerowych baz danych, opracowanie szkieletu mapy genetycznej i jej saturacja). Materiał badawczy stanowi populacja mapująca 'Elsanta' x 'Senga Sengana', w której pierwsza z form rodzicielskich charakteryzuje się dużą podatnością na wertycyliozę i mączniaka oraz wrażliwością na niskie temperatury, a druga jest mało podatna na wymienione choroby oraz tolerancyjna na stres niskich temperatur.

W ramach badań realizowanych w 2012 roku oceniono status mieszańca dla kolejnych pojedynków 'Elsanta' x 'Senga Sengana' i poszerzono liczącą 112 pojedynków populację mapującą. Do analiz molekularnych wprowadzono 70 nowych starterów mikrosatelitarnych z baz danych *F. vesca* i *F. x ananassa*. Przeprowadzono analizę polimorfizmu ampliconów uzyskanych w ponad 10.000 testów SSR na matrycy DNA form rodzicielskich i potomnych, określono położenie loci fragmentów polimorficznych na podstawie rozkładu alleli w populacji potomnej (test  $\chi^2$ ) oraz określono przynależność alleli do poszczególnych grup sprzężeń (funkcja *Kosambi*, program JoinMap v. 3.0, LOD>3 i ML-Maximum likelihood). Ocenę typu rekombinacji przeprowadzono łącznie dla 142 markerów, z których 74 zlokalizowano na mapie pochodzącej od obu form rodzicielskich. Efektem finalnym badań było utworzenie sześciu grup sprzężeń typowych dla formy matecznej – LG1 (11), LG2 (9), LG3 (7), LG4 (2), LG5 (5), LG6 (6) i czterech typowych dla genotypu ojcowskiego – LG1 (8), LG2 (7), LG3 (8), LG6 (11). Przeprowadzono analizę kolinearności uzyskanej mapy z mapą genomu poziomki *F. vesca* x *F. nubicola* oraz mapą genomu oktoploidalnego 'Redgauntlet' x 'Hapil'.