

Zadanie nr 3.14 – Wytworzenie materiałów wyjściowych podkładek wegetatywnych dla jabłoni (*Malus Mill.*) odpornych na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni, wytrzymałych na niskie ujemne temperatury oraz bezciernistych.

Kierownik zadania: dr inż. Sylwia Keller-Przybyłkiewicz

Cel zadania:

- 1) Wytworzenie cennych materiałów wyjściowych podkładek wegetatywnych dla jabłoni odpornych na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni (*Phytophthora cactorum*) oraz wytrzymałych na niskie ujemne temperatury i charakteryzujących się brakiem cierni;
- 2) Opracowanie markerów opartych na analizie sekwencji genomowych oraz ocenie stopnia zróżnicowania poziomu ich ekspresji, przydatnych do monitorowania ww. cech i selekcji najcenniejszych genotypów podkładek dla jabłoni.

Zakres rzeczowy zadania i przyjęte cele w 100% zrealizowano zgodnie z założeniami na 2025 rok.

Wykonano 7 kombinacji krzyżowań, zapyłono 910 kwiatów, zebrano 109 owoców i wydobyto 273 nasiona; wyprodukowano w szklarni/ kontynuowano uprawę w polu 543 siewek; w mateczniku selekcyjnym oceniano 4 182 siewki; rozmnożono 4 pojedynki wyselekcjonowane w poprzednim roku; oceniano 236 klonów selekcyjnych; prowadzono 1 doświadczenie podkładowo-odmianowe i 1 doświadczenie demonstracyjno-wdrożeniowe. W warunkach kontrolowanych *in vitro* (chłodnia/fitotron) utrzymywane są także kultury roślinne podkładek P 66, P 68 i PJ-173/2012, a w roku bieżącym dodatkowo zainicjowano kultury dla podkładek PJ-173/2012 i PJ-191/2016. W przypadku podkładki PJ-191/2016 ze względu na obumieranie zregenerowanych roślin, materiałów w kulturach *in vitro* nie udało się ustabilizować.

Do oceny zróżnicowania genetycznego, z wytypowanych podkładek dla jabłoni tj: PJ-173/2012, PJ-191/2016, P 59, P 60, M.9, skolekcjonowano próbki młodych liści. Z pobranej tkanki wyizolowano materiał genetyczny DNA oraz RNA. W analizie UPGMA i PCA badaną pulę podkładek dla jabłoni pogrupowano w cztery klastry, a zróżnicowanie genetyczne badanych roślin oszacowano na poziomie 49,97%. Dla najbardziej perspektywicznych klonów podkładek sporządzono metki genetyczne (DNA *fingerprinting*).

Kontynuowano doświadczenie, w ramach, którego podkładki poddano inokulacji grzybem *Phytophthora cactorum*. Z korzeni roślin podkładek P 60, P 59, PJ-191/2016, PJ-173/2012 i M.9 - kontrolnych oraz 48 i 72 godziny od inokulacji *P. cactorum* pobrano próby, z których wyizolowano całkowite RNA. Uzyskane matryce poddano sekwencjonowaniu celem analizy porównawczej różnicowych genów aktywowanych pod wpływem stresu biotycznego. W eksperymencie RNAseq zidentyfikowano 35 240 genów o zróżnicowanej aktywności, z których 17 037 było regulowanych w górę, UP, a 18 052 - regulowanych w dół, Down. Po przeprowadzeniu analizy GO enrichment i mapowania bazy szlaków metabolicznych KEGG do badań weryfikacyjnych profili ekspresji wyłoniono geny kandydujące (przypisane do ontologii – roślinne mechanizmy obronne) o identyfikatorach: LOC114825052 (koduje 6-fosfofruktokinazę 2 zależną od ATP) oraz LOC103425072 (koduje elongazę kwasów tłuszczowych (FAE)). Na podstawie obliczenia liczby transkryptów, zaobserwowano, że poziom ekspresji badanych genów kandydujących zależny był, zarówno od wprowadzonego do badań genotypu jak i postępu (czasu trwania) choroby. Dodatkowo sporządzono profile ekspresyjne genów o identyfikatorach MDP312901 i MDP247173 (koduują białka integracyjne ściany komórkowej), zaangażowane w regulację odpowiedzi badanych roślin na stres abiotyczny (mróz).

