

ZADANIE 47

Badania nad możliwością wytworzenia nowych genotypów owocowych drzew pestkowych z wykorzystaniem hybrydyzacji oddalonej w rodzaju *Prunus*

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji – 2024

KIEROWNIK ZADANIA 47

dr inż. Marek Szymajda

e-mail: Marek.Szymajda@inhort.pl

Wykonawcy:

dr Anita Kuras, dr hab. Agnieszka Masny, prof. dr hab. Stanisław Pluta, dr Łukasz Seliga, dr Mariusz Lewandowski, dr Sylwia Keller-Przybytkowicz, mgr Jolanta Kubik, mgr Bogusława Idczak, mgr Renata Czarnecka, dr Anna Poniatońska, Szymon Trzaska, Agnieszka Skrocka, Katarzyna Kowalczyk, Patrycja Rakowska, Leszek Skorupiński

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



CELE PROJEKTU

W 2024 r. realizowano cztery tematy badawcze, których celem było:

- ✓ **Ocena owocowania wybranych siewek mieszańcowych śliwy japońskiej moreli i ałyczy w warunkach klimatycznych Polski Centralnej dla wytypowania najbardziej wartościowych pojedynków (*temat badawczy 1*)**
- ✓ **Ocena przezimowania pąków kwiatowych u wybranych mieszańców w warunkach polowych (*temat badawczy 2*)**
- ✓ **Określenie stopnia podatności wybranych siewek mieszańcowych śliwy japońskiej, moreli i ałyczy na brunatną zgniliznę drzew pestkowych poprzez ich sztuczną inokulację (*temat badawczy 3*)**
- ✓ **Ocena przydatności markerów molekularnych do selekcji mieszańców ałyczy, śliwy japońskiej i moreli pod kątem ich tolerancji/podatności na brunatną zgniliznę drzew pestkowych (*temat badawczy 4*)**

**Tematy zrealizowano zgodnie z harmonogramem,
a cele osiągnięto**

MATERIAŁY I METODY

1. Oceniono wybrane cechy biologiczne 200 siewek mieszańcowych pokolenia F₁ oraz uzyskanych ze zmodyfikowanych krzyżówek wstecznych
2. Oceniono wytrzymałość pąków kwiatowych 20 mieszańców na niskie ujemne temperatury w warunkach polowych
3. Oceniono tolerancję/podatność wybranych siewek mieszańcowych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych (*Monilinia* spp.) (15 genotypów/rok)
4. Oceniono przydatności markerów do selekcji MAS siewek mieszańcowych pod kątem tolerancji/podatności na brunatną zgniliznę drzew pestkowych



WYNIKI

Temat badawczy 1

- ✓ Łącznie zakwitło 192 siewek mieszańcowych, czyli 96,0% ocenianej populacji, z których zaowocowało 139 mieszańców (69,5%).
- ✓ Wyróżniającą populacją były siewki pochodzące z krzyżowania genotypów 'Najdiena' i 'Blue Gigant' [(śliwa japońska × ałycza) × śliwa japońska].
- ✓ Atrakcyjne owoce wytwarzały też siewki uzyskane ze skrzyżowania śliwy japońskiej i moreli. Niektóre pojedynki w tej populacji siewek wytwarzały owoce o masie ponad 60 g oraz owocowały na zadawalającym poziomie. W populacji tej znajdowały się też genotypy wytwarzające atrakcyjne owoce o ciemnym wybarwieniu skórki.
- ✓ Dobrym owocowaniem odznaczały się też siewki uzyskane ze skrzyżowania ałyczy 'Amelia' i moreli 'Sirena' lub 'Early Orange'. Niektóre z tych siewek owocowały dość dobrze pomimo wystąpienia przymrozków wiosennych. Niestety wytwarzane przez te siewki owoce były niewielkie i mało atrakcyjne.



