

Zadanie 78 Charakterystyka markerów molekularnych, sprzężonych z odpornością na wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*)

W roku 2014 badania realizowano w ramach 3 tematów badawczych:

Temat badawczy 1

Przygotowanie materiału badawczego do badań molekularnych i fenotypowych

Celem badań było zgromadzenie genotypów porzeczki czarnej i roślin innych gatunków rodzaju *Ribes*, różniących się odpornością na *C. ribis* oraz populacji hodowlanych porzeczki czarnej, przeznaczonych do dalszych badań molekularnych. Zgromadzono 70 genotypów porzeczki czarnej (*R. nigrum*), agrestu (*R. glossularia*) i roślin zawierających w rodowodzie *R. nigrum* spp. *sibiricum*. Rośliny te rozmnożono wegetatywnie z sadzonek zielnych i półdREWNIATYCH (560), pobranych z roślin matecznych i z kolekcji (Sad Pomologiczny w Skierniewicach i Sad Doświadczalny w Dąbrowicach) i wysadzono na polu selekcyjnym (łącznie 350 roślin), w celu zasiedlenia roślin przez wielkopąkowca. Przygotowano 4 populacje porzeczki czarnej: 'Ceres' x 'Bona', 'Ceres' x 'Diana', 'Polares' x 'Sejaniec Gołubki', 'Polares' x 'Gołubka'. W programie obejmującym ich krzyżowanie zapylono 245 kwiatów i zebrano 121 owoców (49,4%), a z nich nasiona (oddzielnie dla każdej kombinacji), z których wyprodukowano łącznie 800 siewek porzeczki czarnej F₁.

Temat badawczy 2

Analiza regionów genomu sprzężonych z odpornością porzeczki czarnej (*Ribes nigrum*) na wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*)

Celem badań było wytypowanie grup sprzężeń związanych z genami/regionami QTL warunkującymi odporność na wielkopąkowca porzeczkowego. Materiał genetyczny do badań molekularnych wyizolowano metodą Doyle i Doyle z 15 genotypów *Ribes* z kolekcji oraz sześciu form rodzicielskich porzeczki czarnej ('Ceres', 'Polares', 'Bona', 'Diana', 'Sejaniec Gołubki', 'Gołubka'), użytych w programie krzyżowań. Łącznie przeprowadzono 6.750 reakcji z 25 starterami mikrosatelitarnymi (źródło: mapy genetyczne *R. nigrum*). W oparciu o ocenę polimorfizmu genetycznego form rodzicielskich, do dalszych badań wytypowano dwie populacje segregujące – 'Ceres' x 'Bona' i 'Polares' x 'Gołubka'. Analiza segregacji markerów SSR pozwoliła na wyodrębnienie wśród badanych genotypów 5 grup sprzężeń (LG1, LG2, LG3, LG4 i LG5) scharakteryzowanych na mapie porzeczki czarnej opracowanej w Szkocji* oraz 3 grup sprzężeń (LG1, LG2 i LG4) typowych dla mapy opracowanej na Litwie**. W oparciu o analizę kodów binarnych przygotowanych na podstawie danych z testów SSR, przeprowadzonych dla wszystkich badanych genotypów oraz w oparciu o analizę MCA wytypowano trzy markery SSR, różnicujące genotypy podatne i odporne na *C. ribis*. Na podstawie analizy korelacji danych dotyczących genotypowania oraz wyników oceny fenotypowej (dane literaturowe) sformułowano hipotezę, że markery: g2-j08/ LG2*/ 270 pz; g2-L17/ LG1** i LG4*/ 230 pz. oraz RJL-5/ LG2*, LG2**/ 200 pz mogą być sprzężone z odpornością analizowanych genotypów na wielkopąkowca porzeczkowego. Hipoteza taka wymaga jednak weryfikacji na większej puli genotypów.

Temat badawczy 3

Ocena fenotypowa roślin w warunkach presji szkodnika

Celem badań była ocena stopnia zasiedlenia roślin przez wielkopąkowca porzeczkowego w warunkach polowych. Obserwacje przeprowadzono w dwóch terminach. W pierwszym terminie pojedyncze powiększone pąki, co wskazywało na zasiedlenie przez wielkopąkowca porzeczkowego, odnotowano na 4 roślinach należących do populacji 'Ceres' x 'Diana'. Obserwacje prowadzone w drugim terminie potwierdziły, że stopień porażenia roślin przez *C. ribis* w pierwszym, stosunkowo krótkim sezonie, wynosił 2 %.