

Zadanie 71 Analiza genetyczna i molekularna wybranych genotypów jabłoni (*Malus domestica*) dla skrócenia okresu juwenilnego i poprawy jakości owoców

W roku 2019 prowadzono 4 tematy badawcze:

Temat badawczy 1

Ocena fenotypowa populacji siewek pokolenia F₁ (2.800 siewek) pod kątem siły wzrostu, wczesności wchodzenia w okres kwitnienia i owocowania, wysokiej jakości owoców, odporności roślin na ważne gospodarczo choroby (parch jabłoni, mączniak jabłoni), a także ocena efektów GCA, SCA dla badanych form rodzicielskich pod względem wybranych cech fenotypowych.

Celem badań było oszacowanie efektów GCA i SCA dla badanych form rodzicielskich pod względem wybranych cech fenotypowych (siła wzrostu, wczesność wchodzenia w okres kwitnienia i owocowania, intensywność kwitnienia i owocowania, wysoka jakość owoców, odporność roślin na choroby) w oparciu o ocenę potomstwa 28 rodzin mieszańców.

Materiał do badań stanowiło 2800 siewek (28 kombinacji krzyżowań x 100 siewek) rosnących na podkładce M.9 w kwaterze hodowlanej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach. Doświadczenie założone jest w układzie losowanych bloków kompletnych w 4 powtórzeniach po 25 siewek na poletku, czyli każda rodzina mieszańców reprezentowana jest przez 100 siewek. Siewki wysadzone są w rozstawie 3,50 x 1,0 m. W roku 2019 dla każdej rośliny/siewki wykonano: (a) ocenę siły wzrostu wyrażoną średnicą (w mm) i wysokością pędu przewodnikowego (w cm) po zakończeniu wegetacji roślin (październik), (b) ocenę wczesności wchodzenia w okres kwitnienia i owocowania (termin), (c) ocenę intensywności kwitnienia i owocowania siewek rosnących na podkładce M.9, (d) ocenę stopnia porażenia siewek przez parcha jabłoni (*Venturia inaequalis*), (e) ocenę stopnia porażenia siewek przez mączniaka jabłoni (*Podosphaera leucotricha*).

Ocenę siły wzrostu roślin wykonano w dniach 10-14 października 2019 roku poprzez pomiar wszystkich siewek. Wyniki analizy statystycznej (program SERGEN) ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla siły wzrostu siewek, wyrażonej średnicą (w mm) i wysokością pędu przewodnikowego (w cm) dla wszystkich rodzin mieszańców, stanowiących potomstwo 11 genotypów jabłoni (4 genotypy mateczne: 'Alwa', 'Golden Delicious', 'Free Redstar', 'Gold Milenium' i 7 genotypów ojcowskich: 'Glogierówka', 'Kronselka', 'Kosztela', 'McIntosh', 'Oliwka Żółta', 'Malinowa Oberlandzka', 'Koksa Pomarańczowa'), krzyżowanych w układzie czynnikowym (♀4 x ♂7) wykazały, że badane formy rodzicielskie miały istotnie zróżnicowane efekty GCA dla tej cechy morfologicznej. Wyniki pokazują, że istotnie dodatnie wartości efektów GCA dla tej cechy roślin oszacowano dla odmian: 'Free Redstar', 'Gold Milenium' (dla średnicy pędu przewodnikowego), 'Alwa' i 'Koksa Pomarańczowa'. Oznacza to, że genotypy te przekazują potomstwu zdolność do tworzenia drzew o silnym wzroście. Natomiast odmiany 'Gold Milenium' (dla wysokości pędu przewodnikowego), 'Golden Delicious', 'Kosztela' i 'Oliwka Żółta' miały istotnie negatywne efekty GCA dla tej cechy. Odmiany te użyte jako formy rodzicielskie są więc donorami genów warunkujących słaby wzrost u potomstwa siewek jabłoni.

Efekty SCA dla analizowanych 28 rodzin mieszańcowych przyjmowały wartość zarówno dodatnią, jak i ujemną. Dla siły wzrostu siewek jabłoni, wyrażonej średnicą (w mm) i wysokością pędu przewodnikowego (w cm), istotnie pozytywne efekty SCA uzyskano dla 10 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Glogierówka', 'Free Redstar' x 'Kronselka' (dla średnicy pędu przewodnikowego), 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa' (dla wysokości pędu przewodnikowego), 'Free Redstar' x 'McIntosh', 'Gold Milenium' x 'Kosztela', 'Gold

Milenium' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Kronselska', 'Golden Delicious' x 'Kronselska' (dla wysokości pędu przewodnikowego) i 'Golden Delicious' x 'Oliwka Żółta'. Oznacza to, że w przypadku tych rodzin genetyczne współdziałanie obu genotypów rodzicielskich warunkuje silny wzrost roślin. Istotnie negatywne efekty SCA dla tej cechy uzyskano dla 10 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Kosztela', 'Free Redstar' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Free Redstar' x 'Kronselska' (dla wysokości pędu przewodnikowego), 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta', 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa' (dla średnicy pędu przewodnikowego), 'Gold Milenium' x 'Glogierówka', 'Gold Milenium' x 'McIntosh', 'Alwa' x 'Glogierówka', 'Golden Delicious' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' x 'Kronselska' (dla średnicy pędu przewodnikowego). Zatem należy oczekiwać, że mieszańce należące do tych rodzin będą charakteryzować się słabym wzrostem.

W okresie od 23 kwietnia do 28 czerwca 2019 roku wykonano ocenę wczesności (termin) oraz intensywności kwitnienia i owocowania siewek rosnących na podkładce M.9 w kwaterze hodowlanej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach. Wyniki analizy ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla intensywności kwitnienia i owocowania siewek dla wszystkich rodzin mieszańców, stanowiących potomstwo 11 genotypów jabłoni, krzyżowanych w układzie czynnikowym ($\text{♀}4 \times \text{♂}7$) wykazały, że badane formy rodzicielskie miały istotnie zróżnicowane efekty GCA dla tej cechy morfologicznej. Istotnie dodatnią wartość efektu GCA dla tej cechy roślin oszacowano dla odmiany 'Free Redstar'. Oznacza to, że genotyp ten przekazuje potomstwu zdolność do obfitego kwitnienia i owocowania siewek jabłoni. Natomiast odmiana 'Golden Delicious' miała istotnie negatywny efekt GCA dla tej cechy. Odmiana ta użyta jako forma rodzicielska są więc donorem genów warunkujących słabe kwitnienie i owocowanie u potomstwa siewek jabłoni.