Owoce mieszańca
[(śliwa japońska × ałycza) × śliwa japońska]



Owoce mieszańca
(śliwa japońska × morela)



Owoce mieszańca
(ałycza × morela)

WYNIKI

Temat badawczy 1

- ✓ Siewki uzyskane ze skrzyżowania ałyczy 'Amelia' i moreli 'Sirena' lub 'Early Orange' wytwarzały na ogół owoce koloru żółtego z czerwonym rumieńcem. Miąższ dość słabo oddzielał się od pestki. Siewki te wchodziły nieco później w okres owocowania niż siewki uzyskane ze skrzyżowania mieszańca 'Najdiena' i śliwy japońskiej 'Blue Gigant'.



Owoce mieszańca
(ałczy × morela)

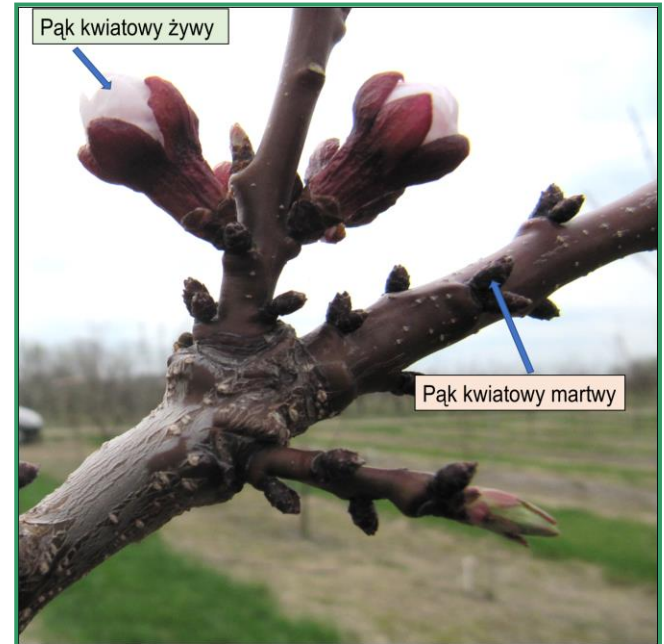
Wnioski

1. Siewki mieszańcowe śliwy japońskiej i ałczy oraz ałczy i moreli są bardziej płodne niż mieszańce śliwy japońskiej i moreli, w wyniku czego owocują intensywniej.
2. Duża część siewek mieszańcowych śliwy japońskiej i moreli wykazuje nieprawidłowości w rozwoju kwiatów, co wskazuje na ich zaburzenia genetyczne spowodowane słabą kompatybilnością genetyczną krzyżowanych form rodzicielskich.
3. Owocowanie siewek mieszańcowych śliwy japońskiej, moreli i ałczy w dużym stopniu zależy od gatunków, do których należą krzyżowane formy rodzicielskie..
4. Najlepszymi cechami fenotypowymi odznaczyły się siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów 'Najdiena' i 'Blue Gigant' [(śliwa japońska × ałczy) × śliwa japońska].

WYNIKI

Temat badawczy 2

- ✓ Wiosną w fazie nabrzmiewania pąków kwiatowych, oceniono uszkodzenia pąków kwiatowych przez zimowe niskie ujemne temperatury. W trakcie oceny pąki kwiatowe dzielono na dwie grupy: nabrzmiewające (żywe, czyli nieuszkodzone)
- ✓ Wiosną wykonano też ocenę wpływu uszkodzeń pąków kwiatowych na kwitnienie drzew, a latem oceniono owocowanie siewek



Wnioski

1. Uzyskane mieszańce ałyczy i moreli mają większą wytrzymałość pąków kwiatowych na niskie ujemne temperatury zimowe niż kontrolne odmiany moreli.
2. Odmiana ałyczy 'Amelia' jest dobrym donorem genów zwiększających wytrzymałość pąków kwiatowych u mieszańców ałyczy i moreli..



