

Zadanie nr 3.14 – Wytworzenie materiałów wyjściowych podkładek wegetatywnych dla jabłoni (*Malus Mill.*) odpornych na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni, wytrzymałych na niskie ujemne temperatury oraz beziernistych.

Kierownik zadania: dr inż. Sylwia Keller-Przybyłkiewicz

Cel zadania:

- 1) Wytworzenie cennych materiałów wyjściowych podkładek wegetatywnych dla jabłoni odpornych na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni (*Phytophthora cactorum*) oraz wytrzymałych na niskie ujemne temperatury i charakteryzujących się brakiem cierni;
- 2) Opracowanie markerów opartych na analizie sekwencji genomowych oraz ocenie stopnia zróżnicowania poziomu ich ekspresji, przydatnych do monitorowania ww. cech i selekcji najcenniejszych genotypów podkładek dla jabłoni.

Zakres rzeczowy zadania i przyjęte cele w 100% zrealizowano zgodnie z założeniami na 2024 rok.

Wykonano 7 kombinacji krzyżowań, zapyłono 1 460 kwiatów, zebrano 402 owoce i wydobyto 1 564 nasiona; wyprodukowano w szklarni/ kontynuowano uprawę w polu 463 siewek; w mateczniku selekcyjnym oceniano 3 719 siewek; rozmnożono 4 pojedynki wyselekcjonowane w poprzednim roku; oceniano 232 klony selekcyjne; prowadzono 1 doświadczenie podkładowo-odmianowe i 1 doświadczenie demonstracyjno-wdrożeniowe.

W celu optymalizacji metodyki mikrorozmnażania podkładek PJ-173/2012 i PJ-191/2016 w kulturach in vitro, z roślin rosnących w kwaterze polowej, po uprzednim zastosowaniu środków ochrony: Miedzian Extra 350 EC oraz Topas 100 EC pobrano pąki. Na podstawie ocenionych profili DNA badanych roślin wyselekcjonowane 22 podkładowki zgrupowano w 4 klastry, a podobieństwo genetyczne oszacowano w zakresie 35 – 74 %. Dla dwóch perspektywicznych klonów: PJ 173/2012 i PJ-191/2016 sporządzono metki identyfikacyjne (*DNA fingerprinting*). Kontynuowano prowadzenie doświadczenia, w ramach którego ww. podkładowki inokulowano grzybem *Phytophthora cactorum* (doświadczenia założone w roku 2022 i 2023 ('kopia')). W związku, z brakiem objawów zgnilizny pierścieniowej pnia korzeni, dla roślin rosnących w doświadczeniu założonym w 2023 r., przeprowadzono testy pułapkowe. W badanym materiale nie wykryto *P. cactorum*. Kontynuowano, analizę dotychczas uzyskanej sekwencyjnej bazy danych. Na matrycy RNA/cDNA próbek liści, korzeni pędów podkładek PJ-173/2012 oraz M.9 - kontrolnych i porażonych *P. cactorum* przeprowadzono analizę profili ekspresji genów szlaku przetwarzania białek siateczki śródplazmatycznej (mdm4141). Profile ekspresyjne sporządzono dla wytypowanych genów sHSP oraz BiP. Równolegle oceniono zmianę liczby transkryptów genów Hsp70 (białko regulujące odpowiedź roślin na stresy biotyczne) oraz MdDP230387 (uczestniczy w odpowiedzi roślin na stres mrozu). Uzyskane wyniki potwierdziły złożony proces regulacji odpowiedzi roślin na stres abiotyczny, który podlega regulacji na poziomie procesu przetwarzania białek siateczki śródplazmatycznej jak również na poziomie zmian integracji błony komórkowej.

W ramach zadania 3.14 w 2024 r. wykonano następujące prace:

1. Utrzymanie roślin ogrodnich w formie wegetatywnych kolekcji polowych, w karkasach, tunelach foliowych, kulturach in vitro oraz w kriobankach zgodnie z normami międzynarodowymi;

Utrzymywano 3 719 siewek w polowym mateczniku selekcyjnym oraz 232 klony selekcyjne podkładek wegetatywnych dla jabłoni w polowej kolekcji klonów.

W warunkach kontrolowanych in vitro (chłodnia/fitotron) utrzymywane są pędy podkładek P 66 i P 68, materiał będzie sukcesywnie przekazywany do doświadczeń polowych IO-PIB.