Efekty SCA dla analizowanych 28 rodzin mieszańcowych przyjmowały wartość zarówno dodatnią, jak i ujemną. Dla intensywności kwitnienia i owocowania siewek jabłoni, istotnie pozytywne efekty SCA uzyskano dla 2 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Glogierówka' i 'Gold Milenium' x 'Kosztela'. Oznacza to, że w przypadku tych rodzin genetyczne współdziałanie obu genotypów rodzicielskich warunkuje obfite kwitnienie i owocowanie siewek jabłoni. Istotnie negatywne efekty SCA dla tej cechy uzyskano dla 2 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Kosztela' i 'Gold Milenium' x 'Glogierówka'. Zatem należy oczekiwać, że mieszańce należące do tych rodzin będą charakteryzować się słabym kwitnieniem i owocowaniem.

W dniach 08-12.07.2019 r. została wykonana także ocena stopnia porażenia siewek przez parcha i mączniaka jabłoni. Wyniki analizy ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla stopnia porażenia siewek przez parcha i mączniaka jabłoni dla wszystkich rodzin mieszańców, stanowiących potomstwo 11 genotypów jabłoni, krzyżowanych w układzie czynnikowym ($\text{♀}4 \times \text{♂}7$) wykazały, że badane formy rodzicielskie miały istotnie zróżnicowane efekty GCA dla tych cech morfologicznych. Istotnie różne od zera wartości efektów GCA dla stopnia porażenia siewek przez parcha jabłoni oszacowano dla odmiany 'Free Redstar'. Pomimo, że była to wartość ujemna, ale dla hodowcy oznacza to, że genotyp ten jest donorem genów warunkujących 'odporność' lub małą podatność na parcha jabłoni u potomstwa siewek jabłoni. Natomiast odmiany 'Alwa' i 'Oliwka Żółta' miały istotnie dodatnie efekty GCA dla tej cechy. Odmiany te użyte jako formy rodzicielskie są więc donorami genów warunkujących podatność na parcha jabłoni u potomstwa siewek jabłoni. Istotnie ujemną wartość efektów GCA dla stopnia porażenia siewek przez mączniaka jabłoni oszacowano dla odmiany 'Free Redstar'. Genotyp ten jest więc donorem genów warunkujących 'odporność' lub małą podatność na mączniaka jabłoni u potomstwa siewek jabłoni. Natomiast odmiana 'Alwa' miała istotnie dodatni efekt GCA dla tej cechy. Odmiana ta użyta jako forma rodzicielska jest więc donorem genów warunkujących podatność na mączniaka jabłoni u potomstwa siewek jabłoni.

Efekty SCA dla analizowanych 28 rodzin mieszańcowych przyjmowały wartość zarówno dodatnią, jak i ujemną. Dla stopnia porażenia siewek przez parcha jabłoni, wartość ujemną efektów SCA uzyskano dla 3 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'McIntosh', 'Alwa' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Alwa' x 'McIntosh'. Oznacza to, że w przypadku tych rodzin genetyczne współdziałanie obu genotypów rodzicielskich warunkuje 'odporność' lub małą podatność roślin na parcha jabłoni. Wartość dodatnią efektów SCA dla tej cechy uzyskano dla 6 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Kosztela', 'Free Redstar' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Gold Milenium' x 'McIntosh', 'Alwa' x 'Kronselska', 'Alwa' x 'Koksa Pomarańczowa' i 'Golden Delicious' x 'Oliwka Żółta'. Zatem należy oczekiwać, że mieszańce należące do tych rodzin będą charakteryzować się podatnością na parcha jabłoni. Dla stopnia porażenia siewek przez mączniaka jabłoni, wartość dodatnią efektów SCA uzyskano dla 3 rodzin mieszańców: 'Gold Milenium' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Kronselska' i 'Alwa' x 'Koksa Pomarańczowa'. Zatem należy oczekiwać, że mieszańce należące do tych rodzin będą charakteryzować się podatnością na mączniaka jabłoni.

W roku 2019 wyselekcjonowano 30 genotypów, z których pobrano owoce w celu wykonania analizy składu chemicznego owoców, w tym jędrność owoców, ekstrakt, kwasowość oraz zawartość kwasu L-askorbinowego. Zawartość ekstraktu badanych próbek jabłek mieściła się w przedziale 12,3 – 17,1°Bx, przy czym większość genotypów posiadała ekstrakt w zakresie 13,0-14,5°Bx (24 próbki). Kwasowość badanych próbek jabłek mieściła się w zakresie 0,2-1,1%, przy czym dwie próbki (nr 2 i 19) charakteryzowały się wyjątkowo niską kwasowością (odpowiednio 0,19% i 0,22%). Zawartość kwasu L-askorbinowego w badanych trzydziestu genotypach była na poziomie 2,6 – 20,2 mg/100g. Genotypy nr 3, 4 i 26 posiadały najmniej kwasu L-askorbinowego poniżej 3 mg/100g, zaś najwięcej tego kwasu zawierały genotypy nr 15 i 18, odpowiednio 19,2 mg/100 g i 20,2 mg/100 g. Jędrność owoców badanych genotypów mieściła się w zakresie 58,5 N – 135,7 N, jednak większość wykazywała jędrność powyżej 70 N (26 próbek). Cztery z badanych genotypów (nr 11, 13, 14, 20) posiadały jędrność 63 – 58 N, jaką mogą wykazywać owoce w dojrzałości konsumpcyjnej.

Temat badawczy 2

Zagęszczanie mapy genetycznej genomów odmian 'Free Redstar' oraz 'Oliwka Żółta', reprezentujących wysoki stopień polimorfizmu genetycznego oraz istotnie różniących się długością fazy juwenilnej.

Celem tematu było zagęszczenie kolejnych grup sprzężeń mapy genetycznej odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta' (uzyskana w latach 2015-2019) poprzedzone analizą segregacji alleli markerów SSR w populacji mapującej uzyskanej ze skrzyżowania obu form rodzicielskich, odmiennych pod względem długości fazy juwenilnej.