Dla genu MDP312901 istotnie wysoki poziom ekspresji zaobserwowano w próbach korzeni podkładek PJ-173/2012, PJ-191/2016, P 59 i P 60. Ponadto, niemal 50-krotny wzrost liczby transkryptu genu MDP247173 w odniesieniu do kontrolnej podkładki M.9 oszacowano w próbach korzeni podkładek PJ-191/2012, P 59 i P 60. Ocena aktywności wytypowanych do badań markerów funkcjonalnych związanych z regulacją badanych cech podkładek dla jabłoni, pozwoliła na wstępne rozpoznanie procesów obronnych badanych roślin i wykazanie przydatności przypuszczalnych markerów funkcjonalnych do wczesnej selekcji nowo wytworzonych materiałów wyjściowych oraz monitorowania ważnych cech użytkowych podkładek dla jabłoni.

W ramach zadania 3.14 w 2025 r. wykonano następujące prace:

- 1) **utrzymanie roślin w formie wegetatywnych kolekcji polowych, w karkasach, tunelach foliowych, kulturach *in vitro* oraz w kriobankach zgodnie z normami międzynarodowymi;**

Utrzymywano 4 182 siewki w polowym mateczniku selekcyjnym oraz 236 klonów selekcyjnych podkładek wegetatywnych dla jabłoni w polowej kolekcji klonów.

W warunkach kontrolowanych *in vitro* (chłodnia/fitotron) utrzymywane są pędy podkładek P 66 P 68 i PJ-173/2012 materiał jest sukcesywnie przekazywany do doświadczeń polowych IO-PIB.

2) dobór form rodzicielskich do krzyżowań w oparciu o ich cechy fenotypowe, testy laboratoryjne i molekularna ocena stopnia pokrewieństwa metodami SSR-PCR oraz przy zastosowaniu programów statystycznych przeznaczonych do analizy skupień PCA i UPGMA;

Oceniono siłę wzrostu roślin, porę i intensywność kwitnienia, porę dojrzewania owoców, plenność drzew, wielkość i masę owoców, podatność drzew na choroby (parch jabłoni, mączniak jabłoni, zaraza ogniowa). Ocenianymi podkładkami były: M.7, M.9, M.9 Pajam 1, M.9 Pajam 2, M.9 RN 29, M.9 T.337, M.26, MM.106, 'Jork 9', 'Mark', 'Bemali', CG 11, CG 13, CG 16, CG 41, P 59, P 60, P 66, P 67, P 68, B 9, PB-4, Supporter 1vf, Supporter 2vf i Supporter 3vf.

Na podstawie analizy profili DNA (PCA i UPGMA), wytypowane do badań genotypy wegetatywnych podkładek dla jabłoni zgrupowano w cztery klastry, a zróżnicowanie genetyczne badanych roślin oszacowano na poziomie 49,97%. Najbardziej zbliżone genetycznie (podobieństwo na poziomie 98%) były podkładki CG 11 i CG 41. Podobnie wysoki stopień genetycznego podobieństwa oszacowano również między podkładkami Pajam 1 i M.9 (65%), PB-04 i B.9 (85%) oraz Supporter 1vf i Supporter 3vf (87%). Nasze obserwacje sugerują, że badane obiekty mają wyraźną strukturę genetyczną, która jest stabilna i niezależna od przyjętej metody grupowania.