2. Dobór form rodzicielskich do krzyżowań w oparciu o ich cechy fenotypowe, testy laboratoryjne i molekularną ocenę stopnia pokrewieństwa metodami SSR-PCR oraz przy zastosowaniu programów statystycznych przeznaczonych do analizy skupień PCA, UPGMA;

Oceniono siłę wzrostu roślin, porę i intensywność kwitnienia, porę dojrzewania owoców, plenność drzew, wielkość i masę owoców, podatność drzew na choroby (parch jabłoni, mączniak jabłoni, zaraza ogniowa) 23 podkładek dla jabłoni, które będą potencjalnymi formami rodzicielskimi w nowych programach krzyżowań. Ocenianymi podkładowkami były: M.9, M.9 Pajam 1, M.9 Pajam 2, M.9 RN 29, M.9 T.337, M.26, 'Jork 9', 'Mark', 'Bemali', CG 11, CG 13, CG 16, CG 41, P 59, P 60, P 66, P 67, P 68, B 9, PB-4, Supporter 1vf, Supporter 2vf i Supporter 3vf. W oparciu o badane cechy za szczególnie przydatne do nowych programów krzyżowań uznano podkładowki 'Bemali', CG 16, CG 41, P 67 i B 9.

Na podstawie uzyskanych profili DNA z markerami SSR (matryce binarne 0 1), przeprowadzono weryfikację zróżnicowania (dystansu) genetycznego badanej puli roślin. Najbardziej oddalona genetycznie okazała się podkładka CG14. Celem zwiększenia bioróżnorodności w obrębie kolekcji podkładek IO-PIB, najbardziej zróżnicowane genetycznie (podobieństwo poniżej 55%) tj. Supporter 1vf, Supporter 2vf, Supporter 3vf oraz podkładki z grupy czwartej m.in. PJ-191/2016 i PJ-173/2016 mogą być wykorzystane jako komponenty rodzicielskie w nowo projektowanych programach krzyżowań

3. Wykonywanie programów krzyżowań (7 kombinacji) oraz zbiorów owoców, pozyskiwanie i wysiew nasion;

Wykonano 7 kombinacji krzyżowań (uzyskanie podkładek tolerancyjnych na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia jabłoni i karłowych) z użyciem 10 form rodzicielskich ('CG 41', 'M.9', 'B 9', 'PB-4', 'Mark', 'Jork 9', 'Bemali', 'Supporter 1vf', 'Supporter 2vf' i 'Supporter 3vf'), zapyłono 1 460 kwiatów. Do zapyleń włączono słabo rosnące podkładki CG 41, B 9 i 'Bemali', wszystkie odporne na zarazę ogniową, mączniaka jabłoni i zgniliznę pierścieniową podstawy pnia, charakteryzujące się brakiem cierni oraz wytrzymałe na mróz. Zebrane owoce (402) umieszczono w chłodni w temperaturze +2°C a po ich przechłodzeniu (po około 2-3 tyg.) wydobyto 1 564 nasiona. Zebrane nasiona umyto, wysuszono i odkazono (0,5% roztworem fungicydu Aliette 80 WG (poprzez zamoczenie na 48 godz.) i poddano stratyfikacji (umieszczenie w wilgotnym, płukanym piasku i przetrzymywaniu w temperaturze około +5°C do czasu wysadzenia).

4. Produkcja siewek w szklarni i sadzenie siewek w polowej kwaterze selekcyjnej;

W szklarni prowadzono uprawę 463 siewek podkładek dla jabłoni wyprodukowanych z nasion otrzymanych w roku 2023. Siewki posadzono w doniczkach plastikowych i umieszczono na parapecie w szklarni z kontrolowaną temperaturą (dzień +22°C, noc +18°C), przy zapewnieniu 16-to godzinnego dnia. Późną wiosną siewki te posadzono w mateczniku selekcyjnym, w którym prowadzono zabiegi ochrony roślin i zabiegi pielęgnacyjne: nawożenie, nawadnianie, odchwaszczanie.

