

# ZADANIE 43

## POSZUKIWANIE REGIONÓW DNA SPRZĘŻONYCH Z WAŻNYMI CECHAMI UŻYTKOWYMI (BEZKOLCOWOŚĆ, WIELKOŚĆ OWOCÓW, ZAWARTOŚĆ W OWOCACH EKSTRAKTU I KWASU ASKORBINOWEGO) U MALINY WŁAŚCIWEJ (*RUBUS IDAEUS* L.) POPRZEZ ANALIZĘ TRANSKRYPTOMÓW

**OKRES REALIZACJI BADAŃ: 2023**

**KIEROWNIK ZADANIA:**

dr Anita Kuras

e-mail: [anita.kuras@inhort.pl](mailto:anita.kuras@inhort.pl)

### ZESPÓŁ WYKONAWCÓW:

dr hab. Agnieszka Masny, dr hab. Stanisław Pluta, dr Sylwia Keller-Przybyłkiewicz,  
dr Mariusz Lewandowski, dr Marek Szymajda, dr Łukasz Seliga, mgr Jolanta Kubik,  
mgr Bogusława Idczak, mgr Agnieszka Walencik, mgr Renata Czarnecka,  
mgr Jarosław Kołodziejcki, Krystyna Strączyńska, Krzysztof Pęczak,  
Marzena Śnieguła, Katarzyna Skrzeczkowska,

**Instytut Ogrodnictwa –  
Państwowy Instytut Badawczy  
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3  
96-100 Skierniewice**



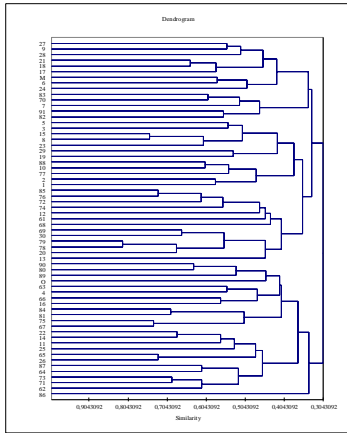
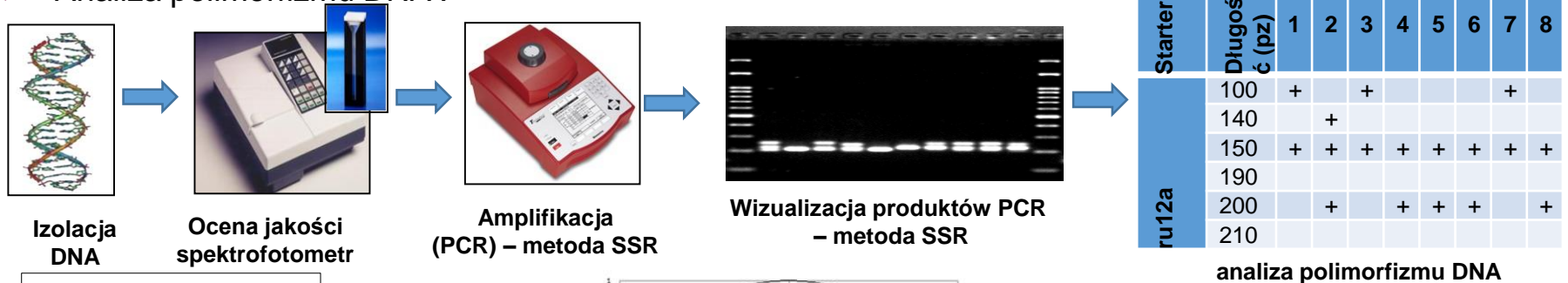
# CELE PROJEKTU

1. Ocena mieszańców populacji segregującej uzyskanej w wyniku krzyżowania dwóch zróżnicowanych genetycznie genotypów maliny (odmiany 'Heritage' i klonu M-258), pod względem wybranych cech fenotypowych, jak: kolczastość pędów (uwzględniająca ilość i „agresywność” kolców), sposób owocowania (letnie, jesienne, dwukrotne), wielkość owoców, zawartość w owocach ekstraktu i kwasu askorbinowego. **(temat badawczy 1)**
2. Wytypowanie specyficznych fragmentów EST genów o zróżnicowanej ekspresji, pozyskanych w wyniku sekwencjonowania transkryptomu (dwa sezony 2021 i 2022), jako potencjalnie sprzężonych z cechą bezkolcowości/kolcowości pędów oraz weryfikacja ich aktywności metodą qPCR. **(temat badawczy 2)**
3. Ocena polimorfizmu DNA roślin mieszańcowych pokolenia F1, należących do populacji: 'Heritage' × M-258 w regionie genomu warunkującego jakość owoców. **(temat badawczy 3)**

