

Zadanie 1.1. Wytworzenie materiałów wyjściowych do hodowli mieszańców F₁ wybranych gatunków warzyw z uwzględnieniem cech jakościowych, odpornościowych i prozdrowotnych

Kierownik zadania: dr Piotr Kamiński

Celem zadania było wytworzenie nowych odmian heterozyjnych dla ważnych gospodarczo gatunków roślin warzywnych takich jak: pomidor, ogórek gruntowy, kapusta głowiasta biała i marchew, charakteryzujących się wysoką jakością plonu, odpornością na najważniejsze choroby i stresy abiotyczne, wysoką wartością odżywczą i prozdrowotną oraz dobrą przydatnością do przetwórstwa i przechowalnością.

W roku 2020 dla czterech gatunków warzyw (**kapusta głowiasta biała, marchew, pomidor pod osłony i pomidor połowy, ogórek połowy**) prowadzono ocenę oraz selekcję i rozmnożenie kolejnych pokoleń generatywnych linii hodowlanych oraz eksperymentalnych mieszańców F₁. Dla każdego z gatunków stosowano metody hodowli konwencjonalnej oraz biotechnologiczne wraz z analityką fizykochemiczną i sensoryczną. Badano cechy związane z plennością, korzystnymi cechami anatomiczno-morfologicznymi, przydatnością do przechowalności i przetwórstwa, zawartością składników odżywczych i prozdrowotnych oraz cech związanych z dobrą jakością plonu w tym poziomie odporności na najważniejsze choroby oraz czynniki abiotyczne takie jak stres suszy. Badania prowadzono na polu doświadczalnym, w szklarni oraz laboratoriach molekularnym, odpornościowym, sensorycznym i fizykochemicznym w Instytucie Ogrodnictwa oraz Stacjach Doświadczalnych Oceny Odmian.

Jednocześnie prowadzono selekcję linii wsobnych badanych gatunków warzyw celem ich rozmnożenia generatywnego oraz tworzenia eksperymentalnych mieszańców F₁. Dla wyselekcjonowanych linii wsobnych dokonano analizy najważniejszych cech agrobotanicznych i zdrowotności, co pozwoliło na ocenę ich wartości użytkowej oraz na ich późniejsze wykorzystanie w hodowli twórczej.

Otrzymano nasiona wybranych genotypów marchwi, kapusty głowiastej białej, pomidora oraz ogórka przeznaczonych hodowli twórczej. Linie te odznaczają się podwyższonym poziomem homozygotyczności i dużym zróżnicowaniem pod względem większości ocenianych cech morfologicznych roślin i owoców. Stanowią one źródło nowej zmienności genetycznej oraz są cennym materiałem wyjściowym do hodowli nowych odmian heterozyjnych. Otrzymane kolejne pokolenie wsobne linii i mieszańców heterozyjnych będą wykorzystane w doświadczeniach porównawczych celem ich oceny wyrównania wewnątrzliniowego, jakości, odporności na czynniki biotyczne i abiotyczne.

W wyniku przeprowadzonych badań otrzymano mapę genetyczną ogórka zbudowaną z 6. grup sprzężeń o łącznej wielkości 820,1 cM, i rozdzielczości 6,85 cM. Grupy sprzężeń zmapowano na wszystkich chromosomach genomu ogórka, za wyjątkiem chromosomu 2, na podstawie lokalizacji markerów SSR na wysokorozdzielczej mapie genetycznej opracowanej przez Ren'a i in. (2009). Na mapę naniesiono ogółem 130 markerów, w tym: 18 - RAPD, 1 - ISSR, 2 - SCAR, 3 - CAPS, 1 - InDel oraz 105 - SSR. Następnie analiza QTL przeprowadzona metodą złożonego mapowania interwałowego umożliwiła wykrycie 13. regionów związanych z reakcją roślin F₂ na porażenie przez *P. cubensis* na czterech chromosomach ogórka. Najwięcej, osiem

QTL zmapowano na chromosomie 5, natomiast najmniej, po jednym QTL na chromosomach 3 i 6. Ponadto na chromosomie 4 zmapowano trzy loci cech ilościowych.

Na podstawie analizy wyników dotyczących mapowania QTL, do dalszych badań wytypowano 15 ze 130. markerów z otrzymanej mapy genetycznej ogórka, które położone były najbliżej zidentyfikowanych QTL o najwyższym współczynniku determinacji ($R^2 = 9,9\% - 61,3\%$). Wytypowane markery wykorzystano do amplifikacji DNA z 33. linii/odmian/mieszańców F_1 o znanej reakcji na porażenie przez *P. cubensis*. Umożliwiło to scharakteryzowanie tych materiałów pod kątem obecnych QTL odporności. Na podstawie analizy regresji wielorakiej danych fenotypowych oraz genotypowych dla badanych linii, mieszańców F_1 oraz odmian, wytypowano osiem markerów DNA: M_DM1, M_DM2, M_DM3, M_DM4, M_DM5, M_DM6, M_DM7, M_DM8, których profil genotypowania nie różnił się istotnie od fenotypu ($p < 0,05$). Markery te charakteryzowały się współczynnikiem korelacji w zakresie od 0,335 do 0,814. Największa zgodność oceny fenotypowej z genotypową cechowała markery: M_DM1 (93,9%), M_DM2 (87,9%), M_DM3 (87,9%). Warto zaznaczyć, że te trzy markery były sprzężone z QTL o dużym wpływie na ekspresję omawianej cechy w badanej populacji mapującej, wynoszącej odpowiednio 61,3%, 37,1% i 27,9% zmienności fenotypowej. Współczynnik korelacji dla pozostałych siedmiu markerów: M_DM4, M_DM5, M_DM6, M_DM7, M_DM8 wynosił od -0,341 do 0,094, natomiast zgodność oceny genotypowej z fenotypową mieściła się w przedziale od 18,2% do 78,8%. Przeprowadzone badania pozwoliły na wytypowania trzech markerów DNA: M_DM1, M_DM2, M_DM3 najbardziej użytecznych w selekcji genotypów ogórka odpornych na tego patogena, które mogą zostać wykorzystane w programach hodowlanych tego gatunku.

Przeprowadzone badania pozwoliły na zgłoszenie do badań rejestrowych w COBORU 1 nowej odmiany mieszańcowej pomidora pod osłony SKW1320. Dla kapusty głowiastej białej dokonano zgłoszenia do badań rejestrowych w COBORU dwóch mieszańców heterozyjnych (SKW 1720 i SKW1820) a dla ogórka gruntowego zgłoszono mieszańca SKW2120, który odznaczył się wysokim potencjałem plonotwórczym, tolerancją na mączniaka rzekomego oraz bardzo dobrą jakością sensoryczną owoców i przydatnością do przetwórstwa.

Opublikowano pracę popularno-naukową „Kamiński P. 2020. Hodowla mieszańcowa nowych odmian roślin kapustowatych. www.wodr.poznan.pl”