

**Zadanie 110: Badania nad możliwością uzyskania cennych mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Prunus* (*Prunus cerasifera* Ehr. – ałycza, *Prunus salicina* Lindl. – śliwa japońska, *Prunus armeniaca* L. – morela zwyczajna)**

Badania realizowano w latach 2011 – 2013 w Zakładzie Hodowli Roślin Sadowniczych Instytutu Ogrodnictwa: w Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych oraz w Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli Roślin Sadowniczych. Celem badań była ocena możliwości uzyskania cennych mieszańców międzygatunkowych w obrębie rodzaju *Prunus*, z wykorzystaniem gatunków: *Prunus cerasifera* Ehr. – ałycza, *Prunus salicina* Lindl. – śliwa japońska, *Prunus armeniaca* L. – morela zwyczajna, przy zastosowaniu tradycyjnej metody hybrydyzacji oraz hodowli uzyskanych zarodków mieszańcowych w optymalnych warunkach kultur *in vitro* (optymalizacja techniki *embryo rescue* z etapami weryfikacji molekularnej).

W latach 2011-2012, w celu dokonania wyboru form rodzicielskich do programu krzyżowań, przeprowadzono w kolekcji Instytutu Ogrodnictwa, rosnącej w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach, szczegółowe obserwacje odmian moreli, śliwy japońskiej i ałyczy pod względem terminu i intensywności kwitnienia oraz owocowania, jakości owoców, a także podatności drzew na choroby, tolerancji drzew na mrozy zimowe i stopnia przezimowania pąków kwiatowych po zimie. Wybrane genotypy moreli, śliwy japońskiej i ałyczy zostały rozmnożone i posadzone w tunelu foliowym jako potencjalne formy rodzicielskie do programów krzyżowań w latach następnych.

W Pracowni Niekonwencjonalnych Metod Hodowli (PNMH) przeprowadzano corocznie ocenę żywotności pyłku u wprowadzonych do programu form ojcowskich. Analizę żywotności przeprowadzano pod mikroskopem świetlnym, po wybarwieniu ziaren pyłkowych acetoorceiną oraz oceniając wzrost łagiewki pyłkowej na pożywkach agarowych. Przeprowadzone badania umożliwiły wykluczenie z programu zapyleń genotypów o niskiej żywotności pyłku.

W Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych (PGiH) w latach 2011-2013 wykonano trzy obszerne programy krzyżowań. Zapylenia wykonano w tunelu foliowym w Sadzie Pomologicznym w Skierniewicach oraz w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach. Krzyżowania między wybranymi formami rodzicielskimi moreli, śliwy japońskiej, śliwy domowej i ałyczy wykonano w następującym układzie: morela x śliwa japońska, morela x ałycza, śliwa japońska x morela, śliwa domowa x morela, śliwa japońska x ałycza, ałycza x morela, ałycza x śliwa japońska. W ciągu trzech lat badań, łącznie wykonano 512 kombinacji krzyżowań międzygatunkowych, w których zapyleno 78.098 szt. kwiatów i uzyskano 2.258 owoców i zawiązków owocowych.

Siewki mieszańcowe, produkowane były metodą tradycyjną tj. po poddaniu nasion procesowi stratyfikacji i ich wysadzeniu do podłoża oraz przy zastosowaniu techniki *embryo-rescue* polegającej na izolacji zarodków we wczesnym etapie rozwoju i ich hodowlę w warunkach *in vitro* (PNMH). W trakcie badań nad zoptymalizowaniem warunków hodowli *in vitro* określono termin izolacji zarodków z zawiązków owoców (10 tygodni po zapyleniu) oraz oceniono wpływ genotypu i składu pożywek (MS, WPM i C2d) na możliwości ich dalszego rozwoju. Łącznie po poddaniu nasion procesowi stratyfikacji i z hodowli niedojrzałych zarodków w warunkach *in vitro* uzyskano 235 siewek mieszańcowych, z których 85 rozmnożono i posadzono w kwaterze selekcyjnej Sadu Doświadczalnego w Dąbrowicach, po cztery drzewka każdego genotypu. Ustalono wzory DNA-fingerprinting form rodzicielskich użytych w programach krzyżowań, które są niezbędne dla analizy mikrosatelitarnych profili segregacyjnych i potwierdzenia rodowodu uzyskanych mieszańców (PNMH).