5. Pielęgnacja, ocena i selekcja pozytywna w obrębie populacji siewek (oznaczanie pojedynków będących nośnikami pożądanых cech);

Kontynuowano uprawę i pielęgnację oraz wykonano ocenę siły wzrostu i zdrowotności 3 719 siewek wyprodukowanych w latach 2009-2023, rosnących w mateczniku selekcyjnym. Prowadzono zabiegi ochrony roślin i zabiegi pielęgnacyjne: nawożenie, nawadnianie, odchwaszczanie, obsypywanie podkładek. Jesienią oceniono zdolność ukorzenia wyrastających pędów wg. skali: 1 – brak korzeni, 5 – bardzo dobre ukorzenie. Wyselekcjonowano 4 pojedynki [PJ-237/24 (PJ-2020-02 – CG 41 x 'Supporter 2vf'), PJ-238/24 (PJ-2019-05 (1) – CG 41 x 'Supporter 3vf'), PJ-239/24 (PJ-2019-05 (2) – CG 41 x 'Supporter 3vf'), PJ-240/24 (PJ-2018-04 – CG 41 x M.9)] o wysokiej zdolności ukorzenia, tworzących wzniesione i bezierniste lub nieznacznie cierniste pędy.

6. Rozmnażanie tradycyjne i in vitro wyselekcjonowanych pojedynków dla założenia kolekcji klonów w celu ich dalszej oceny pod kątem poziomu pożądanых cech;

Rozmnożono metodą tradycyjną 4 pojedynki [PJ-233/23 (PJ-2020-02 (1) – CG 41 x 'Supporter 2vf'), PJ-234/23 (PJ-2020-02 (2) – CG 41 x 'Supporter 2vf'), PJ-235/23 (PJ-2020-02 (3) – CG 41 x 'Supporter 2vf'), PJ-236/23 (PJ-2021-01 – M.9 x 'Supporter 3vf')] o wysokiej zdolności ukorzenia, tworzących wzniesione i bezierniste lub nieznacznie cierniste pędy.

W ramach prac nad mikrorozmnażaniem wyselekcjonowanych podkładek w kulturach *in vitro* kontynuowano optymalizację metody przygotowania pąków podkładek PJ-173/2012 i PJ-191/2016 do inicjacji kultur tkankowych. Celem poprawienia efektywności procedury, w warunkach polowych przed skolekcjonowaniem próbek, przeprowadzono oprysk z zastosowaniem dwóch środków ochrony roślin: Miedzian Extra 350 EC – dawka 0,2% (200 ml/100 l wody) i Topas 100 EC – dawka 1,2-1,5 l/ha (200-900 l/ha wody) oba o działaniu grzybobójczym. Wstępnie zoptymalizowano procedurę przygotowania eksplantatów obu podkładek.

Na podstawie przeprowadzonych obserwacji stwierdzono, że skolekcjonowane pędy podkładki jabłoni PJ-191/2016 znacznie trudniej znosiły proces inicjacji i stabilizacji w kulturach *in vitro*.

7. Ocena wartości produkcyjnej klonów selekcyjnych i rozmnożenie najcenniejszych genotypów (4 genotypy);

Oceniano podstawowe parametry szkółkarskie 232 podkładek w kolekcji klonów: wysokość i średnicę pędów, liczbę cierni oraz zagęszczenie węzłów. Wszystkie badane podkładki ukorzeniały się na

podobnym poziomie, a bezierniste pędy dawały 4 klony: PJ-165/2011 (M.26 x 'Pajam 2'), PJ-168/2011 (M.9 x 'Bemali'), PJ-173/2012 (BW x 'Pajam 1') i PJ-191/2016 ('Jork 9' x 'Bemali'). Klony te rozmnożono w Belgii.

8. Szczegółowa ocena wartości produkcyjnej najbardziej wartościowych genotypów w doświadczeniach porównawczych, z możliwością zgłoszenia ich do badań rejestrowych COBORU, jako potencjalne nowe podkłádki wegetatywne dla jabłoni, z uwzględnieniem badań molekularnych (molekularna weryfikacja tożsamości genetycznej i statusu zdrowotności mieszańców pod kątem chorób wirusowych);

Podkłádki dla jabłoni – 1/2021 - doświadczenie porównawcze z 2 klonami podkłádek dla jabłoni: PJ-191/2016 i PJ-173/2012, standardowa podkłádka M.9 i odmiany standardowe 'Szampion' i 'Gloster'.

Oceniono intensywność kwitnienia, wielkość plonu i masę 1 owocu oraz siłę wzrostu drzew (wyrażoną jako pole przekroju poprzecznego pnia). Rosnące na podkłádkach PJ 173/2012 i PJ-191/2016 drzewa odmiany standardowej 'Szampion' kwitły najintensywniej. Najwyższy plon i największe owoce otrzymano dla odmiany 'Szampion' na podkłádce PJ-173/2012. W ocenianym sezonie badawczym drzewa obu odmian standardowych ('Szampion' i 'Gloster') rosły najsilniej na podkłádce PJ-191/2016, słabiej na PJ-173/2012, a najsłabiej na M.9.