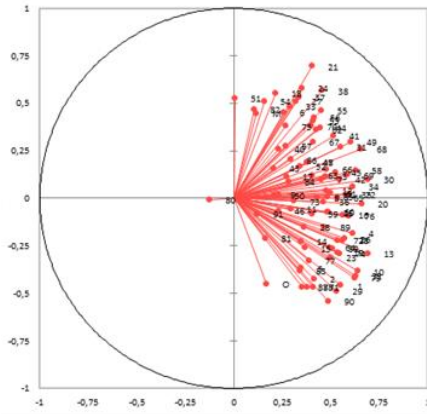
**Cele zostały osiągnięte.**

# MATERIAŁY I METODY

- Badaniom poddane zostały rosnące w doświadczeniu połowym siewki populacji segregującej ‘Heritage’ × M-258, odznaczającej się wysokim udziałem potomstwa charakteryzującego się brakiem lub małą „agresywnością” kolców, a także rośliny obu genotypów rodzicielskich.
- Wykonano indywidualną ocenę instrumentalną lub bonitacyjną wszystkich siewek i ich form rodzicielskich.
- Indywidualna ocena siewek i ich form rodzicielskich: oceniono stopień kolcowości pędów, sposób owocowania siewek i wielkość owoców, zawartość ekstraktu i kwasu askorbinowego w owocach po ok. 3 miesięcznym okresie ich przechowywania w stanie zamrożonym.
- Analiza polimorfizmu DNA .



**ocena pokrewieństwa (metoda Jaccarda/UPGMA).**



**Ocena pokrewieństwa analiza głównych składowych (PCA) (metoda Persona)**

# MATERIAŁY I METODY

## Weryfikacja regulacji wyłonionych DEG metodą RT-qPCR

**Materiał do badań walidacyjnych (NGS vs. RT-qPCR) stanowiły:** próbki liści, łodygi (kolcowa, bezkolcowa) oraz owoców (niedojrzały, dojrzały) odmiany 'Sokolica' i klonu IO-PIB M-258.

**Materiał do weryfikacji przydatności wyłonionych genów** stanowiły próbki łodyg skolekcjonowane z 10 wyselekcjonowanych siewek z populacji 'Heritage' x M-258



**Izolacja RNA**

Zestaw Qiagen  
/lub metoda  
Zeng&Yang  
2000



**Optymalizacja RT-qPCR,**  
gen ref. Ru18

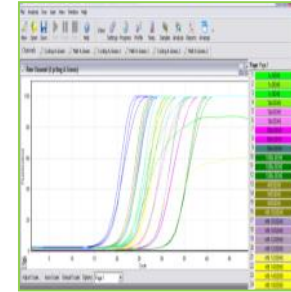
F: ACGTCATCCTCCGGCAAAGC

R: ACGACGAAGCTCGCAAGTACAC

**Profil termiczny:** 95°C/30s;

60°C/20s;

72°C/20s (40x)



Wytypowano 15 genów o rozpoznanej funkcji (A) i o zróżnicowanej ekspresji w porównywanych próbach roślinnych (do testów RT-qPCR zaprojektowano oligonukleotydy (B) (Primer3PRO))

CECHA	IDENTYFIKATOR GENU	FUNKCJA
kolcowość	Ro02_G35580	40S ribosomal protein S13
	Ro04_G22259	multidrug resistance protein
	Ro07_G33818	carbamoyl-phosphate synthase (large chain)
	Ro07_G33724	E3 ubiquitin-protein / ligase listerin
	Ro05_G31461	protein NRT1
	Ro05_G30988	alpha-galacturonidase
	Ro03_G31882	UDP-glycosyltransferase 87A2
jakość owoców	Ro01_G18506	CTP synthase 2
	Ro06_G09130	translation factor GUF1
	Ro06_G22473	S-receptor-like serine/threonine-protein kinase
	Ro07_G21423	non-specific lipid-transfer protein A
	Ro01_G01270	endochitinase
	Ro05_G30898	deoxypodophyllotoxin synthase
	Ro03_G10521	uncharacterized protein / białko o nieznannej funkcji
	Ro04_G36399	major strawberry allergen Fra 1-3

