

**Zadanie 3.13. Wytworzenie materiałów wyjściowych jabłoni (*Malus domestica* Borkh.) o jednolitej barwie skórki, owocujących corocznie oraz odpornych na parcha jabłoni.**

**Cel zadania:** 1) Wytworzenie nowych cennych materiałów wyjściowych jabłoni o jednolitej barwie skórki (zielone, żółte lub czerwone) i zróżnicowanej porze dojrzewania owoców, zdolnych do samoregulacji owocowania oraz odpornych lub mało podatnych na parcha jabłoni (kontynuacja oceny materiałów hodowlanych jabłoni otrzymanych w latach poprzednich oraz realizacja nowych programów hodowlanych); 2) Identyfikacja sekwencji genomowych, skorelowanych z badanymi cechami, jako potencjalne markery molekularne, przydatne do selekcji najcenniejszych genotypów.

**Opis zadania – zakres rzeczowy planowany na 2023 rok:**

- 1) wykonanie programu krzyżowań (15 kombinacji krzyżowań) z wykorzystaniem różnych form rodzicielskich o komplementarnych cechach fenotypowych i użytkowych oraz zbiorów owoców, pozyskiwanie i wysiew nasion;
- 2) produkcja siewek w szklarni i wysokim, nieogrzewanym tunelu foliowym;
- 3) przeszczepienie siewek na karłowatą podkładkę M.9;
- 4) sadzenie siewek w polowej kwaterze selekcyjnej, pielęgnacja i ocena siewek;
- 5) oznaczanie (wybór) i rozmnażanie siewek (pojedynków) będących nośnikami pożądanych cech dla założenia kolekcji klonów;
- 6) ocena wartości produkcyjnej klonów selekcyjnych w kolekcji klonów;
- 7) wyznaczenie klonów, spełniających wymogi materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian o pożądanych cechach i ich rozmnażanie w celu założenia hodowlanego doświadczenia porównawczego (5 nowych wyselekcjonowanych klonów);
- 8) szczegółowa ocena wartości produkcyjnej najbardziej wartościowych genotypów w doświadczeniach porównawczych, z możliwością zgłoszenia ich do badań rejestrowych COBORU, jako potencjalne nowe odmiany jabłoni, z uwzględnieniem badań laboratoryjnych (analiza zawartości składników bioaktywnych w owocach) oraz molekularnych (molekularna weryfikacja tożsamości genetycznej i statusu zdrowotności mieszańców pod kątem chorób wirusowych);
- 9) zakładanie i prowadzenie doświadczeń demonstracyjno-wdrożeniowych dla upowszechniania nowych odmian;
- 10) wyizolowanie DNA/RNA z tkanek roślin wytypowanych perspektywicznych genotypów mieszańcowych (wstępna ocena fenotypowa) przeznaczonych do badań;
- 11) wytypowanie sekwencji genów kandydujących (dostępne bazy, literatura, sekwencje o zróżnicowanej ekspresji uzyskane z analiz NGS przeprowadzonych w poprzednich latach badań, inne) do analizy qPCR poprzez opracowanie ich profili ekspresyjnych (2 sekwencje z bazy sekwencyjnej NGS).

**Planowane na 2023 r. mierniki dla zadania 3.13.:**

1. liczba kombinacji w wykonanym programie krzyżowań: 15
2. liczba wyselekcjonowanych i rozmnożonych materiałów wyjściowych o pożądanych cechach: 5 klonów
3. liczba wytypowanych sekwencji DNA/RNA dla pożądanych cech: 2
4. liczba doniesień (ustnych lub posterów) na konferencjach międzynarodowych: 1