

# ZADANIE 48

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

**POSTĘP BIOLOGICZNY**  
**Okres realizacji – 2024**

**KIEROWNIK ZADANIA 48**

**dr inż. Marek Szymajda**

**e-mail: [Marek.Szymajda@inhort.pl](mailto:Marek.Szymajda@inhort.pl)**

### **Wykonawcy:**

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

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



# CELE PROJEKTU

**W 2024 r. realizowano dwa tematy badawcze, których celem było:**

- ✓ **Ocena wzrostu i owocowania siewek brzoskwini należących do 20 rodzin mieszańcowych pokolenia F<sub>1</sub> (*temat badawczy 1*)**
- ✓ **Ocena przydatności markerów molekularnych do selekcji mieszańców pokolenia F<sub>1</sub> brzoskwini o białym i żółtym kolorze miąższu (*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 $F_{1,1}$ 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 bez omszenia (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). Siewki posadzono w rozstawie 4,2 m × 1,0 m.
- ✓ Oceniono 8 cech fenotypowych u 800 siewek brzoskwini.

# MATERIAŁY I METODY

## Temat badawczy 2.

Ocena regionu genomu sprzężonego z kolorem miąższu na wytypowanych z pokolenia F<sub>1</sub> 60 pojedynkach należących do różnych rodzin mieszańcowych



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



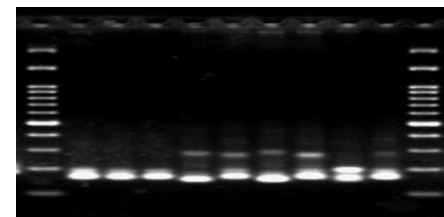
Izolacja DNA  
(Doyle & Doyle)



Ocena jakości DNA



PCR-SSR  
(10 starterów)



Wizualizacja  
produktów PCR

Analiza polimorfizmu- zestawienie danych, matryca 0/1

Skorelowanie danych  
z badaną cechą (barwa miąższu).

Wytypowanie markera  
skorelowanego z badaną cechą  
do selekcji mieszańców  
brzoskwini.

NAZWA STARTERA	DŁUGOŚĆ (pz)	GENOTYPY																					
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
BPPCT 017	180	+					+	+	+	+		+					+	+	+		+		
	190		+	+	+	+					+		+	+	+						+		+
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
BPPCT 020	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	240	+	+	+		+						+	+			+	+	+	+		+		+

# WYNIKI

## Temat badawczy 1

### Ocena siły wzrostu oraz owocowania drzew brzoskwini pokolenia $F_{12}$ 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 26,9 cm<sup>2</sup>.
- ✓ Intensywność kwitnienia wynosiła od 5,4 pkt. (w dziewięciopunktowej skali bonitacyjnej) w rodzinie siewek uzyskanych ze skrzyżowania odmian 'Fioletowomiąższowa' × 'Royal Glory' do 8,7 pkt. w rodzinie Fioletowomiąższowa × Harblaze.



# WYNIKI

## Temat badawczy 1

- ✓ Średnio 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, natomiast najmniejszy plon owoców miały siewki odmiany 'Fioletowomiąszowa'.
- ✓ Największy plon owoców wytworzyły siewki z rodziny Nr 3884 × 'Harblaze'.
- ✓ Średnio siewki odmiany 'Elberta' wytwarzały większe owoce niż siewki pozostałych form matecznych. 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 ‘Fioletowomiąszowa’.
2. Silny wzrost wegetatywny drzew nie sprzyja ich obfitemu owocowaniu.
3. Z ocenianej populacji najlepiej plonują siewki uzyskane z nasion genotypu Nr 3884.
4. Największe owoce wytwarzają siewki, których formą mateczną są odmiany ‘Elberta’ i ‘Madison’.



# WYNIKI

## Temat badawczy 2.

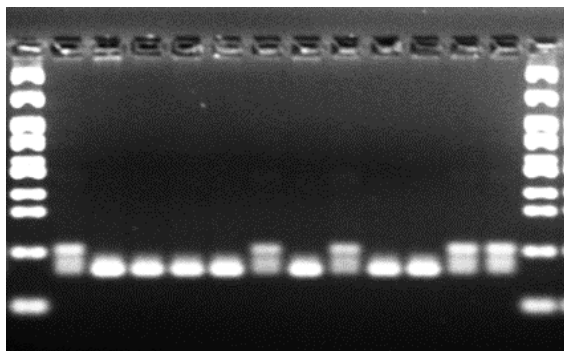
### Ocena regionu genomu sprzężonego z kolorem miąższu na wytypowanych z pokolenia F<sub>1</sub> 60 pojedynkach należących do różnych rodzin mieszańcowych

