

ZADANIE 48

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

POSTĘP BIOLOGICZNY
Okres realizacji – 2024

KIEROWNIK ZADANIA 48

dr inż. Marek Szymajda

e-mail: Marek.Szymajda@inhort.pl

Wykonawcy:

**dr Anita Kuras, dr hab. Agnieszka Masny, prof. dr hab. Stanisław Pluta,
dr Mariusz Lewandowski, dr Sylwia Keller-Przybyłkiewicz, dr Łukasz Seliga,
mgr Renata Czarnecka, mgr Bogusława Idczak, mgr Jolanta Kubik,
Marcin Dziedzic, Anna Koziół-Mroczkowska, Katarzyna Kowalczyk, Szymon Trzaska**

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



CELE PROJEKTU

W 2025 r. realizowano dwa tematy badawcze, których celem była:

- ✓ **Ocena wzrostu i owocowania siewek brzoskwini należących do 20 rodzin mieszańcowych pokolenia F_1 (*temat badawczy 1*)**
- ✓ **Ocena przydatności markerów molekularnych sprzężonych z wielkością owoców do selekcji mieszańców pokolenia F_1 brzoskwini zróżnicowanych pod względem badanej cechy (*temat badawczy 2*)**

**Tematy zrealizowano zgodnie z harmonogramem,
cele zostały osiągnięte**

MATERIAŁY I METODY

Temat badawczy 1

Ocena siły wzrostu oraz owocowania drzew brzoskwini pokolenia F_{11} 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 skórą i bez omszenia (nektaryny) oraz o miąższu miękkim i twardym (twardki)), a także wywodzą się z różnych rejonów geograficznych świata.

- ✓ Doświadczenie polowe założono w układzie bloków losowych (4 powtórzenia po 10 siewek każdej rodziny). Siewki posadzono w rozstawie 4,2 m × 1,0 m.
- ✓ Oceniono 7 cech fenotypowych u 800 siewek brzoskwini.

WYNIKI

Temat badawczy 1

Ocena siły wzrostu oraz owocowania drzew brzoskwini pokolenia F_{11} 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, pole poprzecznego przekroju pnia siewek wynosiło 30,8 cm².
- ✓ Intensywność kwitnienia wynosiła od 6,9 pkt. (w dziewięciopunktowej skali bonitacyjnej) w rodzinie siewek uzyskanych ze skrzyżowania odmian 'Elberta' × 'Royal Glory' do 8,8 pkt. w rodzinie siewek Nr 3884 × T5.



WYNIKI

Temat badawczy 1

- ✓ Średnio owoce siewek genotypu Nr 3884 dojrzewały wcześniej niż siewki pozostałych form matecznych. Zdecydowanie najpóźniej owocowały siewki genotypu Fioletowomiąższowa.
- ✓ Największy plon owoców wytworzyły siewki uzyskane z nasion odmiany 'Fioletowomiąższowa' i genotypu Nr 3884, natomiast najmniejszy plon owoców miały siewki odmiany 'Elberta'.
- ✓ Wśród rodzin mieszańcowych największy plon owoców wytworzyły siewki otrzymane ze skrzyżowania genotypów 'Fioletowomiąższowa' × T5.
- ✓ Średnio siewki odmiany 'Elberta' wytwarzały większe owoce niż siewki pozostałych form matecznych. Zdecydowanie najmniejsze owoce wytwarzały siewki, których formą mateczną był genotyp Nr 3884.



WNIOSKI

1. Spośród ocenionych 20 rodzin mieszańcowych najsilniejszy wzrost wykazują siewki, których formą mateczną jest genotyp ‘Fioletowomiąższowa’.
2. Z ocenianej populacji najlepiej plonują siewki uzyskane z nasion genotypu Nr 3884.
3. Wśród ocenianych form rodzicielskich największe owoce wytwarzają siewki, których formą mateczną jest odmiana ‘Elberta’.