WYNIKI

Temat badawczy 3

- ✓ Wykonano ocenę porażenia kwiatów i owoców przez *Monilinia fructicola*, *M. laxa*, *M. fructigena* i *M. polystroma* (brunatna zgnilizna drzew pestkowych) dla 15 siewek mieszańcowych śliwy japońskiej, łączy i moreli.

Wnioski

1. Siewki mieszańcowe śliwy japońskiej, moreli i łączy są w różnym stopniu porażane przez grzyby rodzaju *Monilinia*.
2. Wśród testowanych genotypów MMG 2015/22/30, MMG 2015/22/39, MMG 2015/22/41, MMG 2015/22/50 wykazały niską podatność zarówno kwiatów i owoców na infekcję powodowaną przez grzyby rodzaju *Monilinia* potwierdzoną w czasie trzyletnich badań.
3. Istnieje konieczność przeprowadzenia testów dla genotypów ocenianych wyłącznie w bieżącym roku.



Genotyp podatny
2015/23/5



WYNIKI

Temat badawczy 4

- Łącznie przeprowadzono 900 reakcji amplifikacji z 20 parami starterów na matrycy DNA z 15 roślin mieszańcowych.
- W reakcji amplifikacji z testowanymi oligonukleotydami uzyskano 81 polimorficznych amplikonów o długości od 90 do 380 pz.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT001, zlokalizowanym na LG2, obserwowano allele o długości 110 pz tylko u 3 z czterech analizowanych mieszańców podatnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych, natomiast fragment o długości 120, 130, 140 i 170 pz występował na matrycy DNA roślin tolerancyjnych i podatnych.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT011, zlokalizowanym na LG2, obserwowano fragment o długości 200 pz tylko u genotypów tolerancyjnych, ale u dwóch z siedmiu testowanych oraz fragment o długości 210 pz tylko u genotypów podatnych i wysoce podatnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem RPPG1-032, zlokalizowanym na LG1, oraz RPPG6-009 zlokalizowanym na LG6, obserwowano odpowiednio fragment o długości 210 oraz 180 pz tylko u genotypów tolerancyjnych, ale u trzech oraz dwóch z siedmiu testowanych.
- W reakcji amplifikacji z parą starterów UDAp-021, marker zlokalizowany na LG2, obserwowano fragment DNA o długościach 110 pz na matrycy DNA tylko u roślin podatnych i wysoko podatnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych, ale nie u wszystkich testowanych.
- W reakcjach amplifikacji z pozostałymi szesnastoma oligonukleotydami uzyskane wyniki niestety nie są znacząco skorelowane z badaną cechą, ponieważ allele występują zarówno u genotypów tolerancyjnych, jak i niektórych wrażliwych/podatnych.

WYNIKI cd.

Fragment tabeli przedstawiający profile genetyczne uzyskane w reakcji z parą starterów BPPCT001, metodą SSR dla 15 genotypów mieszańcowych z rodzaju *Prunus*

NAZWA STARTERA	DŁUGOŚĆ (pz)	ANALIZOWANE GENOTYPY														
		2015/22/30	2015/22/39	2015/22/41	2015/22/50	2015/23/1	2015/23/5	2016/27/17	2016/27/18	2016/27/21	2016/27/24	2016/29/7	2016/29/16	2017/35/3	2017/35/5	2017/40/8
		T	T	T	T	T	WP	WP	P	P	P	T	P	P	T	P
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
BPPCT001	110								+	+	+					
	120		+	+	+	+						+	+	+	+	
	130	+	+		+		+	+		+	+					
	140						+									
	150					+			+			+	+		+	
	170															+
	180									+	+					

Wnioski

1. Badane markery (dziewiętnaście par oligonukleotydów) do weryfikacji siewek mieszańcowych pod względem tolerancji/podatności na grzyby z rodzaju *Monilinia* nie są znacząco skorelowane z badaną cechą. Istnieje zatem konieczność kontynuowania badań w kolejnych latach realizacji projektu.

