

Zmienność i mapowanie wybranych cech ilościowych związanych z parametrami owoców oraz plonem dyni olbrzymiej (*Cucurbita maxima* Duchesne)

Karolina Kaźmińska, Aleksandra Korzeniewska, Katarzyna Niemirowicz-Szczytt, Grzegorz Bartoszewski

Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogrodnictwa Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Dynia olbrzymia (*Cucurbita maxima* Duchesne) jest gatunkiem dobrze przystosowanym do uprawy w polskich warunkach klimatycznych. Może wydawać wysoki plon i nie wymaga zabiegów chemicznej ochrony roślin. Owoce dyni posiadają dużą wartość odżywczą, właściwości dietetyczne oraz lecznicze. Rosnące zainteresowanie dynią olbrzymią związane z wykorzystaniem owoców w przemyśle przetwórczym generuje potrzebę otrzymywania nowych, wartościowych odmian tego gatunku. Cechy związane z parametrami owoców i plonem to jedne z najważniejszych cech branych pod uwagę w zarówno w hodowli jak i w uprawie dyni olbrzymiej. Identyfikacja QTL (Quantitative Trait Loci) oraz markerów molekularnych ściśle sprzężonych z loci tych cech znacząco skróciłoby proces hodowlany. Celem pracy była ocena fenotypowa populacji rekombinacyjnych linii wsobnych oraz identyfikacja QTL związanych z parametrami owoców i plonem dyni olbrzymiej. Przeprowadzono ocenę fenotypową populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL) pod względem cech ilościowych takich jak: średnia masa owocu, liczba owoców na roślinę, długość i szerokość owocu, grubość miąższu, procentowy udział gniazda nasiennego, sucha masa owocu, wczesność oraz plon. W badaniach wykorzystano populację składającą się ze 92 RIL pokolenia F₆ uzyskanych w wyniku skrzyżowania dwóch linii dyni olbrzymiej o odmiennym pochodzeniu i skrajnie zróżnicowanych pod względem badanych cech. Doświadczenie polowe założono w układzie losowym w trzech powtórzeniach i prowadzono przez dwa lata. Ocenę badanych cech przeprowadzono w trakcie kwitnienia (wczesność), po zbiorze owoców (średnia masa owocu, liczba owoców na roślinę, długość i szerokość owoców, grubość miąższu, procentowy udział gniazda nasiennego i plon) oraz po miesięcznym okresie przechowywania (sucha masa). W oparciu o uzyskane dane fenotypowe wykonano analizy statystyczne (jednoczynnikowa analiza wariancji, analiza korelacji) oraz przeprowadzono analizę QTL. Linie rodzicielskie wykazywały istotne statystycznie różnice w odniesieniu do wartości cech. Zakres zmienności cech w populacji przekraczał wartości cech dla linii rodzicielskich. Analiza korelacji wykazała ściśle zależności pomiędzy większością spośród badanych cech. Wykorzystując wcześniej skonstruowaną mapę genetyczną zidentyfikowano QTL związane ze średnią masą owocu, liczbą owoców na roślinie, długością i szerokością owocu, grubością miąższu, procentowym udziałem gniazda nasiennego, suchą masą owocu, oraz wczesnością i plonem, w tym główne QTL na chromosomach 2, 4, 14 i 17 wyjaśniające powyżej 20% zmienności fenotypowej.

Prace zostały wykonane w ramach projektu wieloletniego „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju” koordynowanego przez IHAR-PIB, nr. zadania 1.3 i były częściowo finansowane przez MRiRW.