

## **Zadanie 74: Badania nad saturacją mapy genetycznej 'Elsanta' x 'Senga Sengana' pod kątem lokalizacji genów sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi truskawki (*Fragaria x ananassa*)**

W 2016 roku badania realizowano w ramach trzech tematów badawczych:

### **Temat badawczy 1**

#### Przygotowanie materiału badawczego i badania fenotypowe.

Celem badań było pozyskanie kolejnej sub-populacji (A) segregującej 'Elsanta' x 'Senga Sengana', przeznaczonej do analiz molekularnych podczas tworzenia mapy genetycznej truskawki oraz ocena fenotypowa przygotowanej sub-populacji (E) pod względem podatności roślin białą plamistość. Wyjściową populację mapującą 'Elsanta' x 'Senga Sengana' poszerzono o 100 pojedynków F1 (subpopulacja E), pozyskanych z programu zapyleń 2015/2016. Siewki uzyskane w bieżącym roku poddano ocenie fenotypowej pod względem podatności na porażenie grzybem *Mycosphaerella fragariae*. Owoce siewek sub-populacji A, uprawianych w kwaterze polowej, poddane zostały ocenie pod względem stopnia jędrności oraz zawartości ekstraktu i kwasu askorbinowego.

Rozkład fenotypowy cech tolerancji na białą plamistość oraz cech warunkujących jakość owoców w badanej populacji wskazał na wystąpienie zjawiska segregacji w uzyskanej puli genotypów mieszańcowych.

### **Temat badawczy 2**

#### Saturacja istniejącej mapy E x SS markerami SSR.

Celem badań było zagęszczenie szkieletu mapy genetycznej 'Elsanta' x 'Senga Sengana'. Do analiz segregacji alleli markerów SSR w obrębie populacji mapującej wytypowano 100 par starterów mikrosatelitarnych. Zidentyfikowano 335 alleli polimorficznych (sezon badawczy II, 2016 r.) segregujących w genomach roślin mieszańcowych. Dwieście sześćdziesiąt osiem alleli reprezentowało mendelowski rozkład genotypowy (test  $X^2$ ), natomiast 67 alleli zweryfikowano pod kątem typu segregacji, rozkładu alleli w populacji i frekwencji rekombinacji ( $Rec.< 30$ ). Istniejąca mapa genetyczna genomu truskawki wzbogacona została w loci dodatkowych 106 alleli markerów SSR. Mapa ta zawiera 35 grup sprzężeń, stanowiących fragmenty siedmiu chromosomów genomu tego gatunku. Uzyskana w Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli Roślin zintegrowana mapa genetyczna zawiera obecnie 203 allele markerów SSR, a wielkość zmapowanego genomu wynosi 113.135 cM.

### **Temat badawczy 3**

#### Określanie położenia markerów cech i regionów QTL na mapie 'Elsanta' x 'Senga Sengana'.

Badania obejmowały: a) ocenę czystości genetycznej mieszańców z otrzymanej w 2016 roku sub-populacji E, b) ocenę korelacji fenotypowo-genotypowych w sub-populacjach badanych w latach 2014-2016 (A i E), c) analizę terminalną i zagęszczenie wytypowanych grup sprzężeń.

(a) Status mieszańca z planowanego zapyleń został potwierdzony w testach molekularnych (analiza polimorfizmu DNA po amplifikacji z 5 oligonuleotydami mikrosatelitarnymi) dla wszystkich testowanych pojedynków. Genotypy z niekontrolowanego zapyleń (16) wyeliminowano z dalszych badań molekularnych.

Na podstawie analizy rozkładu alleli markerów SSR w roślinach populacji 'Elsanta' x 'Senga Sengana' poddanych ocenom fenotypowym w latach 2014-2016 (643 siewek) pod względem odporności na patogeny (*V. dahliae*, *C. acutatum*, *M. fragariae* – sub-populacje C, D, E), tolerancji na przemrażanie (sub-populacja B poddanych działaniu dwóm temp. -10 i -12 °C) oraz wartości wybranych parametrów jakościowych owoców (sub-populacja A) oszacowano stopień korelacji genotypowo-fenotypowych (b).

Markery SSR zlokalizowane w grupie sprzężeń LG2 genomu odmiany 'Elsanta' wykazywały istotny stopień korelacji ze wszystkimi badanymi cechami fenotypowymi. Niemniej jednak, niewielki stopień korelacji z cechą odporności na białą plamistość odnotowano dla markerów zlokalizowanych w tej grupie sprzężeń. Markery zlokalizowane w grupie sprzężeń LG3 i LG5 wykazały wysoki stopień korelacji z cechą odporności na werciliozę, parametrami jakościowymi owoców (witamina C) oraz mrozoodpornością.

W przypadku odmiany 'Senga Sengana' zidentyfikowano fragmenty genomu wykazujące wysoki współczynnik korelacji z markerami SSR zlokalizowanymi w LG1 (korelacja z cechą zawartości witaminy C i odporności na antraknozę) oraz w LG2, 3 i 7 (korelacja z cechą mrozoodporności oraz odporności na werciliozę). Żaden z markerów, zlokalizowanych na dotychczasowej mapie genomu odmiany 'Senga Sengana' nie wykazywał istotnej korelacji z cechą odporności na białą plamistość.

(c) Analizę terminalną wybranych regionów QTL przeprowadzono na podstawie analiz segregacji łącznie 89 alleli 30 markerów SSR dla roślin reprezentujących sub-populacje 'Elsanta x Senga Sengana'. Loci segregujących 49 alleli polimorficznych zidentyfikowano w obrębie siedemnastu grup sprzężeń genomu odmiany 'Elsanta' (282cM), natomiast loci 43 alleli zidentyfikowano w obrębie jedenastu grup sprzężeń genomu odmiany 'Senga Sengana' (176cM).