

Zadanie 3.5. Wytworzenie materiałów wyjściowych borówki wysokiej (*Vaccinium corymbosum* L.) o wysokiej jakości owoców oraz analiza molekularna specyficznych fragmentów genomów.

Cel zadania: 1) Uzyskanie materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian deserowych oraz przydatnych do przetwórstwa i przechowalnictwa (mrożenie), plennych, odznaczających się wysoką jakością i trwałością owoców i o różnej porze dojrzewania owoców; 2) Ocena materiałów selekcyjnych borówki wysokiej otrzymanych w latach poprzednich oraz realizacja nowych programów hodowlanych; 3) Identyfikacja sekwencji genomowych, skorelowanych z cechami jakości owoców, w tym występowanie woskowego nalotu na skórcie i wytypowanie markerów molekularnych, przydatnych do selekcji materiałów hodowlanych borówki wysokiej pod względem badanych cech. 4) Ocena składu chemicznego owoców wybranych genotypów (odmian standardowych oraz klonów hodowlanych) borówki wysokiej.

Opis zadania – zakres rzeczowy planowany na 2024 rok:

- 1) produkcja siewek borówki wysokiej i ich selekcja we wczesnym stadium rozwoju na podstawie cech fenotypowych;
- 2) uprawa, ocena i selekcja siewek w polowych kwaterach hodowlano-selekcyjnych;
- 3) wyznaczenie i założenie kultur in vitro klonów łączących w wysokim stopniu pożądane cechy, o określonym statusie mieszańca (molekularna weryfikacja tożsamości);
- 4) ocena wartości produkcyjnej klonów selekcyjnych w kolekcji klonów i rozmnożenie najcenniejszych klonów (łącznie 10 klonów);
- 5) prowadzenie doświadczeń porównawczych z klonami hodowlanymi przed zgłoszeniem odmian do badań rejestrowych COBORU (ocena fenotypowa, laboratoryjna jakości owoców i molekularna);
- 6) wytypowanie perspektywicznych genotypów mieszańcowych (wstępna ocena fenotypowa) i wyizolowanie DNA/RNA z tkanek roślin form rodzicielskich zróżnicowanych pod kątem obecności woskowego nalotu na owocach, wysokiej jędrności oraz wysokiej jakości owoców (baza danych sekwencyjnych uzyskanych z analizy transkryptomów ‘Aurora’ i ‘Bluegold’);
- 7) wytypowanie 2 sekwencji genów kandydujących (dostępne bazy, literatura oraz sekwencje uzyskane z odczytu NGS transkryptomów odmian wzorcowych) przeznaczonych do analizy PCR i RT-qPCR poprzez opracowanie ich profili ekspresyjnych;
- 8) analiza składu chemicznego próbek owoców 15 wybranych genotypów borówki wysokiej.