

Zadanie 3.1. Poszerzenie zmienności genetycznej pomidora o odporność na wybrane stropy biotyczne oraz ważne cechy jakościowe.

Cele zadania w 2022 r.:

- badania nad poszerzeniem zmienności genetycznej pomidora pod osłony i polowego o ważne cechy użytkowe;
- otrzymanie pokolenia F₁ ze skrzyżowania dwóch linii o skrajnej reakcji na porażenie przez wirusa brązowej plamistości (TSWV);
- otrzymanie rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL – ang. recombinant inbred line) pokolenia F₈, pochodzących ze skrzyżowania odpornej na zarazę ziemniaka linii *Solanum pimpinellifolium* LA 1604 z podatną odmianą pomidora polowego (Rumba).

Opis zadania:

1. poszerzenie zmienności genetycznej pomidora o wartościowe cechy użytkowe:

Badania w tym zakresie prowadzone były wielotorowo. W pierwszym etapie scharakteryzowano kolekcję linii pomidora (12 linii pomidora pod osłony, 10 linii pomidora polowego) pod względem wybranych cech agromorfologicznych według zmodyfikowanego klasyfikatora dla rodzaju *S. lycopersicum*. Uwzględniając badane cechy określono następnie zróżnicowanie międzyliniowe oraz wyrównanie wewnątrzliniowe ocenianych linii. W przypadku linii mniej zaawansowanych w hodowli, wyselekcjonowane genotypy analizowano dodatkowo przy pomocy markerów molekularnych umożliwiających detekcję alleli warunkujących odporność na: wirusa mozaiki pomidora (ToMV) oraz dwie rasy *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol, rasa 1 i 2; fuzaryjne wędnięcie). A w przypadku pomidora polowego, wybrane linie oceniono również pod kątem odporności na zarazę ziemniaka w warunkach naturalnej infekcji *Phytophthora infestans*, w dwóch lokalizacjach, tj.: na polu Instytutu Ogrodnictwa – PIB oraz na polu Podkarpackiego Ośrodka Doradztwa Rolniczego w Boguchwale (rejon, w którym zaraza ziemniaka występuje corocznie w dużym nasileniu). Zgodnie z oczekiwaniami, poziom wyrównania linii był wprost proporcjonalny do ich stopnia zaawansowania w procesie homozygotyzacji. Linie najbardziej zaawansowane w hodowli (7 linii pomidora pod osłony, 5 linii pomidora polowego) cechowały się bardzo wysokim lub wysokim wyrównaniem pod względem wszystkich ocenianych parametrów. Charakteryzowały się one jednocześnie znacznym, a więc pożądanym, szczególnie dla efektu heterozji w mieszańcach F₁, poziomem zróżnicowania międzyliniowego pod względem większości analizowanych cech. Z kolei, u linii mniej zaawansowanych w hodowli (5 linii pomidora pod osłony, 5 linii pomidora polowego), stwierdzono bardzo dużą zmienność fenotypową w zakresie większości parametrów morfologicznych roślin i owocu oraz podatności na przedmiotowe patogeny.

Na podstawie przeprowadzonej oceny dokonano selekcji najbardziej wartościowych genotypów, które poddano rozmnożeniu wsobnemu. Otrzymano w ten sposób nasiona kolejnego pokolenia dla materiałów hodowlanych przeznaczonych do realizacji projektu w następnych latach badań. Ze względu na korzystne cechy użytkowe oraz wysokie wyrównanie wewnątrzliniowe, linie najbardziej zaawansowane w hodowli wykorzystano także w programie zapyleń krzyżowych, w wyniku czego otrzymano nasiona 12 nowych eksperymentalnych mieszańców F₁.

