

ZADANIE 48

Analiza genetyczna wybranych genotypów brzoskwini (*Prunus persica* L.) z wykorzystaniem czynnika układu krzyżowań i markerów molekularnych

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji – 2022

KIEROWNIK ZADANIA 48

dr inż. Marek Szymajda

e-mail: Marek.Szymajda@inhort.pl

Wykonawcy:

dr Anita Kuras, dr hab. Agnieszka Masny, dr hab. Stanisław Pluta, dr Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, dr Mariusz Lewandowski, dr Łukasz Seliga, mgr Jolanta Kubik, mgr Agnieszka Walencik, mgr Bogusława Idczak, Krystyna Strączyńska, mgr Agnes Zmarlickine Laszlovszky, mgr Renata Czarnecka, Julia Supel, Piotr Skręta, Tadeusz Filipczak, Ilona Skiba, Igor Stankiewicz, Piotr Farej, Arkadiusz wieczorek, Grażyna Charusta, Aleksandra Supel

**Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice**



CELE PROJEKTU

W 2022 r. realizowano dwa tematy badawcze, których celem było:

- ✓ **Ocena wzrostu i owocowania siewek brzoskwini należących do 20 rodzin mieszańcowych pokolenia F_1 . (*temat badawczy 1*)**
- ✓ **Ocena przydatności markerów molekularnych do selekcji mieszańców pokolenia F_1 brzoskwini o białym i żółtym kolorze miąższu (*temat badawczy 2*)**

**Tematy zrealizowano zgodnie z harmonogramem,
a cele osiągnięto**

MATERIAŁY I METODY

Temat badawczy 1.

Ocena siły wzrostu, długości fazy juwenilnej oraz intensywności kwitnienia i owocowania drzew brzoskwini pokolenia F_1 , uzyskanych ze skrzyżowania 9 form rodzicielskich

Formy Rodzicielskie siewek:

- ✓ 4 genotypy mateczne - 'Elberta', 'Madison', Nr 3884 i 'Fioletowomiąższowa' – miąższ koloru bordowego.
- ✓ 5 genotypów ojcowskich - 'Royal Glory', 'Harrow Diamond', 'Harblaze', KD1/2/19 i T5.

(formy rodzicielskie są zróżnicowane pod względem cech fenotypowych owoców (żółto-, biało- i bordowomiąższowe, okrągłe i płaskie, z omszoną skórką i nektaryny oraz o miąższu miękkim i twardym - twardki), a także wywodzą się z różnych rejonów geograficznych świata.

- ✓ Badano 20 rodzin po 40 siewek brzoskwini wyrównanych pod względem siły wzrostu.
- ✓ Doświadczenie polowe założono w układzie bloków losowych (4 powtórzenia po 10 siewek każdej rodziny).
- ✓ Łącznie oceniono 800 siewek posadzonych w rozstawie 4,2 m × 1,0 m.

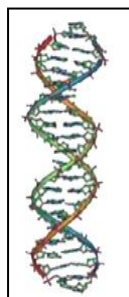
MATERIAŁY I METODY

Temat badawczy 2.

Ocena regionu genomu sprzężonego z kolorem mięszu na wytypowanych z pokolenia F₁ 60 pojedynkach należących do różnych rodzin mieszańcowych



60 genotypów
(32-kolor żółty,
28-biały)



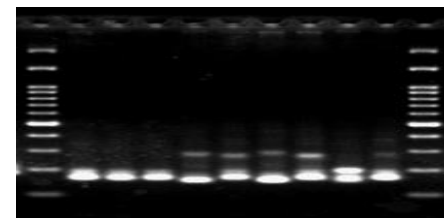
Izolacja DNA
(Doyle & Doyle)



Ocena jakości DNA



PCR-SSR
(10 starterów/LG1)



Wizualizacja
produktów PCR

Analiza polimorfizmu- zestawienie danych, matryca 0/1

Starter	Długość (pz)	GENOTYPY								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
PS12A02	180				+					+
	190	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	210	+					+			+
	260			+						+
PS05C03	280	+	+							
	290			+	+	+	+	+	+	+
	300	+					+			
	390	+	+			+				

Skorelowanie danych
z badaną cechą (barwa mięszu).

Wytypowanie markera
skorelowanego z badaną cechą do
selekcji mieszańców brzoskwini.

WYNIKI

Temat badawczy 1

Ocena siły wzrostu, długości fazy juvenilnej oraz intensywności kwitnienia i owocowania drzew brzoskwini pokolenia F_1 , uzyskanych ze skrzyżowania 9 form rodzicielskich

- ✓ Średnio dla form matecznych największą siłę wzrostu, wyrażoną polem poprzecznego przekroju pnia, posiadały siewki uzyskane z genotypu Fioletowomiąższowa. Przeciętnie dla 5 rodzin, w których genotyp ten był formą mateczną, średnica pnia siewek wynosiła 14,2 cm².
- ✓ Najlepsze zawiązywanie pąków kwiatowych i kwitnienie stwierdzono u siewek uzyskanych z nasion genotypu Nr 3884. Wskazuje to, że siewki te najszybciej ukończyły fazę juvenilną.
- ✓ Siewki uzyskane z nasion genotypu Fioletowomiąższowa i odmiany 'Elberta' najstabilniej zawiązywały pąki kwiatowe i kwitły.
- ✓ Wyniki wskazują, że silny wzrost wegetatywny siewek brzoskwini nie sprzyja zawiązywaniu pąków kwiatowych i owocowaniu drzew.