**A**

CECHA	SEKWENCJA 5'	SEKWENCJA 3'	GENY O ROZPOZNANEJ ADNOTACJI	WIELKOŚĆ PRODUKTU REAKCJI RT-QPCR
kolcowość	gaggagtgcacaaagc	ttctcacaatggccttcc	Ro05_G31461	229pb
	gtgattctcacgggattgct	actgggggaagcttcttgt	Ro02_G35580	259pb
	tctggaccagaaaaagatgg	acgaacttgctgatggttc	Ro05_G30988	186pb
	tctgttctctgttgcctt	agtgtttgatgctcccac	Ro04_G22259	217pb
	gacgcttcgaagctaatgg	tgtcctctgtggaatttcc	Ro07_G33724	224pb
	gcagagtctggcatgtccta	gtgtgacagagctgcagag	Ro04_G27733	217pb
	tcaatggttccaaaagcaca	aggcttttgggtgggaatct	Ro03_G31882	220pb
jakość owoców	atcgccacgacaagtacctc	tttgcgtcccaaatcttcc	Ro07_G33818	238pb
	aaagacgtttgccaagcact	cgttccattagccagaaa	Ro05_G30898	234pb
	agcagagacctcgtcacac	ctccataaccagggtttcca	Ro06_G22473	196pb
	gtgtagccatgttcacct	gacacattcacaggcctcct	Ro07_G21423	198pb
	ggtttggcacaactggagat	atggatattggctgatgga	Ro01_G01270	183pb
	tcctcagagttctgggatg	ctcaacccttgttgcaat	Ro03_G10521	193pb
	aggctctcgaaggagatggt	cccttggcatggtattcaact	Ro04_G36399	244pb
	tctccctgcaaaagaagaaa	tccatcgtcatgtcttgtt	Ro06_G09130	247pb

**B**

## **Temat badawczy 1: Indywidualna ocena cech fenotypowych roślin mieszańców maliny, należących do populacji segregującej wytypowanej do badań (około 100 pojedynków)**

- Wykazano duże zróżnicowanie badanych 103 genotypów należących do populacji segregującej 'Heritage' x M-258 pod względem: obecności i „agresywności” kolców na pędach i wielkości owoców.
- 46 genotypów zaklasyfikowano do grupy „jesiennych”, a więc owocujących na jednorocznych pędach.
- 25 genotypów odznaczało się owocowaniem na wierzchołkach bardzo wysokich, jednorocznych pędów, co pozwoliło zakwalifikować je do tzw. „dwupiętrowych”,
- 32 genotypy włączono do grupy „letnich”, owocujących na dwuletnich pędach, mimo że tylko u 7 z nich w sezonie 2023 zaobserwowano dojrzewające latem owoce
- 48 siewek wytworzyło owoce o wyższej masie jednostkowej od owoców obu form rodzicielskich.
- Owoce 43 siewek były bogatsze w ekstrakt niż owoce obu odmian rodzicielskich.
- Owoce 32 siewek zawierały więcej kwasu askorbinowego w porównaniu z owocami obu odmian rodzicielskich.
- Przeprowadzone obserwacje obecności i „agresywności” kolców na pędach wykazały duże zróżnicowanie badanych siewek, pędy bez kolców w środkowej i górnej części wytworzyły 44 genotypy (42,7% całej badanej populacji segregującej), z czego 38 roślin (36,9% populacji) wytwarzało pędy całkowicie pozbawione kolców, zaś na pędach 6 siewek (5,8% populacji) obserwowano pojedyncze i łagodne kolce tylko u nasady.
- W przypadku 31 genotypów (30,1% populacji) kolce na pędach były liczne i agresywnie, podobnie jak u odmiany rodzicielskiej 'Heritage'.



# WYNIKI (analizy bioinformatyczne i walidacyjne)

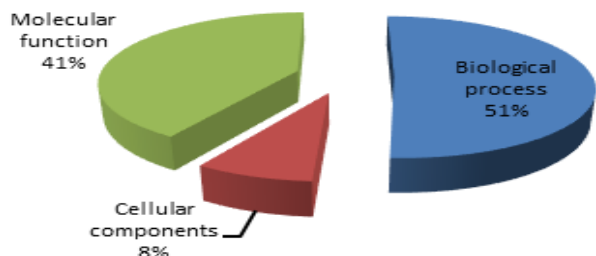
Temat badawczy 2: Weryfikacja regulacji wyłonionych DEG metodą RT-qPCR  
Analiza NGS (porównanie ‚Sokolica‘ vs. M-258) oraz analiza funkcjonalna (GO enrichment)

bezkolcowości pędów maliny, 265 775 DEG's

**Funkcja genów:**

procesy biologiczne - 135 268 DEG's,  
czynniki molekularne - 109 143 DEG's,  
składniki komórkowe - 21 364 DEG's.

Sokolica vs. M-258



jakości owoców maliny; 292 261 DEG's

**Funkcja genów:**

procesy biologiczne – 148 995 DEG's,  
składniki komórkowe - 24 391 DEG's,  
czynniki molekularne – 118 875 DEG's.