Oceniono także wartość użytkową eksperymentalnych mieszańców F₁, których nasiona wytworzono w 2021 roku. Badaniami objęto 12 eksperymentalnych mieszańców F₁ pomidora pod osłony (uprawa bezglebowa w szklarni IO-PIB) oraz 8 mieszańców F₁ pomidora polowego (pole doświadczalne IO-PIB). Wartość użytkową badanych mieszańców określano na podstawie wysokości plonu wczesnego, ogólnego i handlowego, struktury plonowania oraz cech morfologicznych owoców w porównaniu do odmian kontrolnych, a w przypadku pomidora polowego – także na podstawie podatności na zarazę ziemniaka. Wszystkie nowo wyhodowane mieszańce pomidora pod osłony cechowały się wysokim potencjałem plonotwórczym, nie ustępując pod tym względem odmianom kontrolnym (Torero F₁, Nela F₁). Najwyższym plonem oraz jego jakością wyróżnił się mieszaniec E 1667. Większość badanych mieszańców wykształcała owoce spłaszczone z mniejszym lub większym stopniem żebrowania oraz tendencją do występowania wielu komór. Wyjątek stanowiły trzy mieszańce, których owoce były przede wszystkim mniejsze, bardziej kuliste, prawie gładkie i posiadały mniejszą liczbę komór nasiennych. Wszystkie mieszańce eksperymentalne wykształcały owoce wysokiej jakości, twarde i trwałe. U większości z nich nie obserwowano także tendencji do spękań. Ponadto, wszystkie badane eksperymentalne mieszańce F₁ posiadają kompleksową odpornością na ToMV, fuzaryjne wędnięcie (FOL, rasa 1 i 2) oraz fuzaryjną zgorzel szyjki i podstawy łodyg (FORL). W przypadku pomidora polowego jakość plonu oraz jego wysokość była silnie powiązana z podatnością badanych mieszańców F₁ na zarazę ziemniaka. Najintensywniejsze objawy zarazy ziemniaka wykazywały odmiany kontrolne, których rośliny wykazywały 60-70% porażenia przez *P. infestans*, jeszcze przed rozpoczęciem zbiorów owoców. Rośliny mieszańców eksperymentalnych cechowały się niższym stopniem porażenia, czego odzwierciedleniem jest znacznie wyższa wysokość oraz jakość plonu w porównaniu do odmian kontrolnych. Najwyższym potencjałem plonotwórczym wyróżniły się trzy mieszańce E 1654, E 1652 i E 1598, które wysokością plonu handlowego zdecydowanie przewyższały odmiany kontrolne. Pierwszy z wymienionych mieszańców (E 1654) odznaczył się także najniższym udziałem owoców chorych (ok. 2,6% owoców chorych w plonie ogólnym) spośród wszystkich badanych obiektów. Dla porównania odmiany kontrolne wykazywały bardzo wysoki udział owoców chorych (głównie porażonych przez zarazę ziemniaka): 65% (Docet F₁) i 82,2% (Chelse F₁).

2. opracowanie molekularnej identyfikacji genów warunkujących odporność pomidora na TSWV:

W ramach współpracy z Zakładem Wirusologii i Bakteriologii Instytutu Ochrony Roślin – PIB (IOR-PIB) przeprowadzono testy infekcyjne z wykorzystaniem dwóch izolatów TSWV (kolekcja własna IOR-PIB) różniących się agresywnością. Zidentyfikowano dwa obiekty LA 1604 (*S. pimpinellifolium*) i TF019 (*S. lycopersicum*) jako wysoce odporne na obydwie izolaty TSWV. Biorąc pod uwagę fakt, iż w ramach niniejszego zadania wyprowadzane są linie RIL, pochodzące z międzygatunkowego krzyżowania LA 1604 z ‘Rumbą’ (odmiana wrażliwa na TSWV) do dalszych etapów badań wytypowano te dwa obiekty. Przeprowadzono krzyżowania w obu kierunkach, uzyskując nasiona populacji F₁ i RF₁, które w przyszłym roku będą wykorzystywane do wygenerowania pokolenia F₂.

3. mapowanie QTL warunkujących odporność pomidora na *P. infestans*:

W br. kontynuowano badania nad wyprowadzeniem mapującej populacji RIL z krzyżowania odpornego na *P. infestans* obiektu *S. pimpinellifolium* (LA 1604) i podatnej odmiany Rumba (*S. lycopersicum*). Metodą pojedynczych nasion SSD (ang. Single Seed Descent) wyprowadzono pokolenie F₈ linii RIL, które umożliwią realizację badań dotyczących konstrukcji mapy genetycznej oraz mapowania *loci* warunkujących odporność pomidora na zarazę ziemniaka.