

Zadanie 74 Badania nad saturacją mapy genetycznej ‘Elsanta’ x ‘Senga Sengana’ pod kątem lokalizacji genów sprzężonych z ważnymi cechami użytkowymi truskawki (*Fragaria x ananassa*)

Streszczenie

Projekt jest ukierunkowany na utworzenie saturowanej mapy genetycznej truskawki dwóch powszechnie uprawianych odmian ze zlokalizowanymi na niej regionami genomu, warunkującymi wystąpienie w tych roślinach ważnych cech użytkowych. Mapa genetyczna, na której są zlokalizowane *loci* genów warunkujących te pożądane cechy, pozwala na ustalenie korelacji w dziedziczeniu ww. cech, i tym samym ma szansę znacząco ułatwić planowanie programów krzyżowań.

Badania będą prowadzone na dużej populacji mapującej, pozyskanej w wyniku krzyżowania dwóch bardzo popularnych w Polsce odmian. Bazę wyjściową będzie stanowić opracowany przez nas szkielet mapy genetycznej ‘Elsanta’ x ‘Senga Sengana’ (Badania Podstawowe na rzecz Postępu Biologicznego, 2011-2013). Istniejący szkielet, obejmujący około 150 markerów mikrosatelitarnych, zostanie obecnie zagęszczony przy użyciu podwojonej puli markerów SSR, pobranych z baz danych dla rodzaju *Fragaria* (zasada kolinearności). Ich wprowadzenie pozwoli na pełniejszą charakterystykę siedmiu grup sprzężeń *F. x ananassa* i umożliwi dokładne zlokalizowanie wygenerowanych w trakcie badań markerów DNA, sprzężonych (a) z cechami odporności truskawki na ważne z ekonomicznego punktu widzenia choroby oraz (b) markerów innych, wybranych cech roślin i (c) cechami związanymi z jakością owoców. Przewidziana jest również identyfikacja regionów QTL (*Quantitative Trait Loci*) w przypadku poligenicznych cech ilościowych. Uzyskana mapa będzie stanowić unikalne źródło wiedzy o interakcjach genetycznych między ważnymi cechami truskawki, niezwykle przydatne dla nowoczesnych, polskich programów hodowlanych tego gatunku.

Cele zadania

Celem badań jest utworzenie zagęszczonej mapy genetycznej, wskazującej korelacje w dziedziczeniu ważnych gospodarczo cech truskawki. Zgodnie z podstawowymi zasadami genetyki powinno być to możliwe po ustaleniu grup sprzężeń (położenie grup markerów wyjściowych i markerów cech na różnych chromosomach lub w obrębie pojedynczego chromosomu) i ocenie odległości mapowych między markerami badanych cech w obrębie każdej z grup sprzężeń w zagęszczonej mapie.

Planowany okres realizacji zadania

84 m-ce (lata 2014-2020)

Informacja o uzyskanych wynikach badań

Wyniki uzyskane w każdym roku realizacji zadania będą niezwłocznie zamieszczane na stronie internetowej Instytutu Ogrodnictwa (<http://www.inhort.pl/projekty-finansowane-przez-mrirw-w-2014-2020-r.>), nie później niż do dnia 15 stycznia następnego roku, oraz będą dostępne nieodpłatnie dla wszystkich zainteresowanych.