Sokolica vs. M-258



## WALIDACJA TYPU REGULACJI WYTYPOWANYCH DEG'S

**Cechy bezkolcowości pędów (8 genów)**

RNAseq = RT-qPCR (nadekspresja) - Ro03\_G31882,  
Ro03\_G31882, Ro07\_G33818, Ro07\_G33724,  
Ro05\_G3146.

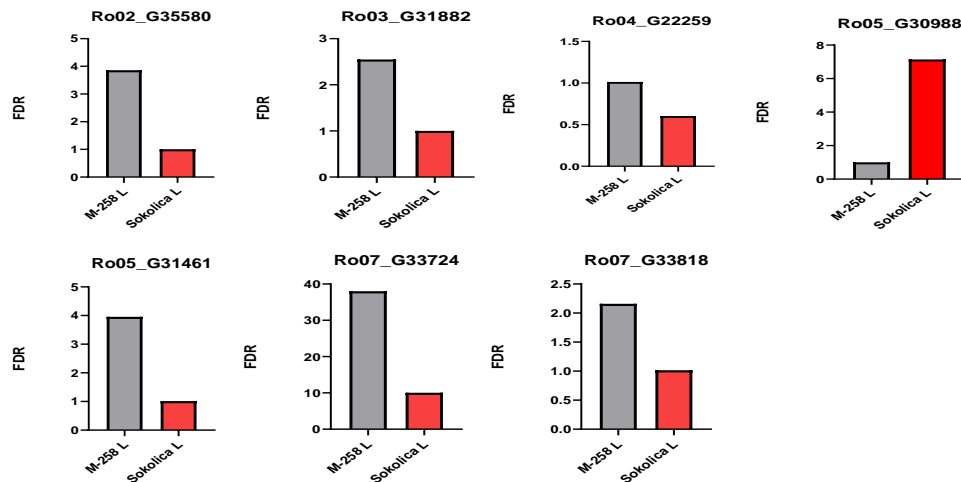
RNAseq ≠ RT-qPCR (nadekspresja ≠ inhibicja):

Ro02\_G35580, Ro04\_G22259,

RNAseq ≠ RT-qPCR (inhibicja ≠ nadekspresja):

Ro05\_G30988,

Ro01\_G18506 brak oczekiwanego produktu  
reakcji RT-qPCR.



# WYNIKI (walidacja DEG's metodą RT-qPCR- cd.)

## Walidacja typu regulacji wytypowanych DEG's (cd.)

### Cechy jakości owoców (7 genów)

RNAseq = RT-qPCR:

(**nadekspresja dojrzałe owoce**) - Ro01\_G01270,

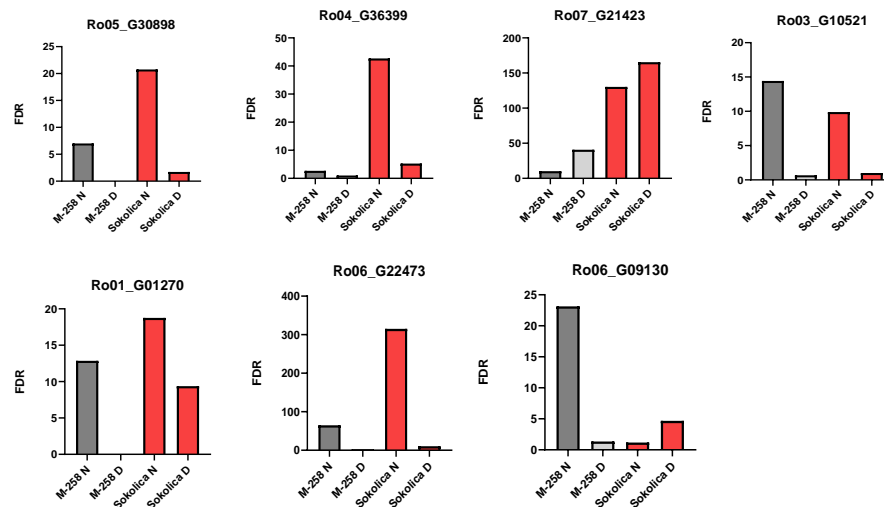
Ro04\_G36399, Ro07\_G21423, Ro05\_G30898,

Ro06\_G09130, Ro06\_G22473

RNAseq = RT-qPCR:

(**nadekspresja niedojrzałe owoce**) - Ro01\_G01270,

Ro04\_G36399, Ro05\_G30898 i Ro06\_G22473



## TESTY WALIDACYJNE PRZEPROWADZONE DLA GENOTYPÓW MIESZAŃCOWYCH ,HERITAGE' x M-258

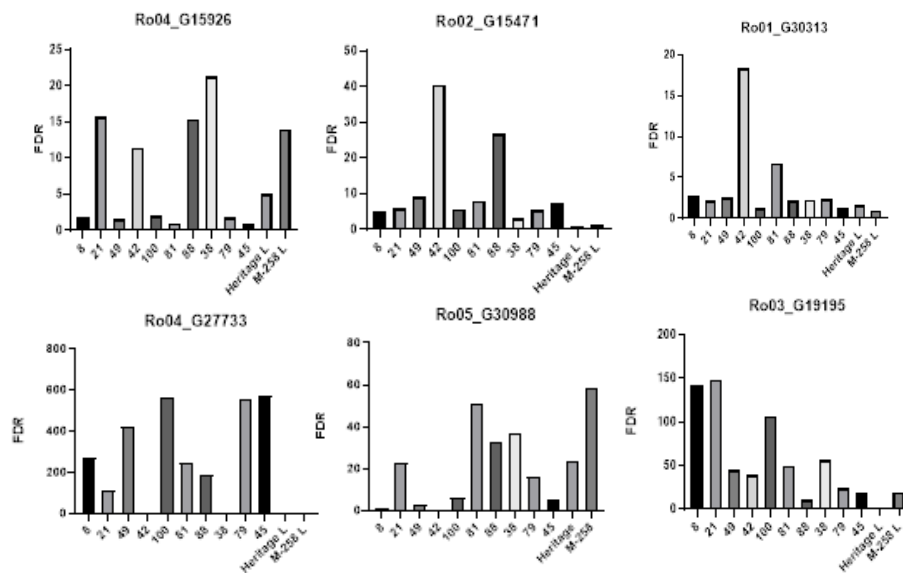
### 15 DEG's - z eksperymentu RNA-seq w latach 2021-2023

Ro04\_G15926, Ro02\_G15471, Ro01\_G30313, Ro04\_G27733, Ro05\_G30988, Ro03\_G19195 wykazują korelację między aktywnością genu a cechą kolcowości

Wysoka ekspresja dla genotypów o pędach z kolcami 42, 81, 88.

Ekspresja tych genów była wyższa w genotypach mieszańcowych w porównaniu do form rodzicielskich.

Odwrotną zależność dla genów: Ro04\_G24959, Ro06\_G18552 oraz Ro02\_G35580, Ro07\_G33818.