Materiał do badań stanowiły młode liście pobrane łącznie z 200 roślin: 198 genotypów potomnych o potwierdzonym statusie genetycznym, reprezentujących wytypowaną populację oraz dwóch krzyżowanych form rodzicielskich jabłoni odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta'. Genomowe DNA wyizolowano z młodych liści metodą Aldrich'a i Culis'a. Analizie poddano 50 oligonukleotydów, komplementarnych do sekwencji mikrosatelitarnych genomu *Malus*, których allele segregowały w populacji mapującej (bazy SSR Apple Database (www.hidras.unimi.it)), zlokalizowanych na chromosomach I, VI, XII, XIV, XVII mapy referencyjnej genomu *Malus x domestica*. Do amplifikacji fragmentów SSR i identyfikacji alleli polimorficznych, segregujących w populacji mapującej użyto oligonukleotydy nieznakowane, których amplikony analizowano w świetle białym po rozdiale elektroforetycznym w 7% żelach poliakrylamidowych wybarwionych roztworem azotanu srebra oraz wyznakowane (WelRed, Sigma), których detekcję i ocenę wielkości

molekularnych obliczano za pomocą programu komputerowego (CEQ 8000 Genomic Analysis System, CEQ 8000 Software v.5.0, Beckman Coulter). Do analizy odległości mapowych (cM) zidentyfikowanych alleli SSR w badanej populacji zastosowano funkcję *Kosambi* programu JoinMap v. 3.0. Sprzężenia pomiędzy badanymi markerami weryfikowano za pomocą współczynnika wartości krytycznej LOD (*Logarithm Odd Ratio*; próg wartości LOD ≥ 3), maksymalnego prawdopodobieństwa ML (*Maximum Likelihood*) oraz oceny zależności pomiędzy rzeczywistym a oczekiwanym (teoretycznym) rozkładem genotypów w populacji segregującej (test CHI-KWARAT: X^2). Częstość rekombinacji pomiędzy zidentyfikowanymi allelami w badanej populacji mapującej oszacowana została przy użyciu współczynnika REC ≤ 50 (JoinMap v.3.0). Do graficznego przedstawienia mapy genetycznej wykorzystano program Map Chart 2.0.

a). Analiza markerów SSR wytypowanych w roku 2019, przeprowadzona dla populacji uzyskanej ze skrzyżowania odmian 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta'.

W wyniku reakcji amplifikacji przeprowadzonych z 50 markerami SSR zidentyfikowano 184 polimorficzne allele, segregujące w badanej populacji mapującej, dla których określono loci w genomach obu badanych form rodzicielskich. Analiza typu segregacji oraz frekwencji rekombinacji pomiędzy zidentyfikowanymi allelami, pozwoliła na sporządzenie 'szkieletu' grup sprzężeń stanowiących homologi chromosomów I, VI, XII, XIV, XVII genomu jabłoni, dotychczas niezmapowanych odmian tego gatunku. Uzyskany szkielet mapy wybranych chromosomów zawiera łącznie loci 46 markerów SSR pokrywających 452 cM sporządzonego fragmentu genomu jabłoni.

b). Analiza uzyskanej (2015-2019) mapy genetycznej genomów jabłoni odmian 'Free Redstar' oraz 'Oliwka Żółta'

Na podstawie analizy łącznie 247 zidentyfikowanych (2015-2019) heterozygotycznych alleli, różnicujących genomy odmian 'Free Redstar' oraz 'Oliwka Żółta', określono typ segregacji oraz ich rozkład w populacji mapującej (test X^2), uzyskanej w wyniku skrzyżowania obu form rodzicielskich. Po określeniu typu segregacji oszacowano, że 102 wprowadzonych na mapę alleli markerów występujących w siewkach potomnych pochodziło z genomu odmiany 'Free Redstar', natomiast 104 z genomu odmiany 'Oliwka Żółta'. W przypadku 80 markerów zidentyfikowano allele, które pochodziły z genomów obu form rodzicielskich.

Na tym etapie badań sporządzono odrębne mapy genetyczne genomów jabłoni odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta'. Uzyskana mapa genomu odmiany 'Free Redstar' zawiera 41 grup sprzężeń w obrębie, których zidentyfikowano loci 215 alleli markerów SSR, segregujących w populacji mapującej. Natomiast na mapie genomu odmiany 'Oliwka Żółta' zlokalizowano 231 alleli markerów SSR sprzężonych w 51 grupach LG. Uzyskane dla obu odmian grupy sprzężeń wykazały homologię do 17 chromosomów referencyjnego genomu *Malus*. Wielkość zmapowanego genomu odmiany 'Free Redstar' wyniosła 2 520 cM, natomiast genomu odmiany 'Oliwka Żółta' – 2 166 cM. Uzyskane wyniki potwierdziły, że loci oraz kolejność zidentyfikowanych alleli wprowadzonych na mapę markerów SSR nieznacznie różnią się w porównaniu do loci tych samych markerów zlokalizowanych na mapach referencyjnych. W przypadku około 36% zastosowanych markerów zaobserwowano zjawisko duplikacji ich loci w badanych genomach obu odmian jabłoni. Poziom homologii uzyskanych map fragmentów genomów badanych odmian jabłoni z referencyjnym genomem gatunku *Malus* oceniono po uprzednim oszacowaniu loci zmapowanych markerów SSR dla zintegrowanej mapy genetycznej 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta'). Stopień kolinearności uzyskanych map genetycznych, po analizie porównawczej sporządzonej mapy z mapami referencyjnymi oszacowano na poziomie około 43%.

Temat badawczy 3

Analiza korelacji cech fenotypowych i molekularnych badanej populacji F₁ uzyskanej ze skrzyżowania odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta'.

Celem tematu była identyfikacja regionów genomu jabłoni warunkujących ważne cechy owoców oraz biorących udział w regulacji długości fazy juvenilnej poprzedzona analizą korelacji cech fenotypowych oraz markerów zlokalizowanych na mapie genomów odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta'.

