

EWA SIEDLECKA
AGNIESZKA SKARZYŃSKA
ALEKSANDRA MAJEWSKA
ALICJA GAŁADYK
MICHAŁ WOJCIESZEK
MAGDALENA PAWEŁKOWICZ
WOJCIECH PŁADER
ZBIGNIEW PRZYBECKI

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa,
Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu,
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
e-mail: ewa_siedlecka@sggw.pl

Gen *CsWIP1* o domenie palca cynkowego Cys_2/His_2 w zmutowanej linii ogórka 2gg o recesywnym *locus gygy*

Determinacja płci roślin jest złożonym procesem o znaczeniu biologicznym, ewolucyjnym i ekonomicznym. U jednopiennych gatunków z rodziny Dyniowatych (*Cucurbitaceae*), bez wyraźnego dymorfizmu płciowego roślin oraz bez heteromorficznych chromosomów płci, badanie mechanizmu determinacji płci jest utrudnione. Bazując na posiadaniu unikalnej w skali świata kolekcji mutantów chemicznych względem genów płci, możliwe jest identyfikowanie oraz badanie genów płci. W Katedrze Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, SGGW w Warszawie, dostępna jest unikalna kolekcja linii ogórka (*Cucumis sativus* L.), będąca dorobkiem nauki polskiej. W kolekcji wyróżnić można linie charakteryzujące się (1) recesywną żeńskością — genotyp: *MMffgygyAA* (linia 2gg), (2) dominującą żeńskością — genotyp: *MMFFGyGyAA* (linia Gy3), (3) mało poznaną trójjednopiennością o nietypowych morfologicznie załączniach kwiatów żeńskich i hermafrodytycznych (linia 2667), (4) kwiatami tylko hermafrodytycznymi — genotyp: *mmFFGyGyAA* (linia HGy3), (5) jednopiennością — genotyp: *MMffGyGyAA* (linia B10, typ dziki).

Celem niniejszej pracy jest przeprowadzenie analiz molekularnych genu płci *CsWIP1* w rozwijających się pąkach kwiatowych ogórka oraz w populacji segregującej w *locus Gy/gy*.

Posiadając unikalne linie ogórka B10 i 2gg wykonano reakcje PCR osobników rodzicielskich P, pokolenia F_1 i F_2 . W pokoleniu P tylko w linii B10, F_1 oraz u 69

osobników F_2 charakteryzujących się jednopiennością (*locus GyGy* lub *Gygy*) otrzymano produkt PCR długości 1200 nukleotydów. W pokoleniu P linii 2gg oraz u 23 żeńskich osobników (recesywne *locus gygy*) F_2 nie obserwowano produktu PCR. Gen *CsWIP1* został zmapowany w *locus Gy/gy*. Przeprowadzono analizy ekspresji genu *CsWIP1* w rozwijających się pąkach kwiatowych ogórka używając par starterów zaprojektowanych do niehomologicznych regionów cDNA między badanymi liniami. Startery WIP-7 użyte w reakcji qPCR wykazały znaczący wzrost ekspresji w pąkach kwiatowych linii 2gg w porównaniu do linii B10. Pozostałe pary starterów WIP-2, WIP-4, WIP-6, WIP-8 pokazały wyższy poziom ekspresji w linii B10. Parę starterów WIP-7 wybrano do dalszych analiz.