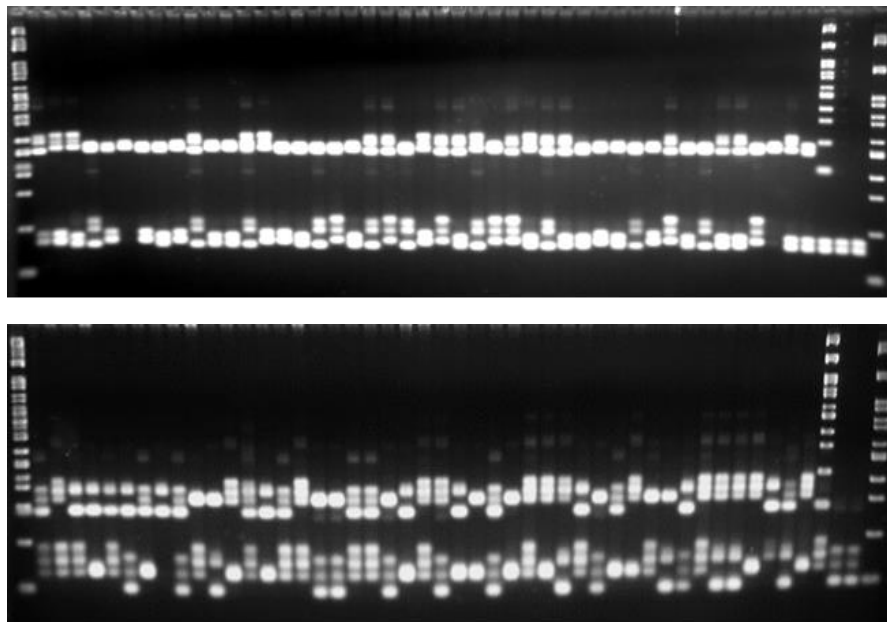


Przykładowe profile ekspresji wytypowanych genów

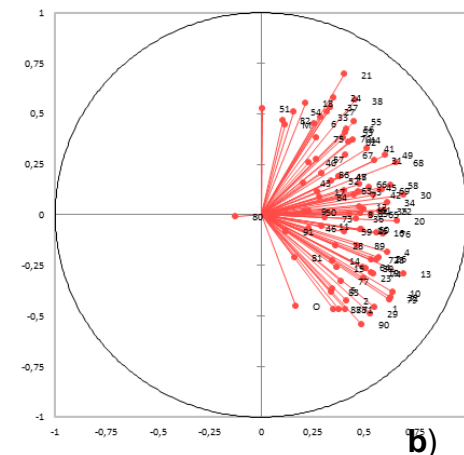
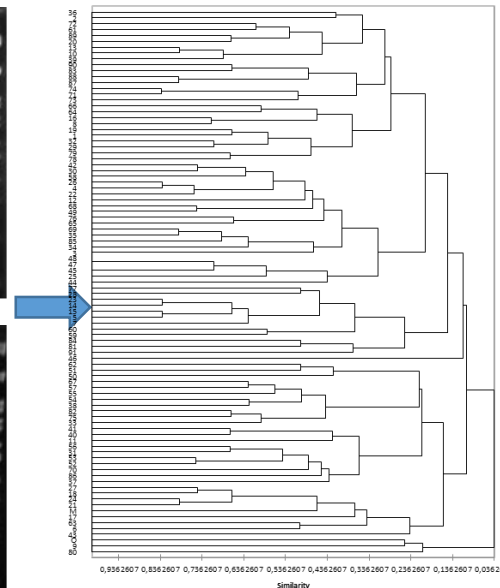
## Temat badawczy 3: Ocena polimorfizmu DNA roślin mieszańcowych pokolenia F<sub>1</sub>, należących do populacji 'Heritage' × M-258

Łącznie przeprowadzono 5 580 reakcji z 10 parami oligonukletydów, uzyskano 48 polimorficzne amplikony o długości od 100 do 390 pz.

Pokrewieństwo badanych genotypów maliny z populacji 'Heritage' × M-258, określone w oparciu o dane wygenerowane metodą SSR, kształtowało się na poziomie 36-83%. Do grupowania danych dotyczących pokrewieństwa badanych genotypów, zastosowano analizę głównych składowych (PCA). W wyniku której klonów podzielono na dwie grupy o większym podobieństwie genetycznym do jednej z form rodzicielskich użytych w krzyżowaniu.



Przykładowe elektroforegramy produktów amplifikacji metodą SSR na matrycach DNA z roślin



a)

Dendrogram obrazujący pokrewieństwo roślin należących do dwóch populacji: (a) 'Heritage' × M-258 oraz (b) analiza głównych składowych (PCA)



- ✓ Uzyskanie genotypów o dużych owocach i bezkolcowych pędach metodą tradycyjnej hodowli krzyżówkowej jest możliwe, jednak ich liczebność w populacji siewek w znacznym stopniu zależy od właściwego doboru form rodzicielskich do programów krzyżowań.
- ✓ Sporządzono bazę łącznie 558 036 adnotowanych genów o odmiennej aktywności w badanych odmianach / klonach maliny właściwej (*Rubus idaeus* L.).
- ✓ Dotychczas wyłonione geny nie wykazały jednoznacznie, stabilnej aktywności w badanych próbach, pochodzących z roślin zarówno kolcowych, jak i bezkolcowych.
- ✓ W wyniku przeprowadzonej oceny polimorfizmu DNA roślin mieszańcowych pokolenia populacji  $F_1$  'Heritage'  $\times$  M-258 w regionie genomu warunkującego jakość owoców nie potwierdzono skuteczności wytypowanych do badań markerów do selekcji genotypów o różnej wielkości owoców, istnieje konieczność kontynuacji badań.

# PREZENTACJA WYNIKÓW BADAŃ NA KONFERENCJI

Poster prezentowany podczas VI Zjazdu Polskiego Towarzystwa Nauk Ogrodniczych – Konferencja Naukowa pt. „Przyjazne środowisku ogrodnictwo w życiu współczesnego człowieka”, Olsztyn, 21-22 czerwca 2023 r., Streszczenia, s. 78.

## ANALIZA TRANSKRYPTOMU MALINY WŁAŚCIWEJ *RUBUS IDEAEUS*, DLA WYŁONIENIA GENÓW SPRZĘŻONYCH Z CECAMI JAKOŚCI OWOCÓW ORAZ BEZKOLCOWOŚCI PĘDÓW

Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, Anita Kuras, Agnieszka Walencik, Agnieszka Masny

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Konstytucji 3-go Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

### WSTĘP

Malina jest gatunkiem uprawianym w różnych regionach świata. Jej owoce, ze względu na zawartość związków bioaktywnych, m.in. związków fenolowych, antocyanów i elagitannin, wzbogacają dietę człowieka. Obecnie hodowla maliny skoncentrowana jest na wytworzeniu nowych odmian, charakteryzujących się wysoką plennością i atrakcyjnością owoców, zimotrwałością oraz bezkolcowością pędów.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja fragmentów EST genów sprzężonych z cechami jakości owoców (wielkością, zawartością ekstraktu oraz kwasu askorbikowego), uzyskanych z odczytów NGS transkryptomów maliny, a także ich anotacja funkcjonalna.

### MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny: świeże liście, łodygi bez kolców i z kolcem oraz owoce niedojrzałe i dojrzałe, skolekcjonowane z odmian i klonów: 'Glen Ample', M-258 (bezkolcowe, wytwarzają duże owoce) oraz 'Sokolica', M-164 (kolcowe, wytwarzają duże owoce).

### IZOLACJA RNA, WG ZENG I YANG 2000

Materiał do analiz molekularnych: całkowite RNA do sekwensovania *de novo*.

Bioinformatyczna analiza porównawcza odczytów sekwencji FASTQ bibliotek cDNA

1. Usunięcie adapterów Cutadapt
2. Mapowanie uzyskanych odczytów do genomu referencyjnego *Rubus occidentalis* v3.0. plik gff – Hisat2.
3. Wyszukiwanie sekwencji w bazie białkowej Uniprot, BLASTX | BLASTP
5. Kotcowe opracowanie wyników – pakiet edgeR

Weryfikacja typu regulacji genów metodą RT-qPCR

Materiał roślinny: 'Sokolica', 'Glen Ample', 'Laszka', 'Radziejowa', 'Autumn Treasure' oraz klonu IO-PIB: M-164

1. RNA – metoda transkrypcja do cDNA (Affinity): qPCR cDNA Superscript Synthetase Kit (Agilent)

2. RT-qPCR (Kapa StrybPCR (KapaBiosystems) (RotorGene 6009, Corbett)

3. W reakcji qPCR zastosowano pary starterów komplementarnych do sekwencji genu referencyjnego *Ru18S/18A* (F: ACGTATCCCTCCGGCAAGC; R: ACGGAAGCTCGCAAGTACAC (Wu i in. 2021) oraz genu badanego.

### WYNIKI

Analizę bioinformatyczną przeprowadzono dla matrycy zmapowanych do genomu referencyjnego *Rubus occidentalis*. W tabeli 1 zestawiono próbkę poddane mapowaniu do genomu referencyjnego oraz liczbę odczytów. Procent zmapowanych do genomu *Rubus occidentalis* v3.0 odczytów dla każdej z analizowanych próbek oszacowano w zakresie 85–87%. Rys. 1 przedstawia mapę kolorymetryczną genów o zróżnicowanej aktywności DEGs (warunkiem klasyfikacji była różnica zmiany liczby transkryptów LOG-FOLD CHANGE > 2).

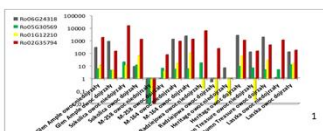
Tab. 1 'Sokolica' (łodyga kolcowa) vs M-258 (łodyga bezkolcowa).

NR	NAZWA PRÓBY	LICZBA PRZECZYTYW
1	GlenAmple-OD (owoc dojrzały)	22 218 452
2	GlenAmple-ON (owoc niedojrzały)	21 219 326
3	Glen Ample1 (łodyga bez kolców)	27 377 209
4	M-258 OD (owoc dojrzały)	25 061 110
5	M-258 ON (owoc niedojrzały)	24 480 822
6	M-164 OD (łodyga bez kolców)	20 907 399
7	M-164 ON (owoc dojrzały)	24 274 674
8	M-164 ON (owoc niedojrzały)	29 040 716
9	M-164 LK (łodyga kolcowa)	28 043 374
10	Sokolica-OD (owoc dojrzały)	26 760 187
11	Sokolica-ON (owoc niedojrzały)	28 911 127
12	Sokolica-LK (łodyga kolcowa)	26 199 842
<b>Suma</b>		<b>306 496 437</b>

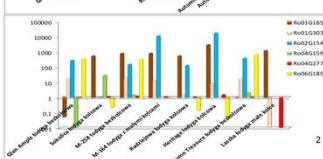
KEGG Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (GO enrichment)

51% anotowanych genów – grupa uczestnicząca w regulacji procesów biologicznych, 41% – funkcja molekularna, a 8% – genu kodujące białka komponentów komórkowych.

Razem na uzyskanych danych do dalszych badań weryfikacyjnych wytypowano 10 genów różnicujących ich badane odmiany pod kątem kolcowości pędów (6 genów) i jakości owoców (4 geny)



Wykres 1. Profil ekspresji genów regulujących jakość owoców, maliny, czerwonej, wylonionych w eksperymencie NGS.



Wykres 2. Profil ekspresji genów regulujących cechy kolcowości pędów maliny, czerwonej, wylonionych w eksperymencie NGS.