Testy PCR-SSR prowadzono przy użyciu standardowych oligonukleotydów komplementarnych do sekwencji mikrosatelitarnych genomu jabłoni, w zoptymalizowanych warunkach termicznych (temperatura przyłączania oligonukleotydów w zakresie 60°C-65°C). Korelację fenotypowo-genotypową potwierdzono poprzez analizę zależności pomiędzy loci markerów zlokalizowanymi na sporządzonej mapie obu genomów jabłoni oraz wartościami parametrów pięciu cech fenotypowych: wysokość i średnica pędów, termin kwitnienia, stopień podatności na mączniaka oraz parcha jabłoni (opis oceny siewek podano w metodyce tematu badawczego 1). Stopień sprzężenia pomiędzy lokalizacją markerów na sporządzonej mapie genetycznej, a fenotypem badanych roślin określono przy użyciu programu MapQTL6. Współczynnik korelacji obliczono przy pomocy testu Kruskal Wallis $K^* > 3$ oraz przy poziomie istotności $P = 0,05^{**}$.

Badania prowadzono na populacji mapującej (198 siewek) o potwierdzonym statusie mieszańca. Na podstawie analizy rozkładu alleli markerów w roślinach z populacji mapującej 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta', poddanych ocenom fenotypowym w latach 2014-2019 oszacowano stopień korelacji genotypowo fenotypowych. Dla każdej siewki oceniano pięć cech: wzrost pędów, średnica pędów, intensywność kwitnienia oraz stopień porażenia roślin larwą *Podospheera leucotriha* (sprawca mączniaka) oraz grzybem *Venturia inequalis* (sprawca parcha).

W wyniku analizy uzyskanych wartości korelacji genotypowo - fenotypowych w genomach obu odmian zidentyfikowano regiony potencjalnie związane z regulacją ocenianych cech użytkowych jabłoni. W przypadku odmiany 'Free Redstar' wysoki stopień korelacji zaobserwowano pomiędzy terminem kwitnienia, średnicą, wysokością pędu, a markerami zlokalizowanymi w grupach sprzężeń LG1, 2, 3, 8, 10, 11, 16 ($K^* 4 - 7$) jej genomu. Natomiast w przypadku cechy odporności na parcha i mączniaka, w genomie tej odmiany zidentyfikowano markery zlokalizowane w grupach sprzężeń odpowiednio LG1, 2, 10 i LG2, 8, 17, dla których odnotowano istotną wartość współczynnika korelacji pomiędzy określonym loci a wartością badanej cechy ($K^* 5 - 4$). W genomie odmiany 'Oliwka Żółta' odnotowano natomiast wysoki stopień korelacji ocenianych cech związanych z rozwojem pędów (termin kwitnienia, wysokość i średnica) oraz markerami zlokalizowanymi w grupach LG2, 3, 4, 6, 7, 8, 10, natomiast markery zlokalizowane w grupach LG1 i 2 wykazały wysoki stopień sprzężenia z cechą odporności tej odmiany na porażenie grzybem *Venturia inequalis*. Dla sporządzonej mapy genomu tej odmiany nie odnotowano istotnych korelacji pomiędzy lokalizacją markerów SSR, a odpornością na porażanie larwą *Podospheera leucotriha*.

Temat badawczy 4

Potwierdzenie statusu mieszańca dla 30 genotypów wyselekcjonowanych pod kątem krótkiego okresu juvenilnego i dobrej jakości zewnętrznej i wewnętrznej owoców.

Celem tematu była weryfikacja wyselekcjonowanych siewek otrzymanych z programu krzyżowań wykonanego w latach 2014-2015, przy użyciu markerów SSR z mapy genomów odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta', dla których określono wysoki stopień korelacji z badanymi cechami fenotypowymi.

Materiał roślinny stanowiły liście skolekcjonowane z roślin 30 genotypów potomnych (wyselekcjonowane z puli siewek otrzymanych z programu krzyżowań wykonanego w latach 2014-2015 w układzie czynnikowym ($4♀ \times 7♂$) – 28 kombinacji krzyżowań \times 100 siewek, 4 powtórzenia po 25 roślin). W programie krzyżowań wykorzystano odmiany charakteryzujące się krótkim okresem juvenilnym tj: 'Alwa', 'Golden Delicious', 'Free Redstar', 'Gold Milenium' oraz "starych" odmian odznaczających się bardzo zróżnicowanym smakiem owoców – 'Glogierówka', 'Kronselka', 'Kosztela', 'McIntosh', 'Oliwka Żółta', 'Malinowa Oberlandzka', 'Koksa Pomarańczowa'. Wyselekcjonowane genotypy pochodziły z krzyżowanych form rodzicielskich: 'Golden Delicious' \times 'Malinowa Oberlandzka' (24/1, 24/2), 'Free Redstar' \times 'Glogierówka' (01/1, 01/2, 01/3, 01/4, 01/5, 01/6, 01/7, 01/8, 01/9, 01/10, 01/11, 01/12, 01/13), 'Golden Delicious' \times 'Glogierówka' (22/1, 22/2), 'Free Redstar' \times 'Kronselska' (04/1, 04/2), 'Free Redstar' \times 'McIntosh' (07/1), 'Gold Milenium' \times 'McIntosh' (14/1), 'Gold Milenium' \times 'Glogierówka' (08/1), 'Free Redstar' \times 'Koksa Pomarańczowa' (06/1, 06/2, 06/3), 'Golden Delicious' \times 'McIntosh' (28/1), 'Golden Delicious' \times 'Oliwka Żółta' (26/1, 26/2, 26/3), 'Gold Milenium' \times 'Kronselska' (11/1).

Genomowe DNA wyizolowano przy użyciu metody opisanej przez Aldrich'a i Culis'a. Testy molekularne prowadzono w obecności starterów komplementarnych do markerów SSR zlokalizowanych na mapie genomów jabłoni odmian 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta' w zoptymalizowanych warunkach reakcji PCR. Weryfikację wyselekcjonowanych genotypów poprzedzono analizą porównawczą wzorów prążkowych badanych genotypów i ich form rodzicielskich. Baza skolekcjonowanych polimorficznych amplikonów wykorzystana została do sporządzenia matrycy binarnej (01). Na jej podstawie opracowano dendrogram reprezentujący stopień pokrewieństwa genetycznego wyselekcjonowanych genotypów. Odległość genetyczną między wyselekcjonowanymi siewkami jabłoni oceniono przy użyciu algorytmu UPGMA oraz współczynnika korelacji Spearmana. Do sporządzenia dendrogramu zastosowano oprogramowanie NTSYS.