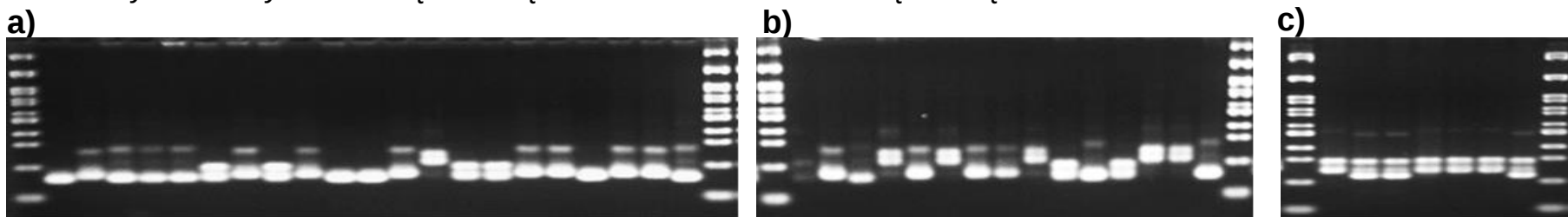
WYNIKI

Temat badawczy 2

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

- ✓ Łącznie na matrycach DNA wyekstrahowanych z 60 roślin należących do czterech rodzin mieszańcowych uzyskanych w wyniku krzyżowań genotypu 'Madison' z czterema formami ojcowskimi: 'Royal Glory', 'Harblaze', 'Harrow Diamond' i T5, przeprowadzono 3600 reakcji amplifikacji, uzyskano 51 amplikonów.
- ✓ Długość polimorficznych amplikonów charakteryzujących testowane geotypy brzoskwini wahała się od 140 do 400 pz.
- ✓ W reakcjach amplifikacji z wytypowanymi do badań oligonukleotydami obserwowano allele u genotypów o różnej wielkości owoców (bardzo mały, mały, średni, duży).
- ✓ W reakcji amplifikacji z zastosowaniem markera CPPCT022 obserwowano fragment DNA o długości 290 pz u 55% mieszańców rodzących owoce małe, 61% genotypów rodzących średnie owoce i 73% o dużych owocach oraz fragment DNA 320 pz 61% mieszańców o średnich owocach.
- ✓ W reakcji amplifikacji z zastosowaniem markera CPPCT028 obserwowano fragmenty DNA o długości 160 pz u 73% mieszańców rodzących średnie owoców, 45% małe i 20% duże owoce.
- ✓ W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem M 026A obserwowano fragmenty o długości 190 pz u 55% (małe owoce), 33% (średnie owoce), 27% (duże owoce), fragment DNA o długości 200 pz u 36% mieszańców rodzących małe owoce, 58% o średnich owocach i 53% o dużych owocach.

- ✓ W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem PS12a obserwowano fragmenty o długości 170, 180, 190, 210 i 230 pz odpowiednio u pięciu, siedmiu, siedmiu, ośmiu z 15 testowanych genotypów o małej wielkości owoców oraz trzynastu, siedemnastu, dwudziestu trzech i czterech z 33 testowanych mieszańców rodzących owoce średnich rozmiarów i sześciu, dziesięciu, sześciu i jedenastu z 15 testowanych genotypów o dużych owocach.
- ✓ W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem UDP96-05 obserwowano fragmenty o długości 160, 170 i 190 pz odpowiednio u dziesięciu, dwóch i pięciu z 11 testowanych genotypów rodzących małe owoce i dwudziestu dwóch, dziewiętnastu i sześciu z 33 testowanych mieszańców o średniej wielkości owoców oraz trzynastu, jednego i siedmiu z 15 testowanych genotypów o dużych owocach (tabela 3). Uzyskane wyniki nie są znacząco skorelowane z badaną cechą.



Fot. 1. Przykładowe elektroforogramy produktów amplifikacji na matrycy 60 roślin mieszańcowych pokolenia F1 należących do czterech rodzin z oligonukleotydem: a) BPPCT 015 ('Medison' × T5), b) BPPCT 015 ('Medison' × 'Harblaze'), c) RPG7 015 ('Medison Diamond' × 'Harrow')

Wnioski:

1. Wytypowane markery do weryfikacji badanych siewek mieszańcowych pod względem wielkości owoców nie są znacząco skorelowane z badaną cechą. Istnieje zatem konieczność weryfikacji kolejnych markerów lub/i innej grupy genotypów brzoskwini.

PREZENTACJA WYNIKÓW BADAŃ NA KONFERENCJI

Prezentacja wyników na Konferencji Naukowej – pt. „Wyzwania współczesnego ogrodnictwa”, Uniwersytet Przyrodniczy Lublin, 4-6 czerwca 2025 r.



