

Zadanie 3.17. Wytworzenie materiałów wyjściowych pigwowca japońskiego (*Chaenomeles japonica*) o bezierniowych pędach oraz wysokiej jakości i zawartości składników prozdrowotnych w owocach.

Cel zadania: 1) Uzyskanie materiałów wyjściowych do hodowli nowych i wartościowych odmian pigwowca japońskiego, nowego i perspektywicznego gatunku do wdrożenia w uprawie towarowej i amatorskiej w naszym kraju; 2) Realizacja pierwszych/nowych programów hodowlanych; 3) Opracowanie markerów molekularnych, w oparciu o zróżnicowanie genetyczne materiału roślinnego i opartych na analizie poziomu ekspresji sekwencji genów kandydujących, przydatnych do wczesnej selekcji genotypów pigwowca japońskiego o najbardziej pożądanym cechach użytkowych; 4) Ocena składu chemicznego owoców wybranych genotypów pigwowca japońskiego; 5) ocena poziomu ploidalności/wielkości genomu metodą cytometrii przepływowej wybranych genotypów (form) rodzicielskich; 6) Ocena żywotności pyłku form rodzicielskich wykorzystanych w programach hodowlanych oraz wstępna ocena kiełkowania ziaren pyłku na znamieniu słupka; 7) Ocena występowania chorób powodowanych przez bakterie i grzyby patogeniczne i ich identyfikacja metodami konwencjonalnymi i biologii molekularnej; 8) Ocena zagrożenia upraw pigwowca japońskiego przez owady i roztocze.

Opis zadania – zakres rzeczowy planowany na 2024 rok:

- 1) wykonanie programu krzyżowań z wykorzystaniem różnych form rodzicielskich pigwowca japońskiego (*Chaenomeles japonica*) o komplementarnych cechach fenotypowych i użytkowych, zbiorów owoców, wybieranie nasion, stratyfikacja i wysiew nasion;
- 2) produkcja siewek pokolenia F₁ pigwowca japońskiego z nasion uzyskanych z programu krzyżowań z 2023 r. i ich selekcja we wczesnym stadium rozwoju na podstawie cech fenotypowych;
- 3) uprawa, ocena i selekcja siewek w polowych kwaterach selekcyjnych;
- 4) wegetatywne rozmnażanie (in vitro/sadzonki/odkłady i szczepienie) najcenniejszych genotypów o określonym statusie mieszańca;
- 5) molekularna weryfikacja zróżnicowania genetycznego odmian, stanowiących formy rodzicielskie w programach krzyżowań (metodą PCA i UPGMA) dla uzyskania cennych genotypów mieszańcowych;
- 6) poszukiwanie specyficznych fragmentów genomowych uczestniczących w regulacji ważnych cech użytkowych, w tym bezierniowości pędów oraz jakości owoców;
- 7) analiza składu chemicznego i jakości owoców wybranych genotypów pigwowca japońskiego;
- 8) ocena poziomu ploidalności/wielkości genomu metodą cytometrii przepływowej wybranych genotypów (form) rodzicielskich;
- 9) analiza żywotności pyłku wybranych form rodzicielskich pigwowca japońskiego na podstawie ich barwienia i kiełkowania na pożywkach z roztworem sacharozy;
- 10) ocena kiełkowania ziaren pyłku na znamieniu oraz wrastania łagiewek pyłkowych do poszczególnych elementów słupka po 24, 48, 72, 96 i 124 godzinach od zapylenia kwiatów;
- 11) ocena nasilenia występujących chorób powodowanych przez grzyby patogeniczne na roślinach i owocach genotypów pigwowca japońskiego w hodowlanej kolekcji;
- 12) ocena występowania szkodników oraz uszkodzeń przez nie powodowanych na roślinach i owocach genotypów pigwowca japońskiego w hodowlanej kolekcji.