W wyniku przeprowadzonej weryfikacji molekularnej dla badanej puli roślin nie odnotowano genotypów pochodzących z niekontrolowanego zapylenia. Badania dystansu genetycznego przeprowadzono zatem dla 30 siewek potomnych o potwierdzonym statusie mieszańca przy zastosowaniu 15 markerów molekularnych o znanej lokalizacji na mapie 'Free Redstar' i 'Oliwka Żółta'. Markery wytypowano na podstawie oszacowanego najwyższego współczynnika genotypowo-fenotypowego K^* .

Zgodnie z przeprowadzoną analizą dystansu genetycznego wybrane rośliny zgrupowano w trzech klastrach. W pierwszym klastrze (I) znalazły się genotypy potomne o numerach 24/1(1R), 01/3(5R), 01/5(8R) oraz krzyżowana odmiana 'Glogierówka'(33R) reprezentujące poziom podobieństwa między 79-81%, drugą grupę (II) utworzyły rośliny oznaczone 04/1(18R), 28/1(26R) i odmiana 'Gold Milenium'(36R), dla których poziom podobieństwa wynosił 80-85%. Pozostałe rośliny reprezentujące podobieństwo genetyczne na poziomie 70-92% zgrupowano w trzecim klastrze (III). Ponadto rośliny: 01/7(10R) i 'Kronselka'(38R) (b) zostały pogrupowane osobno, a poziom podobieństwa ich genomów oszacowano na poziomie 79%. Najbardziej genetycznie oddalone, niepowiązane z żadną z prezentowanych grup, były genotypy o numerach 24/1(1R) (a) i 22/1(7R) (c) pochodzące odpowiednio ze skrzyżowania odmian: 'Golden Delicious' \times 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' \times 'Glogierówka'. Generalnie podobieństwo genetyczne w obrębie analizowanej puli roślin było stosunkowo wysokie (75–93%).

Poster prezentowany podczas XV Eucarpia Symposium Fruit Breeding and Genetics, Prague (Czech Republic), 3-7 June, 2019.

Lewandowski Mariusz, Żurawicz Edward, Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, Skierniewice, **Breeding value of selected apple cultivars (*Malus domestica*) for the resistance to apple scab and powdery mildew.**

BREEDING VALUE OF SELECTED APPLE CULTIVARS (*MALUS DOMESTICA*) FOR THE RESISTANCE TO APPLE SCAB AND POWDERY MILDEW



Mariusz Lewandowski, Edward Żurawicz

Research Institute of Horticulture, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

e-mail: Mariusz.Lewandowski@inhort.pl

MATERIALS AND METHODS

The aim of the study was to assess the suitability of several apple cultivars for breeding of new genotypes resistant/low susceptible to apple scab and powdery mildew based on their general (GCA) and specific (SCA) combining abilities.



Evaluation of the infection level of the apple seedlings (being the progeny of 11 apple genotypes crossed in the factorial cross-design ♀4 x ♂7 including 4 maternal: 'Alwa' (1), 'Golden Delicious' (2), 'Free Redstar' (3), 'Gold Milenium' (4) and 7 paternal: 'Glogierówka' (5), 'Kronselska' (6), 'Kosztela' (7), 'McIntosh' (8), 'Oliwka Żółta' (9), 'Malinowa Oberlandzka' (10), 'Koksa Pomarańczowa' (11) genotypes) by apple scab and the powdery mildew was performed between July 4 and 7, 2018.

RESULTS

Table 1
Estimates of GCA effects for the infection level by apple scab and powdery mildew of 4 maternal and 7 paternal apple genotypes crossed in the factorial design ♀4 x ♂7, Dąbrowice, 2018

Parent No.	Parental cultivar	GCA for infection level of apple genotypes	
		Apple scab	Powdery mildew
Maternal genotypes - ♀			
1	Free Redstar	-0,339**	-0,064**
2	Gold Milenium	-0,132**	-0,039
3	Alwa	0,050	0,082**
4	Golden Delicious	0,421**	0,021
Paternal genotypes - ♂			
1	Glogierówka	0,238	0,054
2	Kosztela	0,188	-0,040
3	Malinowa Oberlandzka	-0,143	0,029
4	Kronselska	-0,287	-0,015
5	Oliwka Żółta	-0,218	0,029
6	Koksa Pomarańczowa	0,182	-0,040
7	McIntosh	0,038	-0,015

Explanation: *, ** - GCA effects significantly negative or positive at P<0.05 or P<0.01

The results of the statistical analysis showed that the studied parental forms had significantly different GCA effects for the infection level by apple scab and powdery mildew. Significantly negative values for the GCA effects for the infection level by apple scab were estimated for cultivars 'Free Redstar' and 'Gold Milenium'. Positive GCA effect values for the trait are a disadvantage for breeding cultivars tolerant or low susceptible to apple scab due to possibility of high susceptibility to the disease in F₁ generation of studied genotypes. Cultivar 'Golden Delicious' however, had a significant positive GCA effect for this characteristic meaning that this cultivar is a donor of genes that determined susceptibility of progeny seedlings to apple scab. Cultivar 'Free Redstar', on the other hand, showed a negative value of GCA effects for susceptibility of apple seedlings to powdery mildew. As a result, 'Free Redstar' cv. could be a donor of genes that would carry the resistance or high tolerance to powdery mildew to its progeny. Cultivar 'Alwa' had a significant positive effect GCA for this characteristic meaning that if used as a donor, its progeny will be susceptible to powdery mildew.

The results obtained in the framework of the project No. 71 funded by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development.

Table 2
Estimates of SCA effects for the infection degree by apple scab and powdery mildew of 28 hybrid families obtained from 11 apple genotypes crossed in the factorial design ♀4 x ♂7, Dąbrowice, 2018

