

Zadanie 3.17. Wytworzenie materiałów wyjściowych pigwowca japońskiego (*Chaenomeles japonica*) o bezierniowych pędach oraz wysokiej jakości i zawartości składników prozdrowotnych w owocach.

Cel zadania: 1) Uzyskanie materiałów wyjściowych do hodowli nowych i wartościowych odmian pigwowca japońskiego, nowego i perspektywicznego gatunku do wdrożenia w uprawie towarowej i amatorskiej w naszym kraju; 2) Realizacja pierwszych/nowych programów hodowlanych; 3) Opracowanie markerów molekularnych, w oparciu o zróżnicowanie genetyczne materiału roślinnego i opartych na analizie poziomu ekspresji sekwencji genów kandydujących, przydatnych do wczesnej selekcji genotypów pigwowca o najbardziej pożądanym cechach użytkowych; 4) Ocena składu chemicznego owoców wybranych genotypów pigwowca japońskiego; 5) Ocena żywotności pyłku form rodzicielskich wykorzystanych w programach hodowlanych oraz wstępna ocena kiełkowania ziaren pyłku na znamieniu słupka; 6) Ocena występowania chorób powodowanych przez bakterie i grzyby patogeniczne i ich identyfikacja metodami konwencjonalnymi i biologii molekularnej; 7) Ocena zagrożenia upraw pigwowca japońskiego przez owady i roztocza.

Opis zadania – zakres rzeczowy planowany na 2023 rok:

- 1) wykonanie programu krzyżowań (w sumie 10 kombinacji krzyżowań) z wykorzystaniem różnych form rodzicielskich pigwowca japońskiego (*Chaenomeles japonica*) o komplementarnych cechach fenotypowych i użytkowych, zbiór owoców, wybieranie nasion, stratyfikacja i wysiew nasion;
- 2) uprawa, ocena i selekcja siewek w polowych kwaterach selekcyjnych;
- 3) wegetatywne (in vitro/sadzonki/odkłady) rozmnażanie najcenniejszych genotypów o określonym statusie mieszańca;
- 4) molekularna weryfikacja zróżnicowania genetycznego odmian, stanowiących formy rodzicielskie w programach krzyżowań (metodą PCA i UPGMA) dla uzyskania cennych genotypów mieszańcowych;
- 5) poszukiwanie specyficznych fragmentów genomowych uczestniczących w regulacji ważnych cech użytkowych, w tym bezierniowości pędów oraz jakości owoców (identyfikacja sekwencji w celu wytypowania 2 markerów molekularnych dla wybranych cech użytkowych);
- 6) analiza składu chemicznego i jakości próbek owoców 10 wybranych genotypów pigwowca japońskiego;
- 7) ocena poziomu ploidalności/wielkości genomu metodą cytometrii przepływowej 20 wybranych form (genotypów) rodzicielskich;
- 8) analiza żywotności pyłku 15 wybranych form rodzicielskich pigwowca japońskiego na podstawie ich barwienia i kiełkowania na pożywkach z roztworem sacharozy (ocena na 10 kombinacjach krzyżowań);
- 9) ocena kiełkowania ziaren pyłku na znamieniu oraz wrastania łagiewek pyłkowych do poszczególnych elementów słupka po 24, 48 i 72 godzinach od zapylenia kwiatów;
- 10) ocena nasilenia występujących chorób powodowanych przez bakterie i grzyby patogeniczne (po 4 obserwacje w sezonie wegetacyjnym) na roślinach i owocowcach genotypów pigwowca japońskiego w hodowlanej kolekcji;
- 11) ocena występowania szkodników na roślinach i owocowcach genotypów pigwowca japońskiego w hodowlanej kolekcji (10 lustracji i monitoringu szkodników w roku).

Planowane na 2023 r. mierniki dla zadania 3.17.:

1. liczba kombinacji w wykonanym programie krzyżowań: 20
2. liczba zidentyfikowanych sekwencji, dla wytypowania markerów molekularnych: 2
3. liczba analizowanych genotypów pod względem składu chemicznego i jakości owoców: 10

4. liczba ocenionych cytometrycznie genotypów rodzicielskich: 20
5. liczba ocenionych genotypów rodzicielskich pod względem żywotności pyłku: 15
6. liczba monitorowanych zapyleń (ocena kiełkowania ziaren pyłku na znamieniu i przerastanie łagiewek pyłkowych przez słupek): 10
7. liczba lustracji występowania chorób patogenicznych powodowanych przez grzyby: 4
8. liczba lustracji występowania chorób patogenicznych powodowanych przez bakterie: 4
9. liczba lustracji roślin i owoców wykonanych w sezonie wegetacyjnym: 10