

Ocena zdolności kombinacyjnej nowych genotypów truskawki dla określenia ich przydatności do hodowli deserowych odmian odpornych na wertycyliozę z zastosowaniem markerów molekularnych QTL

W roku 2008 (pierwszy rok prowadzenia badań), badania nad określeniem zdolności kombinacyjnej (ogólnej i specyficznej) nowych w Polsce genotypów truskawki, prowadzono w dwóch pracowniach Zakładu Hodowli Roślin Sadowniczych Instytutu Sadownictwa i Kwiaciarnictwa w Skierniewicach: w Pracowni Genetyki i Hodowli oraz w Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli.

Zgodnie z przyjętym harmonogramem pracy, w Pracowni Genetyki i Hodowli wykonano program krzyżowań, w oparciu o niekompletny układ dialleliczny według III metody Griffinga, obejmującej krzyżowania wprost i odwrotne. Do krzyżowań użyte zostały nowe, deserowe odmiany truskawki, odznaczające się wysoką odpornością na wertycyliozę oraz dobrą jakością owoców. Odmianami tymi były: 'Selvik', 'Elianny', 'Figaro', 'Sonata', 'Susy', 'Salsa', 'Albion' i 'Filon'. Do programu krzyżowań włączono także dwie odmiany o średniej wrażliwości na tę chorobę, ale bardzo cenne ze względu na wyśmienity smak i bardzo atrakcyjny wygląd owoców ('Darselect') lub zdolność do powtarzania owocowania w okresie letnio-jesiennym ('Charlotte'). Łącznie wykonano 45 kombinacji krzyżowań. Owoce zbierano sukcesywnie w miarę ich dojrzewania, z owoców wydobywano nasiona. Nasiona od razu wysiewano do doniczek wypełnionych przygotowanym podłożem (mieszanka substratu torfowego i piasku w stosunku 2:1), doniczki ustawiano na parapecie w szklarni. Po wzejściu nasion i pojawieniu się pierwszych liści młodocianych siewki pikowano do wielodoniczek plastikowych (multipots) o poj. 90 cm³, wypełnionych takim samym podłożem, jak przy wysiewie nasion. Doniczki z młodymi roślinami ustawiano na parapecie w szklarni. Łącznie z tego programu krzyżowań uzyskano 3284 siewki. W okresie jesiennym siewki przeniesiono do wysokiego tunelu foliowego, gdzie zostały zabezpieczone przed przemarznięciem w okresie zimy. Wiosną 2009 roku siewki te zostaną wysadzone na polu silnie zakażonym *Verticillium dahliae* („pole śmierci”), ale o znanej, wysokiej koncentracji patogena w glebie.

W Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli przeprowadzono molekularną analizę całkowitego, genomowego DNA dla wyodrębnienia polimorfizmu między genotypami odmiennie reagującymi na zakażenie przez *Verticillium dahliae* w kontrolowanych warunkach szklarniowych. Analizę prowadzono na materiale roślinnym testowanym w uprzednim roku na prowokacyjnym „polu śmierci” (potomstwo z kombinacji zapyleń 'Madelaine', 'Fara', 'Panon' i 'Camarosa' – 3600 roślin). Łącznie przeprowadzono 2240 reakcji typu RAPD (140 starterów o losowej sekwencji) i 384 reakcji typu ISSR (24 startery mikrosatelitarne) w próbach mieszanych (Bulk Segregant Analysis, BSA). W reakcjach uzyskano 145 produktów

polimorficznych, dwa spośród nich występowały w kilku próbach, co wskazuje na ich potencjalną rolę jako jednych z licznych markerów poligenowej cechy odporności na wertyciliozę.