Family No.	Hybrid family	SCA for infection level of apple genotypes	
		Apple scab	Powdery mildew
1	Free Redstar x Glogierówka	0,189	-0,048
2	Free Redstar x Kosztela	-0,061	0,021
3	Free Redstar x Malinowa Oberlandzka	0,346**	0,014
4	Free Redstar x Kronselska	-0,054	-0,042
5	Free Redstar x Oliwka Żółta	0,052	0,077
6	Free Redstar x Koksa Pomarańczowa	-0,298*	-0,029
7	Free Redstar x McIntosh	-0,173	0,008
8	Gold Milenium x Glogierówka	0,257	-0,048
9	Gold Milenium x Kosztela	-0,368**	-0,004
10	Gold Milenium x Malinowa Oberlandzka	0,113	-0,036
11	Gold Milenium x Kronselska	-0,037	-0,017
12	Gold Milenium x Oliwka Żółta	-0,080	-0,048
13	Gold Milenium x Koksa Pomarańczowa	0,245	0,146*
14	Gold Milenium x McIntosh	-0,130	0,008
15	Alwa x Glogierówka	-0,150	0,030
16	Alwa x Kosztela	0,025	-0,001
17	Alwa x Malinowa Oberlandzka	-0,094	-0,032
18	Alwa x Kronselska	-0,094	0,062
19	Alwa x Oliwka Żółta	-0,413**	0,080
20	Alwa x Koksa Pomarańczowa	0,312**	-0,151*
21	Alwa x McIntosh	0,412**	0,012
22	Golden Delicious x Glogierówka	-0,296*	0,066
23	Golden Delicious x Kosztela	0,404**	-0,015
24	Golden Delicious x Malinowa Oberlandzka	-0,365**	0,054
25	Golden Delicious x Kronselska	0,185	-0,003
26	Golden Delicious x Oliwka Żółta	0,441**	-0,109
27	Golden Delicious x Koksa Pomarańczowa	-0,259	0,035
28	Golden Delicious x McIntosh	-0,109	-0,028

Explanation: *, ** - mean for a sibling family significantly different from the general mean at P<0.05 or P<0.01

The SCA effects for analyzed 28 cross-combinations showed both positive and negative values for the studied characteristics. The negative SCA effects values were obtained for 5 hybrid families: 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa', 'Gold Milenium' x 'Kosztela', 'Alwa' x 'Oliwka Żółta', 'Golden Delicious' x 'Glogierówka' and 'Golden Delicious' x 'Malinowa Oberlandzka'. It indicates the genetic interaction of both parental genotypes in genetic determination of resistance or high tolerance to apple scab in their progeny. The positive SCA effects for this characteristic were obtained for the following 5 hybrid families: 'Free Redstar' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Koksa Pomarańczowa', 'Alwa' x 'McIntosh', 'Golden Delicious' x 'Kosztela' and 'Golden Delicious' x 'Oliwka Żółta'. So it can be expected that seedlings belonging to these families will be susceptible to apple scab. The negative SCA effect for powdery mildew susceptibility was obtained for only one family: 'Alwa' x 'Koksa Pomarańczowa'. It means, the genetic interaction of both parental genotypes will provide resistance or high tolerance to powdery mildew to its progeny. The positive SCA effects for this characteristic were estimated for the family 'Gold Milenium' x 'Koksa Pomarańczowa', meaning the seedlings belonging to this family will be susceptible to powdery mildew.

Abstrakt zamieszczony w materiałach konferencyjnych:

Lewandowski Mariusz, Żurawicz Edward. **Breeding value of selected apple cultivars (*Malus domestica*) for the resistance to apple scab and powdery mildew.** XV Eucarpia Symposium Fruit Breeding and Genetics, Prague (Czech Republic), 3-7 June, 2019, Book of abstracts, Poster presentations, s. 40.

Breeding value of selected apple cultivars (*Malus domestica*) for the resistance to apple scab and powdery mildew

Mariusz Lewandowski, Edward Żurawicz

Research Institute of Horticulture, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

e-mail: Mariusz.Lewandowski@inhort.pl

Key words: apple, *Malus domestica* L., apple scab, powdery mildew

Suitability of several apple cultivars for breeding of new genotypes resistant/low susceptible to apple scab and powdery mildew based on their general (GCA) and specific (SCA) combining abilities.

Infection degree of the apple seedlings, being the progeny of 11 cultivars crossed in the model: ♀4 x ♂7 – 4 maternal cultivars ('Alwa', 'Golden Delicious', 'Free Redstar', 'Gold Milenium') and 7 paternal cultivars ('Glogierówka', 'Kronselka', 'Kosztela', 'McIntosh', 'Oliwka Żółta', 'Malinowa Oberlandzka', 'Koksa Pomarańczowa') by both apple pathogens was evaluated in July 2018. Results of the statistical analysis (SERGEN programme) have shown the significant GCA effects for the infection degree by apple scab and powdery mildew for some cultivars. Significantly negative values for the GCA effects for the infection degree by apple scab were estimated for 'Free Redstar' and 'Gold Milenium'. It indicates that both cultivars are good donors of genes responsible for resistance to apple scab in the progeny seedlings. Negative value of GCA effects for susceptibility to powdery mildew was stated for 'Free Redstar' only. It means this cultivar may serve as good donor of genes determining resistance/low susceptibility to powdery mildew in its progeny.

The SCA effects estimated for 28 cross combinations have shown both positive and negative values for the studied characteristics. The negative SCA effects for resistance/low susceptibility to apple scab were stated for 5 cross combinations: 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa', 'Gold Milenium' x 'Kosztela', 'Alwa' x 'Oliwka Żółta', 'Golden Delicious' x 'Glogierówka' and 'Golden Delicious' x 'Malinowa Oberlandzka'. The negative SCA effects for powdery mildew resistance/low susceptibility was stated for one cross combination only: 'Alwa' x 'Koksa Pomarańczowa'.

The results obtained in the framework of the project No. 71 funded by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development.

Załącznik 3.

Poster prezentowany podczas V Zjazdu Polskiego Towarzystwa Nauk Ogrodniczych pt. „Miejsce ogrodnictwa we współczesnym życiu człowieka i ochronie środowiska”, Warszawa, 16-18 września 2019 r.

Lewandowski Mariusz, Żurawicz Edward, Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, Skierniewice, **Wartość hodowlana wybranych odmian jabłoni (*Malus domestica*) pod względem siły wzrostu roślin.**

WARTOŚĆ HODOWLANA WYBRANYCH ODMIAN JABŁONI (*MALUS DOMESTICA*) POD WZGLĘDEM SIŁY WZROSTU



Mariusz Lewandowski, Edward Żurawicz
Instytut Ogrodnictwa, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice
e-mail: Mariusz.Lewandowski@inhort.pl

WSTĘP

Znajomość wartości hodowlanej krzyżowanych form rodzicielskich zwiększa efektywność prowadzonej hodowli. Badano wartość hodowlaną (ogólną - GCA i specyficzną - SCA zdolność kombinacyjną) 11 odmian jabłoni (1. 'Alwa', 2. 'Golden Delicious', 3. 'Free Redstar', 4. 'Gold Milenium', 5. 'Glogierówka', 6. 'Kronselska', 7. 'Kosztela', 8. 'McIntosh', 9. 'Oliwka Żółta', 10. 'Malinowa Oberlandzka', 11. 'Koksa Pomarańczowa') pod względem siły wzrostu uzyskanych siewek, wyrażoną średnicą i wysokością ich pędu przewodnikowego.



MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem badań była populacja 2800 siewek jabłoni otrzymanych ze skrzyżowania 11 odmian jabłoni (Tab. 1). Było to 28 kombinacji krzyżowań w układzie czynnikowym (4 x 7) (Tab. 2). Wszystkie siewki były zaszczerpione na podkładce M.9. Doświadczenie połowe posadzono jesienią 2017 w kwaterze hodowlanej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach, w układzie losowanych bloków kompletnych, w 4 powtórzeniach, w 25 siewek na poletku, w rozstawie 3,50 x 1,0 m. Ocena siły wzrostu siewek polegała na pomiarze ich średnicy (mm) i wysokości pędu przewodnikowego (cm) wykonanym w dniach 12-16 października 2018 r.

WYNIKI

Tabela 1. Efekty GCA dla 11 odmian jabłoni (krzyżowanych w układzie czynnikowym 4 x 7) dla siły wzrostu uzyskanych siewek.

Nr matki lub ojca	Formy rodzicielskie	Siła wzrostu siewek			
		Średnica pędu przewodnikowego		Wysokość pędu przewodnikowego	
		Ocena efektu głównego	Statystyka F dla efektu głównego	Ocena efektu głównego	Statystyka F dla efektu głównego
Analiza względem form matecznych -					
1	Free Redstar	0,484**	16,41	1,38**	17,31
2	Gold Milenium	0,225	3,40	-0,54	2,70
3	Alwa	0,113	0,86	1,48**	20,11
4	Golden Delicious	-0,832**	46,56	-2,32**	49,04
Wartości krytyczne dla testowania indywidualnego na poziomie					
		0,10	2,77	0,10	2,77
		0,05	3,95	0,05	3,95
		0,01	6,95	0,01	6,95
Wartości krytyczne dla testowania jednoczesnego na poziomie					
		0,10	5,21	0,10	5,21
		0,05	6,32	0,05	6,32
		0,01	9,72	0,01	9,72
Analiza względem form ojcowskich -					
1	Glogierówka	0,716	5,38	1,80	3,79
2	Kosztela	-1,048**	11,53	-0,84	0,82
3	Malinowa Oberlandzka	-0,451	2,14	-0,36	0,15
4	Kronselska	0,694	5,05	1,86	4,09
5	Oliwka Żółta	-0,746	5,83	-3,22**	12,16
6	Koksa Pomarańczowa	1,197**	15,04	0,88	0,01
7	McIntosh	-0,361	1,37	0,88	0,54
Wartości krytyczne dla testowania indywidualnego na poziomie					
		0,10	2,77	0,10	2,77
		0,05	3,95	0,05	3,95
		0,01	6,95	0,01	6,95
Wartości krytyczne dla testowania jednoczesnego na poziomie					
		0,10	6,26	0,10	6,26
		0,05	7,60	0,05	7,60
		0,01	10,88	0,01	10,88

Objaśnienie: * - wartości istotnie różne od średniej ogólnej przy poziomie $\alpha=0,05$
** - wartości istotnie różne od średniej ogólnej przy poziomie $\alpha=0,01$

Uzyskane wyniki analizy ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla siły wzrostu siewek, wyrażone średnicą (w mm) i wysokością pędu przewodnikowego (w cm) dla 11 genotypów jabłoni, wykazały, że badane formy rodzicielskie miały istotnie zróżnicowane efekty GCA dla tej cechy morfologicznej. Istotnie dodatnie wartości efektów GCA dla tej cechy roślin oszacowano dla odmian: 'Free Redstar', 'Alwa' i 'Koksa Pomarańczowa' (tab. 1). Oznacza to, że genotypy te przekazują potomstwu zdolność do tworzenia drzew o silnym wzroście. Z kolei odmiany 'Golden Delicious', 'Kosztela' i 'Oliwka Żółta' miały istotnie negatywne efekty GCA dla tej cechy. Odmiany te użyte jako formy rodzicielskie są więc donorami genów warunkujących słaby wzrost u potomstwa tych odmian.

LITERATURA

Calliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P. 2003. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 4. Metodyka statystyczna i obsługa programu SERGEN (Wersja 4 dla Windows) przeznaczony do serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych. Wyd. IGR PAN w Poznaniu ss 77.

Badania wykonano w ramach Badań Podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej – Zadanie 71

Tabela 2. Efekty SCA dla kombinacji krzyżowań 11 odmian jabłoni w układzie czynnikowym (4 x 7) dla siły wzrostu uzyskanych siewek.

