

ZADANIE 47

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

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji – 2025

KIEROWNIK ZADANIA 47

dr inż. Marek Szymajda

e-mail: Marek.Szymajda@inhort.pl

Wykonawcy:

dr Anita Kuras, dr hab. Agnieszka Masny, prof. IO, prof. dr hab. Stanisław Pluta,
dr Mariusz Lewandowski, dr Sylwia Keller-Przybyłkowicz, dr Łukasz Seliga,
mgr Renata Czarnecka, mgr Bogusława Idczak, mgr Jolanta Kubik,
Marcin Dziedzic, Anna Kozioł-Mroczkowska, Katarzyna Kowalczyk,
Szymon Trzaska

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



CELE PROJEKTU

W 2025 r. realizowano trzy 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*)**
- ✓ **Ocena przydatności markerów molekularnych do selekcji mieszańców ałyczy, śliwy japońskiej i moreli pod kątem ich tolerancji/podatności na brunatną zgniliznę drzew pestkowych (*temat badawczy 3*)**

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

MATERIAŁY I METODY

1. Oceniono wybrane cechy biologiczne 100 siewek mieszańcowych pokolenia F_1 oraz uzyskanych ze zmodyfikowanych krzyżówek wstecznych,
2. Oceniono wytrzymałość pąków kwiatowych 20 mieszańców na niskie ujemne temperatury w warunkach polowych,
3. Oceniono przydatności markerów do selekcji MAS siewek mieszańcowych pod kątem tolerancji/podatności na brunatną zgniliznę drzew pestkowych.



WYNIKI

Temat badawczy 1

- ✓ Łącznie zakwitło 92 siewek mieszańcowych, czyli 94,0% ocenianej populacji, z których zaowocowało 92 mieszańców (92,0%).
- ✓ 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 50 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
(ałycza × morela)

Wnioski

1. Siewki mieszańcowe śliwy japońskiej i ałyczy oraz ałyczy 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 ałyczy 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 × ałycza) × śliwa japońska].

WYNIKI

Temat badawczy 2

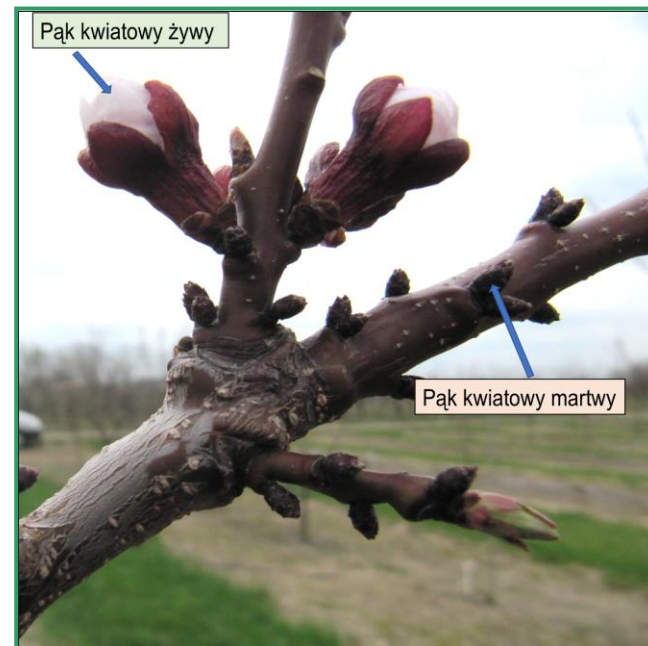
✓ Wiosną w fazie nabrzmiewania pąków kwiatowych, oceniono uszkodzenia pąków kwiatowych przez zimowe niskie ujemnie temperatury.

Pąki kwiatowe dzielono na dwie grupy:

- nieuszkodzone (nabrzmiwające, czyli żywe)
- martwe (nierozwijające się, czyli uszkodzone przez mrozy zimowe).

✓ Wiosną wykonano też ocenę wpływu uszkodzeń pąków kwiatowych na kwitnienie drzew, a latem oceniono owocowanie siewek.

Zima 2024/2025 była łagodna. Przez cały grudzień i styczeń w ciągu dnia występowały dodatnie temperatury, a w dniach 27-30 stycznia odnotowano nawet 10-12°C. Dodatnie temperatury występowały też w lutym, jednak w dniach 16-17 lutego temperatura powietrza na wysokości 2,0 m obniżyła się odpowiednio do -15,9°C i -17,8°C.



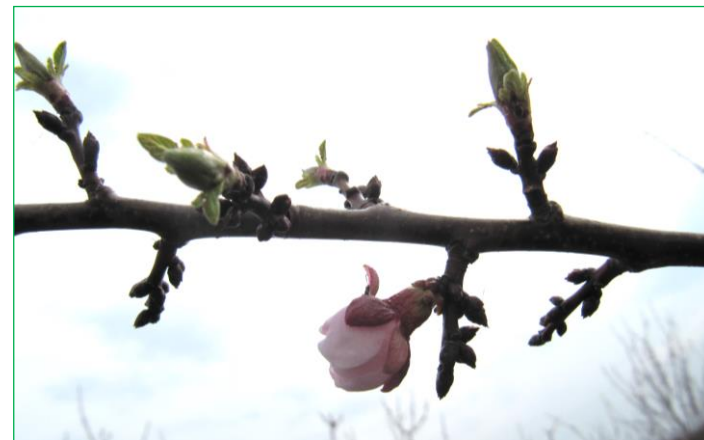
WYNIKI

Temat badawczy 2

- ✓ Przechimowanie pąków kwiatowych u badanych mieszańców ałyczy i moreli było bardzo dobre (0,8-5,5% uszkodzonych pąków), znacznie lepsze niż u każdej odmiany kontrolnej moreli (45,5-62,8% uszkodzonych pąków).
- ✓ U kontrolnej odmiany ałyczy 'Amelia' odnotowano tylko 0,5% uszkodzonych pąków kwiatowych.