Marek Szymajda, Szymon Trzaska
Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice



Wpływ form rodzicielskich brzoskwini (*Prunus persica* L.) na wzrost i owocowanie uzyskanych siewek pokolenia F₁

WSTĘP

Najważniejszym czynnikiem wpływającym na postęp hodowli jest właściwy dobór form rodzicielskich oraz program krzyżowania, uwzględniający na wyzwanie odmian zgodnie z celem hodowli. Bardzo istotne jest możliwości skutecznego skrzyżowania z programem krzyżowania form rodzicielskich o niewielu wartości hodowlanej i efektywno wykorzystywanie w tym celu genotypów rodzicielskich o cechach pożądanych u potomstwa.

Celem badań była ocena wpływu form rodzicielskich brzoskwini na wzrost i owocowanie uzyskanych siewek brzoskwini należących do 20 rodzin mieszańcowych pokolenia F₁.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie polowe założono wiosną 2021 r. w kwaterze selekcyjnej Sadu Pomologicznego w Skierniewicach. Posadzono w nim jednoroczne siewki brzoskwini pokolenia F₁ należące do 20 rodzin mieszańcowych, uzyskane z krzyżowań 4 genotypów matecznych ('Elberta', 'Maddon', Nr 3884 i 'Fioletowomiazgowska') między sobą brzośkowymi oraz 5 genotypów apowich ('Royal Glory', 'Harrow Diamond', 'Hastula', 'KID1576' i 'T5') z brzośkowymi pod względem cech fenologicznych owoców: koloru, kształtu i brzośkowizacji, cięgien i pasków, z omszoną skórą i bez omszenia (nietkany) oraz o miąższu miękkim i twardym ('twardki'), a także wyznaczonych się z różnych rejonów geograficznych świata.

Doświadczenie polowe założono w układzie bloków losowych, w czterech powtórzeniach po 10 siewek z każdej rodziny (4 × 10 siewek = 40 siewek jednej rodziny). Łącznie w doświadczeniu posadzono 800 siewek (20 rodzin × 40 siewek). W rozstawie 4,2 m × 1,5 m. Odczyty wzrostu i owocowania siewek prowadzono w latach 2023-2024.



Fot. 1. Posażenie siewek w siewki kwaterze polowej.

Doświadczenie prowadzono w ramach Sadu Pomologicznego na terenie Instytutu Ogrodnictwa – Państwowego Instytutu Badawczego w Skierniewicach. Zadanie 48 „Analiza genetyczna wybranych genotypów brzoskwini (*Prunus persica* L.) z wykorzystaniem czynników skrzyżowania i markerów molekularnych”.

WYNIKI

Najmniejszą siłę wzrostu, wyrażoną polem poprzecznego przekroju, pnia, miały siewki brzoskwini należące do rodzin mieszańcowych uzyskanych z nasion genotypu Nr 3884, natomiast zdecydowanie najsilniej rosły siewki uzyskane z nasion genotypu 'Fioletowomiazgowska'. Wśród ocenianych rodzin mieszańcowych brzośkowizacji najsilniej rosły siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów Nr 3884 × 'Harrow Diamond' i Nr 3884 × 'T5', natomiast zdecydowanie najsłabiej rosły siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów 'Fioletowomiazgowska' i 'KID1576' oraz 'Fioletowomiazgowska' i 'Royal Glory'.

W każdej rodzinie siewki odczytywano także intensywność. Jednak najmniejszy plon owoców wytworzyły siewki, których formą mateczną był genotyp Nr 3884, natomiast najmniejszy plon owoców wytworzyły siewki, których formą mateczną był genotyp 'Fioletowomiazgowska'. Spośród badanych rodzin najsłabiej plon owoców wytworzyły siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów Nr 3884 × T5.



Fot. 2. Siewki brzoskwini w kwaterze polowej.

Fot. 3. Owoce brzoskwini w kwaterze polowej.

Tabela 1. Kształtowanie oraz owocowanie i wzrost siewek brzoskwini pokolenia F₁ w 20 rodzinach mieszańcowych (ludźnia 2023-2024).