Nr rodziny	Krzyżowane formy rodzicielskie	Siła wzrostu siewek			
		Średnica pędu przewodnikowego		Wysokość pędu przewodnikowego	
		Ocena efektu głównego	Statystyka F dla efektu głównego	Ocena efektu głównego	Statystyka F dla efektu głównego
1	Free Redstar x Glogierówka	1,720**	33,15	5,55**	46,68
2	Free Redstar x Kosztela	-0,599	4,02	-3,16**	15,02
3	Free Redstar x Malinowa Oberlandzka	-1,327**	19,72	-5,16**	40,35
4	Free Redstar x Kronselska	2,047**	46,95	-3,99**	24,07
5	Free Redstar x Oliwka Żółta	-1,479**	24,52	0,68	0,70
6	Free Redstar x Koksa Pomarańczowa	-1,128**	14,07	2,28	7,84
7	Free Redstar x McIntosh	0,758	6,45	3,79**	21,74
8	Gold Milenium x Glogierówka	-1,541**	26,62	0,70	0,74
9	Gold Milenium x Kosztela	1,610**	29,07	3,15**	15,04
10	Gold Milenium x Malinowa Oberlandzka	-0,677	5,14	2,81*	11,99
11	Gold Milenium x Kronselska	0,323	1,17	0,04	0,00
12	Gold Milenium x Oliwka Żółta	0,730	5,98	-0,12	0,02
13	Gold Milenium x Koksa Pomarańczowa	0,574	3,69	-1,32	2,66
14	Gold Milenium x McIntosh	-1,026**	11,86	-5,26**	41,93
15	Alwa x Glogierówka	-0,655	4,80	-5,96**	53,73
16	Alwa x Kosztela	-0,506	2,87	-0,98	1,46
17	Alwa x Malinowa Oberlandzka	1,662**	27,34	5,51**	45,92
18	Alwa x Kronselska	-0,523	3,06	1,46	3,21
19	Alwa x Oliwka Żółta	-0,296	0,98	-0,15	0,03
20	Alwa x Koksa Pomarańczowa	-0,197	0,44	-1,28	2,49
21	Alwa x McIntosh	0,614	4,23	1,41	2,99
22	Golden Delicious x Glogierówka	0,476	2,54	-0,30	0,13
23	Golden Delicious x Kosztela	-0,505	2,86	0,98	1,45
24	Golden Delicious x Malinowa Oberlandzka	0,442	2,19	-3,18**	15,10
25	Golden Delicious x Kronselska	-1,847**	38,25	2,49	9,4
26	Golden Delicious x Oliwka Żółta	1,045**	12,23	-0,41	0,26
27	Golden Delicious x Koksa Pomarańczowa	0,743	6,19	0,33	0,16
28	Golden Delicious x McIntosh	-0,353	1,40	0,07	0,01
Wartości krytyczne dla testowania indywidualnego na poziomie					
		0,10	2,77	0,10	2,77
		0,05	3,95	0,05	3,95
		0,01	6,95	0,01	6,95
Wartości krytyczne dla testowania jednoczesnego na poziomie					
		0,10	6,99	0,10	6,99
		0,05	10,41	0,05	10,41
		0,01	13,85	0,01	13,85

Objaśnienie: * - wartości istotnie różne od średniej ogólnej przy poziomie $\alpha=0,05$
** - wartości istotnie różne od średniej ogólnej przy poziomie $\alpha=0,01$

Dla siły wzrostu siewek jabłoni istotnie pozytywne efekty SCA uzyskano dla 7 kombinacji krzyżowań: 'Free Redstar' x 'Glogierówka', 'Free Redstar' x 'Kronselska', 'Free Redstar' x 'McIntosh', 'Gold Milenium' x 'Kosztela', 'Gold Milenium' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' x 'Oliwka Żółta'. Oznacza to, że genetyczne współdziałanie ww. par genotypów rodzicielskich warunkuje silny wzrost roślin. Istotnie negatywne efekty SCA dla tej cechy uzyskano dla 10 kombinacji krzyżowań: 'Free Redstar' x 'Kosztela', 'Free Redstar' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Free Redstar' x 'Kronselska', 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta', 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa', 'Gold Milenium' x 'Glogierówka', 'Gold Milenium' x 'McIntosh', 'Alwa' x 'Glogierówka', 'Golden Delicious' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' x 'Kronselska'. Zatem należy oczekiwać, że mieszańce uzyskane z tych kombinacji krzyżowań będą charakteryzować się słabym wzrostem, zarówno pod względem średnicy pędu przewodnikowego, jak i jego wysokości.

Abstrakt zamieszczony w materiałach konferencyjnych:

Lewandowski Mariusz, Żurawicz Edward. **Wartość hodowlana wybranych odmian jabłoni (*Malus domestica*) pod względem siły wzrostu roślin.** V Zjazd Polskiego Towarzystwa Nauk Ogrodniczych, Warszawa, 16-18 września 2019 r., Streszczenia, s. 119.

**Wartość hodowlana wybranych odmian jabłoni (*Malus domestica*)
pod względem siły wzrostu roślin**

Mariusz Lewandowski, Edward Żurawicz
Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice
e-mail: Mariusz.Lewandowski@inhort.pl

Celem badań było oszacowanie efektów GCA (ogólna zdolność kombinacyjna) i SCA (specyficzna zdolność kombinacyjna) dla badanych form rodzicielskich jabłoni pod względem siły wzrostu roślin, w oparciu o ocenę potomstwa 28 rodzin mieszańców.

Wyniki analizy GCA dla siły wzrostu siewek, wyrażonej średnicą w mm i wysokością pędu przewodnikowego w cm dla wszystkich rodzin mieszańców, stanowiących potomstwo 11 genotypów jabłoni, krzyżowanych w układzie czynnikowym (♀4 x ♂7) wykazały, że istotnie dodatnie wartości efektów GCA dla tej cechy roślin oszacowano dla odmian: 'Free Redstar', 'Alwa' i 'Koksa Pomarańczowa'. Oznacza to, że genotypy te przekazują potomstwu zdolność do tworzenia drzew o silnym wzroście. Natomiast odmiany 'Golden Delicious', 'Kosztela' i 'Oliwka Żółta' miały istotnie negatywne efekty GCA dla tej cechy, mogą więc być donorami genów warunkujących słaby wzrost u potomstwa siewek jabłoni.

Dla siły wzrostu siewek jabłoni, istotnie pozytywne efekty SCA uzyskano dla 7 rodzin mieszańców: 'Free Redstar' x 'Glogierówka', 'Free Redstar' x 'Kronselska', 'Free Redstar' x 'McIntosh', 'Gold Milenium' x 'Kosztela', 'Gold Milenium' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Alwa' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' x 'Oliwka Żółta'. Oznacza to, że w przypadku tych rodzin genetyczne współdziałanie obu genotypów rodzicielskich warunkuje silny wzrost roślin. Istotnie negatywne efekty SCA dla tej cechy uzyskano dla 10 rodzin mieszańcowych: 'Free Redstar' x 'Kosztela', 'Free Redstar' x 'Malinowa Oberlandzka', 'Free Redstar' x 'Kronselska', 'Free Redstar' x 'Oliwka Żółta', 'Free Redstar' x 'Koksa Pomarańczowa', 'Gold Milenium' x 'Glogierówka', 'Gold Milenium' x 'McIntosh', 'Alwa' x 'Glogierówka', 'Golden Delicious' x 'Malinowa Oberlandzka' i 'Golden Delicious' x 'Kronselska'. Zatem należy oczekiwać, że mieszańce należące do tych rodzin będą charakteryzować się słabym wzrostem.

Badania wykonano w ramach Badań Podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej – Zadanie 71