



# Analiza genetyczna linii ogórka charakteryzujących się zmienionym typem wzrostu roślin

Karolina Kaźmińska, Renata Słomnicka, Szymon Mużacz, Kacper Zembrzucki,  
Maria Grad, Dominika Stokowiec, Aleksandra Korzeniewska,  
Grzegorz Bartoszewski

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Biologii  
Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin

## Wstęp i cel badań

Jednym z kierunków w hodowli twórczej ogórka jest wykorzystanie genów typu wzrostu w celu uzyskiwania odmian krzaczastych. Odmiany takie mogą być wysiewane w większym zagęszczeniu na jednostkę powierzchni, co przekłada się na wyższy plon. W przypadku takich odmian można również podejmować próby mechanicznego zbioru owoców.

Celem badań było ustalenie sposobu dziedziczenia cechy zmienionego typu wzrostu dla sześciu linii ogórka, charakteryzujących się różnym nasileniem krzaczastości.

## Wyniki

Dla badanych sześciu linii obserwowano w pokoleniach  $F_2$  segregację 3:1 roślin o normalnym typie wzrostu i roślin o zmienionym typie wzrostu oraz segregację 1:1 w obrębie krzyżowania wstecznego  $BC_2$  ( $F_1 \times P_2$ ). Otrzymano również niesegregujące potomstwa  $BC_1$  ( $F_1 \times P_1$ ), wśród których wszystkie rośliny charakteryzowały się normalnym typem wzrostu (Tab. 1, Tab. 2). Jedynie w przypadku krzyżowania  $L501 \times L511$  odnotowano większą liczbę roślin typu dzikiego niż spodziewana i segregację fenotypową  $F_2$  zbliżoną do 5:1, choć w pokoleniu  $BC_2$  ( $F_1 \times L511$ ) obserwowano spodziewaną segregację 1:1 (Tab. 2).

Tabela 1. Ocena fenotypowa i analiza segregacji w pokoleniach  $F_2$ ,  $BC_1$  i  $BC_2$  otrzymanych w wyniku krzyżowania linii L504, L505 i L511 z liniami typu dzikiego L500 (B10DH) i L501 (Gy14).

Pokolenie	Liczba roślin			Segregacja	Chi <sup>2</sup> <sub>0,05,1</sub>
	typ dziki	zmieniony typ wzrostu	suma		
<b>L500 × L504 (ocena w fazie 3-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
P <sub>2</sub>	60	65	125	-	-
F <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
F <sub>2</sub>	220	74	294	3:1	0,06
BC <sub>1</sub>	91	0	91	-	-
BC <sub>2</sub>	72	77	149	1:1	0,17
<b>L501 × L504 (ocena w fazie 3-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	45	0	45	-	-
P <sub>2</sub>	64	61	125	-	-
F <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
F <sub>2</sub>	284	81	365	3:1	1,54
BC <sub>1</sub>	74	0	74	-	-
BC <sub>2</sub>	64	55	119	1:1	0,68
<b>L500 × L505 (ocena w fazie 2-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
P <sub>2</sub>	59	92	151	-	-
F <sub>1</sub>	51	0	51	-	-
F <sub>2</sub>	263	101	364	3:1	1,47
BC <sub>1</sub>	71	0	71	-	-
BC <sub>2</sub>	71	79	150	1:1	0,42
<b>L501 × L505 (ocena w fazie 2-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	49	0	49	-	-
P <sub>2</sub>	74	75	149	-	-
F <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
F <sub>2</sub>	145	43	188	3:1	0,45
BC <sub>1</sub>	75	0	75	-	-
BC <sub>2</sub>	65	60	125	1:1	0,21
<b>L500 × L511 (ocena w fazie 2-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	51	0	51	-	-
P <sub>2</sub>	0	49	49	-	-
F <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
F <sub>2</sub>	246	74	320	3:1	0,60
BC <sub>1</sub>	120	0	120	-	-
BC <sub>2</sub>	71	72	143	1:1	0,01
<b>L501 × L511 (ocena w fazie 2-4 liści)</b>					
P <sub>1</sub>	51	0	51	-	-
P <sub>2</sub>	0	49	49	-	-
F <sub>1</sub>	50	0	50	-	-
F <sub>2</sub>	76	13	89	3:1	5,18*
BC <sub>1</sub>	120	0	120	-	-
BC <sub>2</sub>	71	72	143	1:1	0,01