- ✓ 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 34 amplikony.
- ✓ W reakcji z dwoma z dziesięciu testowanych oligonukleotów o nazwie: CR i Mpro 1 uzyskano tylko jeden monomorficzny fragment DNA o długości odpowiednio 280 i 620 pz..
- ✓ Długość polimorficznych amplikonów charakteryzujących testowane geotypy brzoskwini wahała się od 140 do 300 pz..
- ✓ W reakcji amplifikacji z oligonukleotydem BPPCT017 obserwowano między innymi allele o długości 180 i 190 pz odpowiednio u mieszańców rodzających owoce o żółtym (63%, 56%) i białym kolorze miąższu (71%, 43%).

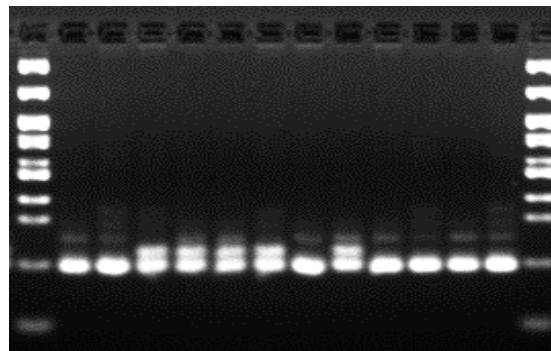


- ✓ W reakcji amplifikacji z zastosowaniem markera BPPCT037 obserwowano fragmenty DNA o długości 170 i 190 pz odpowiednio u 50 i 44% mieszańców rodzących owoce o żółtym kolorze miąższu i odpowiednio 63 i 59% genotypów o białym miąższu.
- ✓ W reakcji amplifikacji z zastosowaniem markera BPPCT038 obserwowano fragment DNA o długości 210 pz tylko u genotypów o białym kolorze miąższu, ale u 13% testowanych.

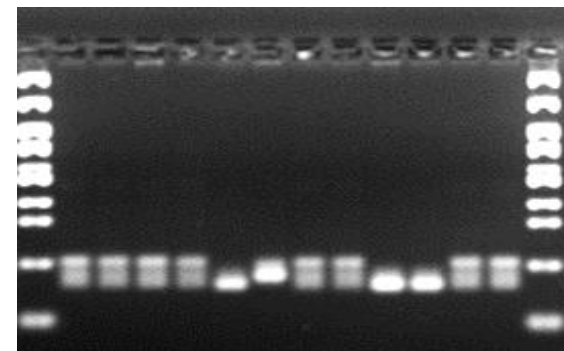
a)



b)



c)



Przykładowy elektroforegram produktów amplifikacji z oligonukleotydem: a) BPPCT017 nr. kombinacji krzyżowań k14 (Nr 3884 × KD1/2/19), b) BPPCT020 nr. k12 (Nr 3884 × 'Harblaze'), c) BPPCT017 nr. k13 (Nr 3884 × 'Harrow Diamond').

# WYNIKI (TEMAT BADAWCZY 2 c.d.)

NAZWA STARTERA	DŁUGOŚĆ (pz)	GENOTYPY																													
		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
		B	Ż	Ż	Ż	Ż	B	B	Ż	B	Ż	Ż	B	Ż	Ż	Ż	B	Ż	Ż	B	Ż	B	B	B	Ż	Ż	B	Ż	B	B	B
BPPCT 017	180	+					+	+	+	+		+					+	+	+		+					+	+	+	+	+	
	190		+	+	+	+					+		+	+	+	+				+		+		+	+						+
	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
BPPCT 020	200	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	240	+	+	+		+						+	+				+	+	+	+		+					+	+		+	
BPPCT 037	170	+	+	+		+	+	+	+		+						+	+	+		+										+
	180				+		+	+	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	190	+	+	+	+	+					+	+	+	+	+	+	+				+		+	+	+	+	+	+	+	+	+
BPPCT 038	140	+			+							+		+	+	+		+				+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	150		+	+		+	+	+	+	+	+		+				+		+	+	+										
	160	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	190	+	+		+	+	+	+	+			+					+			+							+	+	+	+	+
	200		+								+	+		+	+	+				+		+	+	+	+	+					+

Fragment tabeli przedstawiającej profile genetyczne uzyskane w reakcji amplifikacji z dziesięcioma oligonukleotydami metodą SSR dla genotypów należących do pięciu rodzin mieszańcowych brzoskwiń gdzie: „+”-obecność fragmentu DNA

## 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.