Rodzina (rodzic mateczny × rodzic apow)	Forma mateczna	Forma apowa	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)	Wzrost (cm)
Elberta × Royal Glory	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Elberta × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Elberta × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Elberta × KID1576	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Elberta × T5	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Elberta × Fioletowomiazgowska	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × Royal Glory	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × KID1576	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × T5	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Maddon × Fioletowomiazgowska	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × Royal Glory	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × KID1576	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × T5	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Nr 3884 × Fioletowomiazgowska	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × Royal Glory	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × Harrow Diamond	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × KID1576	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × T5	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		
Fioletowomiazgowska × Fioletowomiazgowska	0,00	0,00	1,33	7,5	15,1	23,8	0,40		

WNIOSKI

1. Spośród ocenianych 20 rodzin mieszańcowych najsłabiej rosły siewki, których formą mateczną był genotyp Nr 3884.
2. Z ocenianych populacji najsłabiej rosły siewki uzyskane z nasion genotypu Nr 3884.
3. Najsłabiej rosły siewki, których formą mateczną był genotyp 'Fioletowomiazgowska'.

* siewki brzoskwini 'F1' brak kwaterze 3-owocowa siewki 'Fioletowomiazgowska' 7 kwaterze 2-owocowa, 1 kwaterze 1-owocowa.

** pole poprzeczne przekroju pnia.

Wpływ form rodzicielskich brzoskwini (*Prunus persica* L.) na wzrost i owocowanie uzyskanych siewek pokolenia F₁

MAREK SZYMAJDA, SZYMON TRZASKA

Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy

marek.szymajda@inhort.pl

W latach 2023–2024 badano wpływ dziewięciu form rodzicielskich brzoskwini na wzrost i owocowanie siewek należących do 20 rodzin mieszańcowych. Najmniejszą siłę wzrostu miały siewki brzoskwini należące do rodzin mieszańcowych uzyskanych z nasion genotypu Nr 3884, natomiast zdecydowanie najsilniej rosły siewki uzyskane z nasion genotypu 'Fioletowomiazgowska'. Z ocenianych rodzin mieszańcowych najsłabiej rosły siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów Nr 3884 × 'Harrow Diamond' i Nr 3884 × T5.

W każdej rodzinie siewki owocowały dość intensywnie. Jednak największy plon owoców wytworzyły siewki, których formą mateczną był genotyp Nr 3884, natomiast najmniejszy plon wytworzyły siewki odmiany 'Fioletowomiazgowska'. Spośród badanych rodzin najsłabiej plon owoców wytworzyły siewki uzyskane ze skrzyżowania genotypów Nr 3884 × T5. Siewki odmiany 'Elberta' wytworzyły większe owoce niż siewki pozostałych form matecznych. Najmniejsze owoce wytwarzały siewki, których formą mateczną był genotyp Nr 3884. Owoce siewek genotypu Nr 3884 dojrzewały wcześniej niż siewki pozostałych form matecznych. Zdecydowanie najpóźniej owocowały siewki genotypu 'Fioletowomiazgowska'.

Badania prowadzono w ramach Badań Podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej – Zadanie 48 „Analiza genetyczna wybranych genotypów brzoskwini (*Prunus persica* L.) z wykorzystaniem czynnika krzyżowania i markerów molekularnych”.

The influence of parental forms of peach (*Prunus persica* L.) on the growth and fruiting of F₁ generation seedlings

In the years 2023–2024, the influence of nine parental forms of peach on the growth and fruiting of F₁ seedlings belonging to 20 hybrid families was investigated. The lowest growth vigor was observed in peach seedlings from hybrid families derived from genotype No. 3884 seeds, whereas the strongest growth was exhibited by seedlings obtained from 'Fioletowomiazgowska' variety seeds. Among the evaluated hybrid families, the weakest growth was recorded in seedlings obtained from the crosses of No. 3884 × 'Harrow Diamond' and No. 3884 × T5.

Seedlings in each family fruited quite intensively. However, the highest fruit yield was produced by seedlings whose maternal form was genotype No. 3884, while the lowest yield was observed in seedlings of the 'Fioletowomiazgowska' variety. Among the studied families, the highest fruit yield was produced by seedlings obtained from the cross of genotypes No. 3884 × T5. Seedlings of the cv. 'Elberta' produced larger fruits than those of other maternal forms. The smallest fruits were produced by seedlings whose maternal form was genotype No. 3884. The fruits of genotype No. 3884 seedlings ripened earlier than those of other maternal forms. The latest fruiting was recorded in seedlings of the 'Fioletowomiazgowska' genotype.

The research was carried out as part of tasks for biological progress reimbursed by Polish Ministry of Agriculture and Rural Development – task No 48 „Genetic analysis of selected peach (*Prunus persica* L.) genotypes using factorial cross-breeding design and molecular markers”.