WYNIKI

Temat badawczy 1

- ✓ Owoce siewek genotypu Nr 3884 dojrzewały wcześniej niż siewki pozostałych form matecznych. Zdecydowanie najpóźniej owocowały siewki genotypu Fioletowomiąszowa.
- ✓ Największy plon owoców wytworzyły siewki uzyskane z nasion genotypu Nr 3884. Średnio dla form ojcowskich najlepiej plonowały siewki, których formą ojcowską była odmiana 'Harrow Diamond'.
- ✓ Najsłabszym owocowaniem odznaczyły się siewki uzyskane z nasion genotypu Fioletowomiąszowa i odmiany 'Elberta'.
- ✓ Siewki uzyskane z nasion odmian 'Elberta' i 'Madison' wytwarzały największe owoce. Średnio dla form ojcowskich największe owoce 'Royal Glory'.



Wnioski:

1. Wzrost siewek brzoskwini uzależniony jest od krzyżowanych form rodzicielskich.
2. Spośród ocenionych 20 rodzin mieszańcowych najsilniejszy wzrost wykazują siewki, których formą mateczną jest genotyp 'Fioletowomiąszowa'.
3. Z ocenianej populacji najlepiej plonują siewki uzyskane z nasion genotypu Nr 3884.

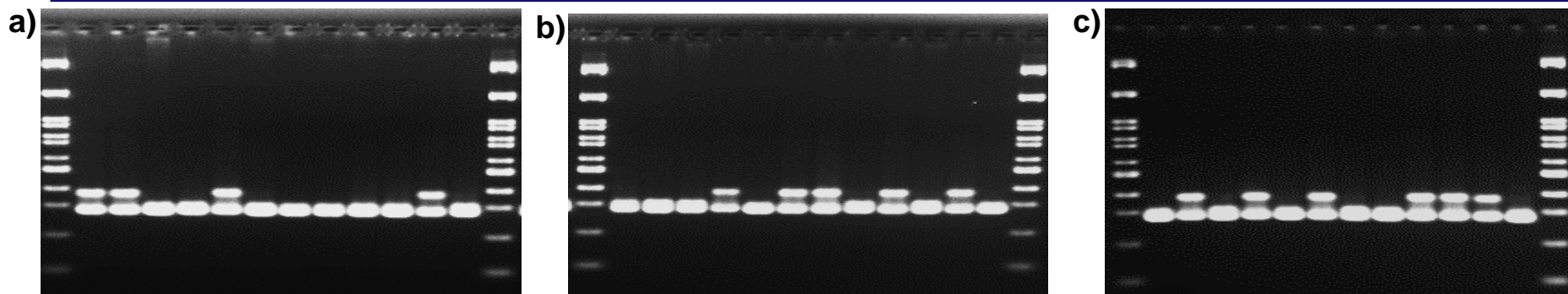
WYNIKI

Temat badawczy 2.

Ocena regionu genomu sprzężonego z kolorem mięszu na wytypowanych z pokolenia F₁ 60 pojedynkach należących do różnych rodzin mieszańcowych

- Łącznie na matrycach DNA wyekstrahowanych z 60 roślin należących do pięciu rodzin mieszańcowych uzyskanych w wyniku krzyżowań genotypu Nr 3884 z pięcioma formami ojcowskimi: Royal Glory, Harblaze, Harrow Diamond, KD1/2/19 i T5, przeprowadzono 3600 reakcji amplifikacji, uzyskano 45 amplikonów.
- Trzy z dziesięciu testowanych oligonukleotydów o nazwach: PS01H03, EPPISF025, PpCCD4 były monomorficzne.
- Długość polimorficznych amplikonów charakteryzujących testowane geotypy brzoskwini wahała się od 160 do 400 pz.
- Utworzono tabelę z profilami genetycznymi uzyskanymi w reakcji amplifikacji z dziesięcioma oligonukleotydami metodą SSR dla 60 genotypów należących do pięciu rodzin mieszańcowych.

WYNIKI (TEMAT BADAWCZY 2 c.d.)



Przykładowy elektroforegram produktów amplifikacji z oligonukleotydem PS05C03. a) nr. k11 (Nr 3884 x 'Royal Glory'), b) nr. k12 (Nr 3884 x 'Harblaze'), c) nr. k13 (Nr 3884 x 'Harrow Diamond').

Starter	Długość	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
PS05C03	280																				+	+										
	290					+	+	+	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+			+	+	+	+	+	+	+	+	+	
	300	+	+	+	+						+														+			+	+	+		
	390			+	+	+						+					+	+		+	+			+		+	+					
PS07A02	210	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		
	220	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	+	+	+		+							+	+		+	+	
	230											+							+		+	+	+	+	+	+			+			
	250			+																											+	
	270																														+	
	280			+		+																										

Fragment tabeli przedstawiającej profile genetyczne uzyskane w reakcji amplifikacji z dziesięcioma oligonukleotydami metodą SSR dla genotypów należących do pięciu rodzin mieszańcowych brzoskwini

Wnioski:

1. Wytypowane markery do weryfikacji badanych siewek mieszańcowych pod względem koloru miąższu owoców żółty/biały nie są znacząco skorelowane z badaną cechą. Istnieje zatem konieczność kontynuowania badań w kolejnych latach realizacji projektu.