3) wykonywanie programów krzyżowań (7 kombinacji) oraz zbiór owoców, pozyskiwanie i wysiew nasion;

Wykonano 7 kombinacji krzyżowań z użyciem 10 form rodzicielskich (P 22, CG 41, M.9, B 9, 'Mark', 'Jork 9', 'Bemali', Supporter 1vf, Supporter 2vf i Supporter 3vf), zapylono 910 kwiatów. Do zapyleń włączono słabo rosnące podkładki CG 41, B 9 oraz 'Bemali', odporne na zarazę ogniową, mączniaka jabłoni i zgniliznę pierścieniową podstawy pnia oraz charakteryzujące się brakiem cierni wytrzymałością na mróz. Zebrano 109 owoców, z których po przechłodzeniu w chłodni (+2°C, 2-3 tygodnie) wydobyto łącznie 273 nasiona. Zebrane nasiona umyto, wysuszone, odkażono 0,5% roztworem fungicydu Aliette 80 WG (moczenie przez 48 godz.) i poddano stratyfikacji polegającej na umieszczeniu ich w wilgotnym, płukanym piasku w perforowanej torebce foliowej i przetrzymywaniu w temperaturze około +5°C.

4) produkcja siewek w szklarni i sadzenie siewek w polowej kwaterze selekcyjnej;

W szklarni prowadzono uprawę 543 siewek podkładek jabłoni, wyprodukowanych z nasion otrzymanych w roku 2024. Siewki posadzono w doniczkach plastikowych i umieszczono na parapecie w szklarni ze zmienną temperaturą (dzień +22°C, noc +18°C), przy zapewnieniu 16-to godzinnego dnia. W drugiej połowie maja siewki te posadzono w mateczniku selekcyjnym, w którym prowadzono zabiegi ochrony roślin i zabiegi pielęgnacyjne: nawożenie, nawadnianie, odchwaszczanie.

5) pielęgnacja, ocena i selekcja pozytywna w obrębie populacji siewek (oznaczanie pojedynków będących nośnikami pożądanых cech);

Kontynuowano uprawę i pielęgnację oraz wykonano ocenę siły wzrostu i zdrowotności 4 182 siewek wyprodukowanych w latach 2009-2024, rosnących w mateczniku selekcyjnym. Prowadzono zabiegi ochrony roślin i zabiegi pielęgnacyjne: nawożenie, nawadnianie, odchwaszczanie, obsypywanie podkładek. Jesienią oceniono zdolność ukorzenienia wyrastających pędów wg. skali: 1 – brak korzeni, 5 – bardzo dobre ukorzenienie. Wyselekcjonowano 5 pojedynków [PJ-241/2025 (PJ-2022-07 – B 9 x 'Bemali'), PJ-242/2025 (PJ-2022-07 – B 9 x 'Bemali'), PJ-243/2025 (PJ-2022-07 – B 9 x 'Bemali'), PJ-244/2025 (PJ-2023-01 – CG 41 x 'Supporter 3vf'), PJ-245/2025 (PJ-2023-01 – CG 41 x 'Supporter 3vf')] o wysokiej zdolności ukorzeniania, tworzących wzniesione i bezierniste lub nieznacznie cierniste pędy.

6) rozmnażanie tradycyjne i *in vitro* wyselekcjonowanych pojedynków dla założenia kolekcji klonów w celu ich dalszej oceny pod kątem poziomu pożądanых cech;

Rozmnożono metodą tradycyjną 4 pojedynki [PJ-237/24 (PJ-2020-02 – CG 41 x 'Supporter 2vf'), PJ-238/24 (PJ-2019-05 (1) – CG 41 x 'Supporter 3vf'), PJ-239/24 (PJ-2019-05 (2) – CG 41 x 'Supporter 3vf'), PJ-240/24 (PJ-2018-04 – CG 41 x M.9)] o wysokiej zdolności ukorzeniania, tworzących wzniesione i bezierniste lub nieznacznie cierniste pędy.

Ponadto, z wyselekcjonowanych roślin podkładek PJ-173/2012 i PJ-191/2016 pobrano (w 3 terminach) łącznie 357 eksplantatów dla potrzeb ich rozmnożenia i utrzymania w kulturach *in vitro*. Sukcesywnie, co 4 tygodnie prowadzone są pasaże oraz selekcja najlepszych (niezakażonych) pędów celem stabilizacji kultur. W przypadku podkładki PJ-191/2016, kultu tkankowych nie udało ustabilizować z uwagi na silny przerost tkanki przyrannej (kalusa) i jej obumieranie.