Kontynuowano procedurę uzupełniania metek identyfikacyjnych (DNA fingerprinting) dla podkłádek PJ 173/2012 i PJ-191/2016, wytypowanych do zgłoszenia rejestrowego COBORU.

9. Testowanie wartościowych genotypów pod względem tolerancji na stresy biotyczne i abiotyczne w warunkach kontrolowanych (sztuczne przemrażanie roślin, wstępna ocena fenotypowa i molekularna roślin inokulowanych *Phytophthora cactorum* (sprawca zgnilizny podstawy pnia jabłoni)) – w ramach doświadczenia rozpoczętego w 2022 roku (tunel).

Kontynuowano ocenę podatności wyselekcjonowanych podkłádek na porażenie zarodnikami grzyba *P. cactorum*. Z uwagi na fakt, że inokulowane rośliny, zarówno w doświadczeniu z roku 2022, jak i w doświadczeniu ('kopia') założonym w roku 2023, nie wykazywały objawów porażenia, dla roślin z doświadczenia 2023 r. podjęto próbę przeprowadzenia testów pułapkowych (lipiec - współpraca z Pracownią Fitopatologii IO-PIB). Testy polegały na selekcyjnej detekcji obecności aktywnych zarodników *P. cactorum* w próbach ziemi, pobranych z cylindrów, w których rosną rośliny. W uzyskanym materiale nie odnotowano obecności zarodników patogennego grzyba.

Przeprowadzono analizę skolekcjonowanej sekwencyjnej bazy danych (2023; K_PJ-173 vs. Z_PJ-173) celem wyłonienia genów, aktywowanych lub wyciszanych pod wpływem czynnika chorobotwórczego. Na podstawie analizy różnicowej sekwencji zidentyfikowano geny, które poddano adnotacji funkcjonalnej. Zgodnie z nową analizą 1 200 genów zostało przypisanych jako uczestniczące w procesach biologicznych, 286 genów - jako kodujące białka komponentów komórkowych, oraz 627 - kodujących czynniki białkowe o funkcji

Z przeanalizowanej bazy adnotowanych sekwencji transkryptomu podkłádki PJ-173/2012 (K vs. inf), do dalszych badań wytypowano dwa silnie aktywowane w podkłádce porażonej geny (*sHSF* i *BiP*), uczestniczące w regulacji szlaku przetwarzania białek siateczki śródplazmatycznej (*mdm4141*).

Do rozpoznanych sekwencji genów zaprojektowano specyficzne oligonukleotydy dla reakcji RT qPCR.

Relatywną ekspresję wytypowanych genów obliczono w odniesieniu do liczby transkryptu referencyjnego genu *Md18sRNA*, o stabilnej aktywności w badanym układzie eksperymentalnym.

Wysoką aktywność obu badanych genów odnotowano w korzeniach zakażonej podkłádki PJ-173/2012. Niemniej jednak, aktywność genów w materiale pochodzącym z tej podkłádki, skolekcjonowanym w sezonie 2023, była istotnie wyższa w porównaniu do sezonu 2024. Bazując na danych profili ekspresyjnych badanych genów można wnioskować, że są one istotnie skorelowane z przebiegiem infekcji roślin, a wyselekcjonowana w ramach prac hodowlanych ww. podkłádka charakteryzuje się małą podatnością na zgniliznę pierścieniową podstawy pnia korzeni jabłoni.

10. Zakładanie i prowadzenie doświadczeń demonstracyjno-wdrożeniowych dla upowszechniania nowych genotypów;

Prowadzono 1 doświadczenie demonstracyjno-wdrożeniowe:

Podkłádki dla jabłoni – DW-2021 – doświadczenie z 2 klonami podkłádek dla jabłoni: PJ-191/2016 i PJ-173/2012, odmiana standardowa 'Szampion'.

Oceniono intensywność kwitnienia, wielkość plonu i masę 1 owocu oraz siłę wzrostu drzew (wyrażoną jako pole przekroju poprzecznego pnia)

Intensywniej kwitły, lepiej plonowały oraz produkowały większe owoce, drzewa odmiany standardowej 'Szampion' rosnące na podkładce PJ-173/2012. Ponadto, drzewa tej odmiany rosły silniej na podkładce PJ-191/2016 niż na podkładce PJ-173/2012.