Wypytowane sekwencje mogą stanowić potencjalne markery funkcjonalne dla badanych cech, przydatne do wczesnej selekcji nowo wytworzonych genotypów maliny właściwej.

### LITERATURA

Zeng Y, Yang T 2012 RNA isolation from highly viscous samples rich in polyphenols and polysaccharides. Plant Molecular Biology Reporter, 29(6):417-422.

Wu Y, Zhang C, Yang H, Liu L, Li W, Wu W. 2021. Selection and validation of candidate reference genes for gene expression analysis by RT-qPCR in *Rubus*. 1. 2 of Molecular Sciences 22 (2021)



Abstrakt zamieszczony w materiałach konferencyjnych: VI Zjazd Polskiego Towarzystwa Nauk Ogrodniczych – Konferencja Naukowa pt. „Przyjazne środowisku ogrodnictwo w życiu współczesnego człowieka”, Olsztyn, 21-22 czerwca 2023 r., Streszczenia, s. 78.

## ANALIZA TRANSKRYPTOMU MALINY WŁAŚCIWEJ *RUBUS IDEAEUS*, DLA WYŁONIENIA GENÓW SPRZĘŻONYCH Z CECAMI JAKOŚCI OWOCÓW ORAZ BEZKOLCOWOŚCI PĘDÓW.

Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, Anita Kuras, Agnieszka Walencik, Agnieszka Masny.

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul Konstytucji 3-go maja 1/3, Skierniewice

Słowa kluczowe: *Rubus idaeus*, transkryptom, kolcowość pędów, jakość owoców

Malina jest gatunkiem uprawianym w różnych regionach świata. Jej owoce, ze względu na zawartość związków bioaktywnych m.in. związków fenolowych, antocyanów i elagitannin, wzbogacają dietę człowieka. Obecnie hodowla maliny skoncentrowana jest na wytworzeniu nowych odmian, charakteryzujących się wysoką plennością, zimotrwałością, atrakcyjnymi owocami oraz o pędach bezkolcowych.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja fragmentów EST genów sprzężonych z cechami kolcowości oraz jakości wewnętrznej owoców, uzyskanych z odczytów NGS transkryptomów maliny, a także ich anotacja funkcjonalna.

Materiał do eksperymentu NGS stanowiły próbki RNA z łodyg oraz owoców (niedojrzały, dojrzały), skolekcjonowane z roślin odmian: 'Sokolica' (odmiana o kolcowych pędach), 'Glen Ample' (odmiana bezkolcowa) oraz klonów IO-PIB: M-164 (wytwarza delikatne kolce) i M-258 (bezkolcowy). Dla przygotowanych preparatów sporządzono biblioteki cDNA a odczyty sekwencji zmapowano do referencyjnego genomu *Rubus occidentalis*. 51% anotowanych genów przypisano do grupy uczestniczących w regulacji procesów biologicznych, 41% - przypisano funkcję molekularną, a 8% zmapowanych sekwencji wykazało homologię do genów kodujących białka stanowiące komponenty komórkowe.

Z poszczególnych grup (na podstawie wartości krotności zmiany ekspresji – FoldChange LogFC > 2) wytypowano dziesięć genów. Sześć z nich różnicowało rośliny o kolcowych pędach, cztery różnicowały odmiany pod względem jakości wewnętrznej owoców. Weryfikację typu regulacji aktywności wylonionych genów (metoda RT-qPCR) przeprowadzono na matrycach cDNA odmian kolcowych 'Sokolica', 'Laszka', 'Radziejowa', 'Heritage' i klonu M-164 oraz bezkolcowych: Glen Ample', 'Autumn Treasure' i klonu M-258 (kolcekcja IO-PIB). W reakcji RT-qPCR zastosowano referencyjny gen 18S rRNA o sekwencji oligonukleotyduowej określonej dla rodzaju *Rubus*.

W przeprowadzonych testach, wysoka aktywność genu Ro02G35794 (koduje syntazę kofeiny 3) odnotowano dla odmian produkujących wysokiej jakości duże i smaczne owoce, natomiast dla genów o anotacjach: Ro06G24318 (czynnik transkrypcyjny, funkcja molekularna), Ro02G15471 (funkcja molekularna) oraz Ro01G18506 (koduje syntazę CTP) oszacowano wysoką aktywność w łodygach roślin bezkolcowych.

Wypytowane sekwencje mogą stanowić markery funkcjonalne dla badanych cech, przydatne do wczesnej selekcji nowo wytworzonych genotypów maliny właściwej.

Prezentowane wyniki uzyskano w ramach badań na rzecz postępu w produkcji roślinnej, finansowanych przez MRiRW - zadanie 43.