7) ocena wartości produkcyjnej klonów selekcyjnych i rozmnożenie najcenniejszych genotypów (5 genotypów);

Oceniano podstawowe parametry szkółkarskie 236 podkładek w kolekcji klonów: wysokość i średnicę pędów, liczbę cierni oraz zagęszczenie węzłów. Wszystkie badane podkłady ukorzeniały się na podobnym poziomie, a bezierniste pędy dawało 5 klonów: PJ-165/2011 (M.26 x 'Pajam 2'), PJ-168/2011 (M.9 x 'Bemali'), PJ-173/2012 (BW x 'Pajam 1'), PJ-191/2016 ('Jork 9' x 'Bemali') i PJ-225/21 ('CG 41' x 'B 9'). Klony te rozmnożono w Belgii.

8) szczegółowa ocena wartości produkcyjnej najbardziej wartościowych genotypów w doświadczeniach porównawczych, z możliwością zgłoszenia ich do badań rejestrowych COBORU, jako potencjalne nowe podkłady wegetatywne dla jabłoni, z uwzględnieniem badań molekularnych (molekularna weryfikacja tożsamości genetycznej i statusu zdrowotności mieszańców pod kątem chorób wirusowych);

Prowadzono doświadczenie porównawcze z 2 klonami podkładek dla jabłoni: PJ-191/2016 i PJ-173/2012, standardowa podkładka M.9 i odmianami standardowymi 'Szampion' i 'Gloster'.

Dla ww. kombinacji oceniono intensywność kwitnienia, wielkość plonu i masę 1 owocu oraz siłę wzrostu drzew (wyrażoną jako pole przekroju poprzecznego pnia). Rosnące na podkładkach PJ-173/2012 i PJ-191/2016 drzewa odmiany standardowej 'Szampion' kwitły najintensywniej. Najwyższy plon otrzymano dla odmiany 'Szampion' na podkładce PJ-173/2012, zaś największe owoce dla odmiany 'Gloster' na podkładce PJ-173/2012. W ocenianym sezonie badawczym drzewa obu odmian standardowych ('Szampion' i 'Gloster') rosły najsilniej na podkładce PJ-191/2016, nieco słabiej na podkładce PJ-173/2012, zaś najsłabiej na podkładce standardowej M.9. Kontynuowano procedurę uzupełniania metek identyfikacyjnych (DNA *fingerprinting*) dla podkładek PJ 173/2012 i PJ-191/2016, wytypowanych do zgłoszenia rejestrowego COBORU.

9) testowanie wartościowych genotypów pod względem tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne w warunkach kontrolowanych (sztuczne przemrażanie roślin, wstępna ocena fenotypowa i molekularna roślin inokulowanych *Phytophthora cactorum* (sprawca zgnilizny podstawy pnia jabłoni)) – w ramach doświadczenia rozpoczętego w 2022 roku, kopia doświadczenia przygotowana w 2023 (tunel).

W bieżącym roku, w tunelu, przygotowano rośliny podkładek (w tym kopia doświadczenia z 2023 r.) PJ-173/2012, PJ-191/2016, M.9, P 59, P 60, które poddano inokulacji zarodnikami *Phytophthora cactroum*. Z materiału kontrolnego oraz infekowanego, który kolekcjonowany był w punktach czasowych: przed inokulacją, 48, 72 i 120 godzin po inokulacji, dla potrzeb przeprowadzenia nowego cyklu analiz RNAseq i rozpoznania sekwencji genów o różnicowej ekspresji, potencjalnie aktywowanymi pod wpływem czynnika biotycznego.

Do rozpoznanych sekwencji genów wyłonionych w wyniku analizy porównawczej RNAseq (opis pkt. 11) zaprojektowano specyficzne oligonukleotydy (o nazwach własnych, ATP-6phFrKin oraz FAE) dla reakcji PCR w czasie rzeczywistym (primer 3. <https://www.primer3plus.com/>). Dodatkowo w celu oceny statusu tych samych roślin pod kątem rozpoznania molekularnego mechanizmu tolerancji tkanek korzeni na mróz, wytypowano dwa markery funkcjonalne (pochodzą z bazy sekwencyjnej RNAseq skolekcjonowanej w PGiHRS dla podkładek wzorcowych: M.9 i P 68) o identyfikatorach MDP312901 i MDP247173 (kodują białka integracyjne ściany komórkowej).