W ramach badań molekularnych równolegle prowadzono prace obejmujące:

11. Wyizolowanie DNA/RNA z tkanek roślin wytypowanych genotypów podkładek zróżnicowanych pod względem ocenianych cech (wstępna ocena fenotypowa), przeznaczonych do badań.

Do badań molekularnych wytypowano 5 podkładek dla jabłoni: PJ 173/2012, PJ-191/2016, P 59, P 60 oraz standardowej M.9. Wyizolowane RNA przeznaczono do ilościowych testów RT-qPCR (Corbett Rotorgen 6000, Life science).

Zoptymalizowane testy RT-qPCR przeprowadzono dla genów wyłonionych z eksperymentu NGS (K_PJ-173/2011 vs. Z_PJ-173/2012) (punkt 9). Do sekwencji wyłonionych genów zaprojektowano (PrimerPro3; <https://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) specyficzne oligonukleotydy, które zastosowano w testach do amplifikacji pożądanego fragmentu EST.

12. Wytypowanie sekwencji genów kandydujących oraz sekwencji transpozomowych (dostępne bazy, literatura, sekwencje o zróżnicowanej ekspresji uzyskane z analiz NGS wyłonione na podstawie przeprowadzonego sekwencjonowania transkryptomów podkładek wzorcowych – 2 sekwencje z odczytu bibliotek NGS), do analizy qPCR poprzez opracowanie ich profili ekspresyjnych.

Matryce RNA/ cDNA do badań przesiewowych, pod kątem oceny profilu ekspresji wytypowanych genów kandydujących przygotowane zostały zgodnie z procedurą opisaną w punkcie 11.

Profile ekspresji oceniono dla dwóch genów kandydujących: MDP320387 (koduje białko regulujące odpowiedź roślin na stres mrozu) oraz genu Hsp70 (związany z regulacją informacji genetycznych (Genetic Information Processing), zlokalizowany na chromosomie 5), wyłoniony w analizie porównawczej transkryptomów – K_PJ-173/2012 vs. Z_PJ-173/2012.

Relatywną ekspresję badanych genów obliczano w odniesieniu do genu referencyjnego PAL (koduje amoniakoliazę L-feniloalaninową), który wykazał stabilną liczbę transkryptu w porównawczym układzie eksperymentalnym.

Wzrost aktywności, w odniesieniu do podkładki standardowej M.9, obu badanych genów odnotowano w próbkach liści, pędów i korzeni podkładki PJ-191/2016. Największy wzrost liczby transkryptu obu genów (w przypadku Hsp70 70-krotny, a w przypadku MDP230387; 720-krotny) oszacowano w próbach skolekcjonowanych z korzeni roślin tej podkładki. W przypadku genu MDP230387 największy wzrost liczby transkryptu (ponad 1000-krotny) oszacowano w próbach liści skolekcjonowanych z podkładek PJ-194/2016, P 59 i P 60.

Uzyskane wyniki potwierdziły złożony proces regulacji odpowiedzi roślin na stresy (abiotyczny i biotyczny), który zachodzi na poziomie procesu przetwarzania białek siateczki śródplazmatycznej jak również na poziomie zmian integracji błony komórkowej. Wytypowane do badań geny mogą być wykorzystane do opracowania funkcjonalnych markerów molekularnych przydatnych do wczesnej selekcji podkładek, oraz monitorowanie poziomu ich tolerancji na stres mrozu.

Wyjazdy zagraniczne:

Udział dr Sylwii Keller-Przybyłkiewicz w V European Horticultural Congress - EHC2024, Bukareszt Rumunia, 12-16 maja 2024 r. (<https://ehc.usamv.ro>). Na Kongresie, w formie prezentacji ustnej pt. „Analiza transkryptomu ujawnia geny regulujące reakcję podkładki jabłoni na *P. cactorum*” przedstawiono aktualne wyniki badań genetyczno-hodowlanych nad rozpoznaniem mechanizmu regulacji cechy odporności na porażenie *Phytophthora cactorum* nowych wegetatywnych podkładek dla jabłoni.

- Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Walencik A., Strojny K. 2024. „Transcriptome analysis uncovers the genes regulating the apple rootstock response to *Phytophthora cactorum*.” EHC2024, Genetic Resources in Horticulture: screening, propagation, use, and conservation – Book of Abstracts: str. 55-56, https://ehc.usamv.ro/wp-content/uploads/2024/05/S08_Book-of-abstracts_04.pdf

Wymierne/trwale rezultaty realizacji zadania:

Przeprowadzono charakterystykę molekularną podkładek z kolekcji IO-PIB oraz poszerzono adnotacyjną bazę sekwencyjną dla podkładki PJ-173/2012 sporządzoną dla transkryptomów roślin kontrolnych i zakażanych *P. cactorum*. Określono profile ekspresji wytypowanych genów uczestniczących w regulacji mechanizmów odpowiedzi roślin na stres biotyczny (czynnik chorobotwórczy) i abiotyczny (stres mrozu). Zidentyfikowane funkcjonalne markery molekularne mogą być przydatne do wczesnej selekcji podkładek o najkorzystniejszych wariantach tych genów (MAS, Marker Assisted Selection). Wyselekcjonowane podkładki (PJ-173/2012 i PJ 191/2016) zaliczono do podkładek karłowatych dla jabłoni, o sile wzrostu podobnej do M.9. Włączenie wytypowanych perspektywicznych podkładek dla jabłoni do programów krzyżowań pozwoli na poszerzenie bioróżnorodności w obrębie rodzaju *Malus*. Ponadto, w ramach zadania podjęto próbę wstępnej optymalizacji metody pozyskiwania materiałów wyselekcjonowanych podkładek dla celów inicjacji kultur tkankowych *in vitro*.

Działania upowszechnieniowo-promocyjne:

- Lewandowski M., Keller-Przybyłkiewicz S. 2024. Applied breeding of apple rootstocks conducted at the National Institute of Horticultural Research, Skierniewice, Poland. Proceedings of International Rootstocks Symposium, Macfrut, Plant Nursery Area, Rimini-Expo Centre-Italy, 8-10 May 2024: 72-83
- W dniach 7.06.2024 oraz 30.09.2024 roku w Laboratorium Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych odbyły się zajęcia pokazowe odpowiednio: dla dzieci klas III szkoły podstawowej Zespołu Szkół Ogólnokształcących nr 5 w Skierniewicach oraz dzieci z Przedszkola nr 10 w Skierniewicach.
- Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, Lewandowski Mariusz, Walencik Agnieszka, Czarnecka Renata, Strojny Krzysztof, Krystyna Strączyńska i Trzaska Katarzyna. 'Wytwarzanie i charakterystyka nowych typów podkładek wegetatywnych dla jabłoni hodowli IO-PIB; Konferencja 3.10.2024 w Instytucie Ogrodnictwa – Państwowym Instytucie Badawczym pt: 'Osiągnięcia w Hodowli Roślin Ogrodniczych'. Materiały konferencyjne; abstrakt str. 9-11.
- W dniu 16.10. 2024 w siedzibie ŁODR (Bratoszewice) odbyło się spotkanie dotyczące zastosowania Nowych Technik Genomowych (konwencjonalnych oraz opartych na ukierunkowanej mutagenie). Podczas spotkania odbyły się wykłady dotyczące prawnych i naukowych aspektów zastosowania ww. metod i ich zrozumienie oraz znaczenie w rolnictwie. Udział w spotkaniu był bezpłatny.
- Wykłady dla studentów Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. 19 listopada 2024 wygłoszono prelekcję pt: „Zastosowanie markerów molekularnych i metod biotechnologicznych w ogrodnictwie” – dr inż. Sylwia Keller-Przybyłkiewicz.
- W siedzibie Pracowni Genetyki i Hodowli Roślin Sadowniczych, prowadzono (telefonicznie oraz e-mailowo) porady i konsultacje dla wielu producentów podkładek dla jabłoni. Prowadzono także spotkania informacyjne dla producentów owoców oraz szkółkarzy posiadających lub zainteresowanych licencjami na podkładki dla jabłoni wyhodowane w IO-PIB.

Wykonanie mierników zadania:

Mierniki na 2024 r. dla zadania 3.14.:

1. liczba kombinacji w wykonanym programie krzyżowań – plan: 7, wykonanie: 7
2. liczba uzyskanych materiałów wyjściowych o pożądanym cechach – plan: 4 klony, wykonanie: 4
3. liczba wytypowanych sekwencji DNA/RNA dla pożądanym cech – plan: 2, wykonanie: 2
4. liczba doniesień (ustnych lub posterów) na konferencjach międzynarodowych: plan: 1, wykonanie: 1
5. metodyka wstępnego odkażania roślin podkładek dla jabłoni przed pobraniem pąków do inicjacji kultur tkankowych: plan: 1, wykonanie: 1