

Zadanie 3.5. Wytworzenie materiałów wyjściowych borówki wysokiej (*Vaccinium corymbosum* L.) o wysokiej jakości owoców oraz analiza molekularna specyficznych fragmentów genomów.

Cel zadania: 1) Uzyskanie materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian deserowych oraz przydatnych do przetwórstwa i przechowalnictwa (mrożenie), plennych, odznaczających się wysoką jakością i trwałością owoców i o różnej porze dojrzewania owoców; 2) Ocena materiałów selekcyjnych borówki wysokiej otrzymanych w latach 2015-2020 oraz realizacja nowych programów hodowlanych; 3) Identyfikacja sekwencji genomowych, skorelowanych z cechami jakości owoców, w tym występowanie woskowego nalotu na skórcie i wytypowanie markerów molekularnych, przydatnych do selekcji materiałów hodowlanych borówki wysokiej pod względem badanych cech.

Opis zadania – zakres rzeczowy planowany na 2022 rok:

- 1) produkcja siewek borówki wysokiej i ich selekcja we wczesnym stadium rozwoju na podstawie cech fenotypowych;
- 2) uprawa, ocena i selekcja siewek w polowych kwaterach selekcyjnych;
- 3) rozmnażanie najcenniejszych genotypów o określonym statusie mieszańca (molekularna weryfikacja tożsamości genetycznej) dla uzyskania cennych klonów;
- 4) ocena wartości produkcyjnej klonów selekcyjnych w kolekcji klonów i rozmnożenie najcenniejszych klonów;
- 5) prowadzenie doświadczeń porównawczych z klonami selekcyjnymi przed zgłoszeniem odmian do badań rejestrowych COBORU (ocena fenotypowa, laboratoryjna jakości owoców i molekularna);
- 6) wytypowanie perspektywicznych genotypów mieszańcowych (wstępna ocena fenotypowa) i wyizolowanie DNA/RNA z tkanek roślin form rodzicielskich zróżnicowanych pod kątem obecności woskowego nalotu na owocach;
- 7) wytypowanie sekwencji genów kandydujących (dostępne bazy, literatura) do analizy PCR i qPCR poprzez opracowanie ich profili ekspresyjnych.

Planowane na 2022 r. mierniki dla zadania 3.5.:

1. liczba wyprodukowanych siewek z nasion uzyskanych z programu krzyżowań z 2021 r.: 2 000 roślin
2. liczba wyselekcjonowanych i rozmnożonych materiałów wyjściowych o pożądanym cechach: 10 klonów
3. liczba wytypowanych sekwencji DNA/RNA dla pożądanym cech: 2
4. liczba przygotowanych publikacji lub artykułów popularno-naukowych: 1