

Zadanie 109: Analiza fenotypowa i molekularna wybranej populacji segregującej jabłoni dla wyodrębnienia genotypów o zwiększonej tolerancji na zarazę ogniową i wysokiej jakości owoców

Prowadzone badania tunelowo-polowe mają na celu ocenę populacji segregującej jabłoni dla wyodrębnienia genotypów o zwiększonej tolerancji na zarazę ogniową i wysokiej jakości owoców.

Badania realizowano w Zakładzie Hodowli Roślin Sadowniczych, w Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych oraz Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli Roślin Sadowniczych.

W Pracowni Genetyki i Hodowli kontynuowano uprawę i pielęgnację siewek rosnących w 5-litrowych pojemnikach foliowych (cylindrach) w wysokim, nieogrzewanym tunelu foliowym dla uzyskania „wysokich” roślin. W dniu 11 czerwca 2012 roku wykonano ocenę stopnia porażenia siewek przez parcha jabłoni (*Venturia inaequalis*) i mączniaka jabłoni (*Podosphaera leucotricha*) w tunelu foliowym. W wyniku tej oceny:

- 941 siewek (99,7%) wykazało całkowitą odporność na parcha jabłoni w warunkach tunelowych,
- 3 siewki (0,3%) wykazało wysoką odporność na parcha jabłoni w warunkach tunelowych,
- 939 siewek (99,5%) wykazało całkowitą odporność na mączniaka jabłoni w warunkach tunelowych,
- 5 siewek (0,5%) wykazało wysoką odporność na mączniaka jabłoni w warunkach tunelowych.

Siewki potraktowano również bioregulatorem o nazwie Ethrel 480 SL (1 oprysk 14.09.2012 r. całych roślin w dawce 2 ml/litr wody), aby przyspieszyć indukcję pąków kwiatowych i kwitnienie roślin, po posadzeniu w kwaterze selekcyjnej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach. W trakcie uprawy siewek w tunelu foliowym do podłoża w pojemnikach dodawano nawozy mineralne (Osmocote), w ilości 5 g/litr podłoża. Nawadnianie roślin prowadzono systemem kroplowym, sterowanym automatycznie. Ochronę siewek przed chorobami i szkodnikami prowadzono według zaleceń dla sadów produkcyjnych.

W Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli w 5000 testach molekularnych SSR potwierdzono status mieszańca 'Free Redstar' x 'Idared' dla niemal wszystkich analizowanych roślin z populacji obejmującej 944 osobniki. Analiza uzyskanych wzorów segregacyjnych wykazała, że spośród badanych roślin potomnych tylko cztery genotypy (0,5%) miały wzory prążkowe inne niż oczekiwano dla potomstwa tej pary form rodzicielskich. Zweryfikowano także przydatność siedmiu markerów obejmujących QTL sprzężone z cechą odporności na zarazę ogniową w puli 55 wyselekcjonowanych wstępnie mieszańców. Łącznie przeprowadzono 385 testów opartych na PCR, w wyniku których w genomach 55 roślin potomnych wyselekcjonowanych z populacji 'Free Redstar' x 'Idared' zidentyfikowano od 1 do 6 alleli, skorelowanych z cechą odporności na zarazę ogniową. Na podstawie analiz molekularnych przeprowadzonych ze specyficznymi starterami SCAR oraz SSR, zlokalizowanymi w regionach genomu, które kontrolują odpowiedź rośliny na porażenie bakterią *E. amylovora*, wytypowano trzy genotypy potomne o najbardziej zróżnicowanym pod względem molekularnym statusie odporności na chorobę. Do wytypowanych należał genotyp 892, w genomie którego zidentyfikowano trzy allele odpowiadające regionom QTL sprzężonym z cechą odporności na zarazę ogniową oraz genotypy skrajne (Nr 902 – 6 alleli i Nr 930 – jeden allel). W wyniku badań nad profilem ekspresji genów, znanych z literatury jako potencjalnie sprzężone z reakcją rośliny na stropy biotyczne, określono również zmiany zachodzące w funkcjonowaniu tych fragmentów DNA w okresie 0, 24 i 48 hpi. Łącznie przeprowadzono analizę poziomu transkryptu metodą PCR w czasie rzeczywistym (Real time PCR) dla ośmiu fragmentów EST amplifikowanych w genomach roślin rodzicielskich 'Free Redstar' i 'Idared' oraz 3 mieszańców wytypowanych uprzednio po analizie markerowej ('Free Redstar' x 'Idared' 892, 'Free Redstar' x 'Idared' 902, 'Free Redstar' x 'Idared' 930).