Bazując na uzyskanych profilach ekspresji wytypowanych genów sporządzonych dla podkładek o zróżnicowanym statusie odporności na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni, zaobserwowano, że liczba transkryptów wytypowanych do badań genów kandydujących zależna była, zarówno od badanego genotypu podkładki jak i postępu (czasu trwania) choroby. W przypadku podkładek M.9 oraz PJ-191/2016 odnotowano najwyższy poziom ekspresji genu FAE w tkankach korzeni skolekcjonowanych 48 i 72 godziny od zakażenia *P. cactorum*. W przypadku genu ATP-6phFrKin bardzo istotny wzrost aktywności zaobserwowano w tkankach korzeni podkładki P 59, skolekcjonowanych 48 godzin po inokulacji.

W ramach badań molekularnych w kierunku oceny aktywności genów regulujących odpowiedź roślin na stres abiotyczny (mróz) opracowano profile ekspresji dla sekwencji genów MDP312901 i MDP247173 (kodują białka integracyjne ściany komórkowej). Dla genu MDP312901 istotnie wysoki poziom ekspresji zaobserwowano w próbach korzeni podkładek PJ-173/2012, PJ-191/2016, P 59 i P 60 oraz w próbach liści podkładek PJ-173/2012 i P 59. Dla genu MDP247173 w próbach korzeni podkładek PJ-191/2016, P 59 i P 60 oszacowaliśmy niemal 50-krotny wzrost liczby jego transkryptu w odniesieniu do kontrolnej podkładki M.9.

10) zakładanie i prowadzenie doświadczeń demonstracyjno-wdrożeniowych dla upowszechniania nowych genotypów;

Prowadzono 1 doświadczenie demonstracyjno-wdrożeniowe:

Podkładki dla jabłoni – DW-2021 – doświadczenie z 2 klonami podkładek dla jabłoni: PJ-191/2016 i PJ-173/2012, odmiana standardowa ‘Szampion’. Oceniono intensywność kwitnienia, wielkość plonu i masę 1 owocu oraz siłę wzrostu drzew (wyrażoną jako pole przekroju poprzecznego pnia).

Intensywniej kwitły, lepiej plonowały oraz produkowały większe owoce drzewa odmiany standardowej ‘Szampion’ rosnące na podkładce PJ-173/2012. Drzewa tej odmiany rosły silniej na podkładce PJ-191/2016 niż na podkładce PJ-173/2012.

11) wyizolowanie DNA/RNA z tkanek roślin wytypowanych genotypów podkładek zróżnicowanych pod względem ocenianych cech (wstępna ocena fenotypowa), przeznaczonych do badań.

Izolację genomowego DNA przeprowadzono dla roślin 21 podkładek wegetatywnych dla jabłoni (pkt. 2).

Zastosowano metodę wg. Aldrich i Culis 1998 z użyciem buforu zawierającego CTAB (bromek heksadecylotrimetyloamoniowy). Jakość i koncentracje preparatów DNA oceniono spektrofotometrycznie (spektrofotometr GeneQuantPro). Wyizolowane matryce DNA wykorzystano podczas molekularnej oceny stopnia pokrewieństwa metodami SSR-PCR (pkt. 2) oraz do sporządzenia molekularnych identyfikatorów ‘DNA fingerprinting’ dla perspektywicznych podkładek PJ-173 i PJ-191 (pkt. 8).

Do oceny profili ekspresyjnych genów (wytypowanych na podstawie przeprowadzonego w bieżącym roku sekwencjonowania (RNAseq)), z roślin kontrolnych podkładek PJ-173/2012, PJ-191/2016, M.9, P 59 i P 60 oraz zakażanych *P. cactorum*, w odstępach czasowych 48 i 72 godziny po zastosowaniu czynnika chorobotwórczego, skolekcjonowano próby korzeni, pędów i liści. Izolację RNA przeprowadzono przy użyciu automatycznej stacji King Fisher Duo Prime (ThermoFisher Scientific, Life Technologies). Jakość i integrację wyizolowanych próbek RNA przeprowadzono za pomocą analizatora Bioanalyzer Agilent 2100 z oprogramowaniem Expert 2100 (Agilent Technologies, Kalifornia, USA). Wyizolowane RNA (0.5-1µg) o najlepszych parametrach jakościowych przeznaczono do eksperymentu RNAseq (pkt. 12) oraz do ilościowych testów RT-qPCR (pkt. 9).

