

ZADANIE 48

Analiza genetyczna wybranych genotypów brzoskwini (*Prunus persica* L.) z wykorzystaniem czynnika układu krzyżowań i markerów molekularnych

DOFINANSOWANIE - 190 000 zł/rok

CAŁKOWITA WARTOŚĆ INWESTYCJI - 1 330 000 zł na lata 2021-2027

CEL PROJEKTU

Celem proponowanych badań jest uzyskanie wiedzy na temat wartości hodowlanej wybranych genotypów rodzicielskich brzoskwini, w oparciu o ocenę ich ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej (GCA i SCA), pod względem kilku cech determinujących siłę wzrostu i intensywność owocowania drzew oraz jakość zewnętrzną i wewnętrzną owoców, a także wytypowanie markerów molekularnych skorelowanych z regionem genomu warunkującym kolor miąższu oraz wielkość owoców.

REALIZOWANE ZADANIA

Materiałem badawczym będą siewki brzoskwini uzyskane z programu krzyżowań (wykonanego w układzie czynnika) 4 genotypów matecznych i 5 genotypów ojcowskich, zróżnicowanych pod względem cech fenotypowych owoców (żółto-, biało- i fioletowomiąższowe, okrągłe i płaskie, z omszoną skórką i nektaryny oraz o miąższu miękkim i twardym - twardki) i wywodzących się z różnych rejonów geograficznych świata. W pierwszym roku badań wszystkie siewki rosnące w doświadczeniu poddane będą testom molekularnym dla weryfikacji ich rodowodu (wykorzystane będą startery zidentyfikowane w oparciu o pełną analizę molekularną – polimorfizm DNA – wszystkich użytych do hybrydyzacji form rodzicielskich). Ocena fenotypowa roślin prowadzona będzie na siewkach należących do 20 rodzin mieszańcowych. Dla najlepszych pojedynków będzie kontynuowana ocena pod kątem jakości zewnętrznej i wewnętrznej owoców. W oparciu o uzyskane wyniki oceny indywidualnej siewek brzoskwini, obliczone zostaną średnie arytmetyczne wartości badanych cech dla każdego powtórzenia. Po ukończeniu pełnej oceny fenotypowej siewek pokolenia F₁, wykonana zostanie analiza wariancji dla układu czynnika w celu oszacowania efektów ogólnej (GCA) i specyficznej (SCA) zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich oraz współczynnika relatywnego znaczenia GCA i SCA w genetycznym uwarunkowaniu badanych cech (GPR). Badania obejmować będą także poszukiwanie markerów molekularnych silnie sprzężonych z regionem genomu warunkującym barwę miąższu i wielkość owoców.

GRUPY DOCELOWE

Uzyskane wyniki badań w formie publikacji i artykułów popularno-naukowych będą skierowane do szerokiego grremium odbiorców, jak instytucje naukowe i wyższe uczelnie, Ośrodki Doradztwa Rolniczego, firmy hodowlane oraz gospodarstwa sadownicze i szkółkarskie.

EFEKTY WYNIKAJĄCE Z REALIZACJI PROJEKTU

Najlepsze pojedynki wzbogacą pulę genową odmian brzoskwini, utrzymywaną przez Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy w Skierniewicach. Oszacowanie efektów ogólnej (GCA) i specyficznej (SCA) zdolności kombinacyjnej wskaże, które z badanych form rodzicielskich są najbardziej przydatne do hodowli twórczej odmian

brzoskwini, ukierunkowanej na uzyskanie genotypów wytwarzających wysoki plon atrakcyjnych owoców oraz przystosowanych do uprawy w chłodniejszej strefie klimatu umiarkowanego. Najlepsze z uzyskanych pojedynków będą mogły być wykorzystane do dalszej hodowli, a najbardziej wartościowy z nich może nawet stać się odmianą. Wytypowanie markerów molekularnych silnie sprzężonych z regionem genomu warunkującym barwę miąższu i wielkość owoców umożliwi w przyszłości selekcję siewek brzoskwini pod kątem wytwarzania dużych owoców z żółtym miąższem we wczesnym etapie wzrostu roślin, co znacznie obniży koszty hodowli.