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.



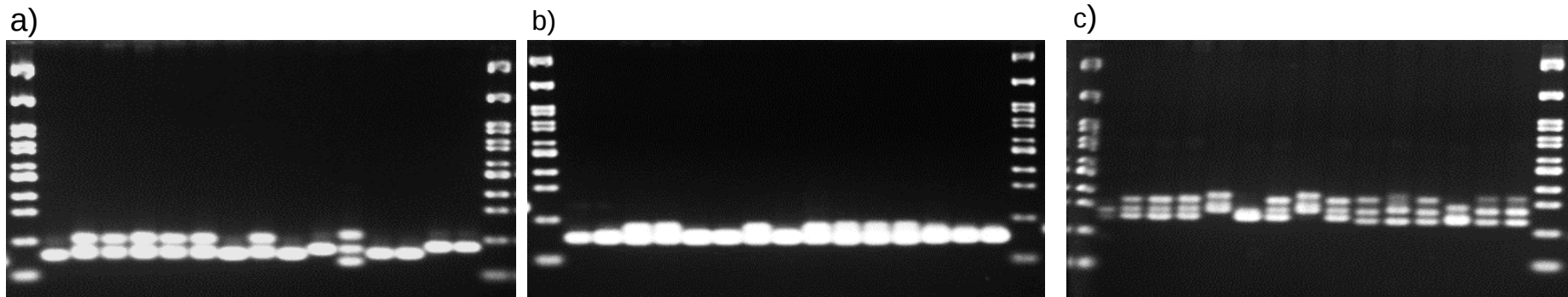
Temat badawczy 3

- 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 110 do 280 pz.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT001, zlokalizowanym na chromosomie drugim, obserwowano allele o długości 110 pz tylko u mieszańców podatnych, 140 pz bardzo podatnych, fragment o długości 170 pz tylko u podatnych i bardzo podatnych oraz fragment o długości 180 pz tylko u genotypów tolerancyjnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT032, zlokalizowanym na chromosomie pierwszym, obserwowano allel o długości 200 pz tylko u mieszańców bardzo podatnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT039, zlokalizowanym na LG3, obserwowano fragment o długości 160 pz tylko u genotypów podatnych.
- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem RPPG1-017, zlokalizowanym na LG1, obserwowano fragment o długości 160 pz tylko u genotypów podatnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych.
- W reakcji amplifikacji z parą starterów BPPCT012, marker zlokalizowany na LG4, obserwowano allele o długościach 150 i 200 pz na matrycy DNA roślin tolerancyjnych na brunatną zgniliznę drzew pestkowych

WYNIKI c.d

Temat badawczy 3

- W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT013, zlokalizowanym na LG2, obserwowano fragment o długości 180 pz u genotypów tolerancyjnych, ale u siedmiu z dziesięciu testowanych.
- w reakcji z oligonukleotydem UDAP 463 zlokalizowanym na LG1 obserwowano allel o długości 190 pz tylko u tolerancyjnych, ale u siedmiu z dziesięciu testowanych.
- W reakcjach amplifikacji z pozostałymi czternastoma oligonukleotydami uzyskane wyniki niestety nie są znacząco skorelowane z badaną cechą, ponieważ allele występują zarówno u genotypów tolerancyjnych, jak i niektórych wrażliwych/podatnych



Przykładowe elektroforogramy produktów amplifikacji 15 roślin mieszańcowych z parami oligonukleotydów: a) RPPG2-011 b) BPPCT030, c) RPPG4-091,

WYNIKI cd

Fragment tabeli przedstawiający profile genetyczne uzyskane w reakcji z parami starterów BPPCT 001 i BPPCT 002 metodą SSR dla 15 genotypów mieszańcowych z rodzaju *Prunus*

NAZWA STARTERA	DŁUGOŚĆ (pz)	ANALIZOWANE GENOTYPY														
		201 735/3	2017 35/5	2017 35/10	2015 23/5	2015 23/1	2014 22/11	2014 22/16	2014 22/17	2014 23/11	1552/6	1553/7	1555/9	1614/13	1633/1	1633/2
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
BPPCT 001	110						+					+		+		+
	130	+	+	+		+	+	+	+	+	+		+		+	
	140				+											
	150	+	+	+	+	+	+	+	+	+		+		+	+	+
	170				+		+					+		+		+
	180										+		+			
	190										+		+			
BPPCT 002	190	+		+		+	+		+	+	+		+	+		
	200	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	220				+			+				+			+	+

Wnioski

1. Oligonukleotyd BPPCT001 zlokalizowany na LG2, okazał się przydatny do weryfikacji roślin hodowlanych pod względem tolerancji/podatności na brunatną zgniliznę drzew pestkowych, ponieważ umożliwił weryfikację wszystkich testowanych genotypów mieszańcowych