12) wytypowanie sekwencji genów kandydujących oraz sekwencji transpozomowych (dostępne bazy, literatura, sekwencje o zróżnicowanej ekspresji uzyskane z analiz NGS wyłonione na podstawie nowego cyklu sekwencjonowania transkryptomów podkładek kontrolnych, nie poddanych zakażeniu *P. cactorum* oraz podkładek skolekcjonowanych 48 i 72 godziny po inokulacji ww. grzybem chorobotwórczym (4 sekwencje z odczytów bibliotek NGS), do analizy RT-qPCR poprzez opracowanie ich profili ekspresyjnych;

W bieżącym roku przeprowadzono nowy cykl analiz RNAseq. Z przeznaczonych do badań podkładek P 59, P60, M.9, J-173/2012, PJ-191/2016 pobrano próbki korzeni w celu izolacji całkowitego RNA (pkt. 11). Materiał pobierano przed inokulacją roślin zarodnikami grzyba *P. cactorum* oraz w odstępach czasowych 48 i 72 godzin po inokulacji. Po skolekcjonowaniu materiału z każdego punktu czasowego, rośliny ponownie umieszczano w świeżym podłożu, które zawierało zarodniki *P. cactorum*. Ze skolekcjonowanego materiału roślinnego przeprowadzono izolację RNA (opis pkt. 11) a matryce przesłano do firmy komercyjnej (Genomed S.A) celem sekwencjonowania bibliotek cDNA (w systemie Illumina). Po zgromadzeniu odczytów sekwencji przeprowadzono porównawczą analizę transkryptomów badanych podkładek dla jabłoni (NGS).

W celu wyłonienia genów o różnicowej ekspresji, odczyty uzyskane dla prób korzeni skolekcjonowanych dla podkładki PJ-173/2012, 48 godzin po inokulacji *P. cactorum* porównano z próbą podkładki kontrolnej M.9, również pobranej 48 godzin po porażeniu grzybem *P. cactorum*.

W wyniku analizy porównawczej zidentyfikowano 51 800 surowych odczytów. Sekwencje bibliotek cDNA zmapowano na genom referencyjny GCF_042453785.1_GDT2T, odmiany ‘Golden Delicious’ (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/genome/GCF_002114115.1/). Po przeprowadzeniu normalizacji surowych danych z eksperymentu RNAseq wyłoniono 35 240 genów o zróżnicowanej aktywności, z których 17 037 było regulowanych w górę (UP), a 18 052- regulowanych w dół (Down), 151 genów wykazało nieznaną aktywność.

W kolejnym etapie, rozpoznane DEG’s poddano adnotacji funkcjonalnej - KEGG enrichment, która obejmuje mapowanie genów w szlakach metabolicznych bazy Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes oraz procedurze GO enrichment (GO, gene ontology) zgodnie, z którymi sklasyfikowano je w trzech głównych kategoriach funkcjonalnych: procesy biologiczne (PB, biological process), komponenty komórkowe (CC, cellular components) oraz czynniki molekularne (MF, molecular factors). Na podstawie kategoryzacji funkcjonalnej zidentyfikowano udział wytypowanych genów w szlakach: fotosyntezy (białka antenowe),

przetwarzania białek w siateczce śródplazmatycznej, metabolizmu węgla, metabolizmu pirogronianu, degradacji waliny, leucyny i izoleucyny, spliceosomu, metabolizmu tryptofanu, glikolizy / glukoneogenezy. Wytypowano dwa geny z kategorii procesy biologiczne (GO:0006952, defense response) o identyfikatorach LOC114825052 (koduje 6-fosfofruktokinazę 2 zależną od ATP, ATP-dependent 6-phosphofructokinase 2) oraz LOC103425072 (koduje elongazę kwasów tłuszczowych 3; fatty acid elongase 3-like (FAE)), rozpoznane jako uczestniczące w mechanizmie obronnym roślin na działanie czynnika chorobotwórczego.

Wymierne/trwale rezultaty realizacji zadania:

Opracowano metodą SSR profile/metki identyfikacyjne DNA dla podkładek PJ- 191/2016 oraz PJ-173/2012. Ocena aktywności wytypowanych do badań markerów funkcjonalnych cechy podatności roślin jabłoni na porażenie *P. cactorum* oraz tolerancji na stres mrozu, pozwoliła na wstępne rozpoznanie procesu obronnego badanych roślin na zastosowane czynniki stresu (biotycznego oraz abiotycznego) i wykazanie przydatności przypuszczalnych markerów funkcjonalnych do wczesnej selekcji nowo wytworzonych materiałów wyjściowych oraz monitorowania ważnych cech użytkowych podkładek dla jabłoni.

- Publikacja naukowa: S. Keller-Przybyłkiewicz S, Lewandowski M.A, Walencik A., Strojny K., Michalecka M. 2025. Transcriptome analysis uncovers the genes regulating the apple rootstock response to *Phytophthora cactorum*. Acta Hort. 1439. 2025. DOI 10.17660/ActaHortic.2025.1439.64: V EHC – Proc. IS on Genetic Resources in Horticulture: Screening, Propagation, Use, and Conservation; Eds.: D.I. Sumedrea, E. Geoffriau and G. Bujdosó, strony: 483-490 – zestawia wyniki obejmujące opracowanie profili ekspresyjnych z eksperymentów RNAseq z roku 2022 (raport merytoryczny zadania 3.14, 2023).

Działania upowszechnieniowo-promocyjne:

- Udział dr Sylwii Keller-Przybyłkiewicz na konferencji naukowej pt: „Wyzwania współczesnego ogrodnictwa” – Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie; 4-6 czerwca 2025, która przedstawiła, w formie posteru, wyniki wstępnych badań dotyczących opracowania molekularnych markerów funkcjonalnych regulujących odpowiedź podkładek dla jabłoni na stres biotyczny i abiotyczny (mróz);
 - Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, Mariusz Lewandowski, Agnieszka Walencik, Krystyna Strączyńska, Bogusława Idczak, Renata Czarnecka, Krzysztof Strojny. „Wpływ czynników biotycznych i abiotycznych na aktywność genów w roślinach podkładek dla jabłoni hodowli IO-PIB”, Streszczenia, str. 88. Strona internetowa <https://up.lublin.pl/wyzwania-ogrodnictwa/>
- W dniu 16.05.2025 roku w Laboratorium Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych odbyły się zajęcia pokazowe dla dzieci klas III szkoły podstawowej Zespołu Szkół Ogólnokształcących nr 5 w Skierniewicach, w ramach, których, dr Anita Kuras przedstawiła zakres badań molekularnych dotyczących podkładek wegetatywnych dla jabłoni.
- W siedzibie Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych, a także telefonicznie oraz e-mailowo udzielano porad i konsultacji wielu producentom podkładek dla jabłoni na temat realizowanego w IO-PIB programu hodowli podkładek dla jabłoni, wartości produkcyjnej wyhodowanych podkładek oraz ich przydatności dla hodowli odmian przeznaczonych do uprawy towarowej w Polsce.
- Prowadzono spotkania informacyjne dla producentów owoców oraz szkółkarzy posiadających lub zainteresowanych licencjami na podkładki dla jabłoni wyhodowane w IO-PIB.

Mierniki na 2025 r. dla zadania 3.14.:

1. liczba kombinacji w wykonanym programie krzyżowań – plan: 7, wykonanie: 7
2. liczba uzyskanych materiałów wyjściowych o pożądanym cechach – plan: 5, wykonanie: 5
3. liczba wytypowanych sekwencji DNA/RNA dla pożądanym cech – plan: 4, wykonanie: 4
4. liczba doniesień (ustnych lub posterów) na konferencjach: plan: 1, wykonanie: 1