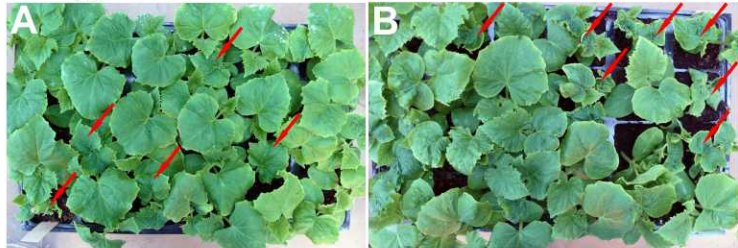
## Podsumowanie i wnioski

- Wykonana analiza genetyczna potwierdziła, że zmieniony typ wzrostu roślin w badanych sześciu liniach ogórka jest warunkowany przez pojedyncze geny recesywne.
- Populacje  $F_2$  uzyskane z krzyżowania z linią L500 zostaną wykorzystane do mapowania genów odpowiadających za zmieniony typ wzrostu roślin ogórka.

## Materiały i metody

Analizę genetyczną wykonano dla sześciu linii ogórka charakteryzujących się różnym nasileniem krzaczastości: L504, L505, L506, L507, L511, L512. Linie te krzyżowano z liniami matecznymi, jednopienną linią L500 (B10DH) i linią żeńską L501 (Gy14). Rośliny pokoleń  $F_2$ ,  $BC_1$  i  $BC_2$  pochodzące z krzyżowania z linią L501 uprawiano w warunkach polowych natomiast pochodzące z krzyżowania z linią L500 w szklarni lub tunelu foliowym.

W celu ustalenia sposobu dziedziczenia cechy zmienionego typu wzrostu wykonano ocenę fenotypową roślin (Zdjęcie 1), a następnie dane analizowano statystycznie wykorzystując test Chi<sup>2</sup><sub>(0,05,1)</sub>.



Zdjęcie 1. Przykładowe segregujące pokolenia  $F_2$  dla krzyżowań  $L500 \times L511$  (A) i  $L500 \times L505$  (B) uprawiane w warunkach szklarniowych w fazie dwóch liści. Czerwonymi strzałkami oznaczono rośliny o zmienionym typie wzrostu.

## Wyniki

Tabela 2. Ocena fenotypowa i analiza segregacji pokoleń  $F_2$ ,  $BC_1$  i  $BC_2$  otrzymanych w wyniku krzyżowania linii L506, L507 i L512 z liniami typu dzikiego L500 (B10DH) i L501 (Gy14).

Pokolenie	Liczba roślin			Segregacja	Chi <sup>2</sup> <sub>0,05,1</sub>
	typ dziki	zmieniony typ wzrostu	suma		
<b>L500 × L506 (ocena po 25 węzle)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	130	50	180	3:1	0,75
BC <sub>1</sub>	20	0	20	-	-
BC <sub>2</sub>	47	53	100	1:1	0,36
<b>L501 × L506 (ocena po 25 węzle)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	190	50	240	3:1	2,2
BC <sub>1</sub>	60	0	60	-	-
BC <sub>2</sub>	65	50	115	1:1	1,96
<b>L500 × L507 (ocena na poziomie 15-25 węzłów)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	125	53	178	3:1	2,19
BC <sub>1</sub>	20	0	20	-	-
BC <sub>2</sub>	56	40	96	1:1	2,26
<b>L501 × L507 (ocena na poziomie 15-25 węzłów)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	164	54	218	3:1	0,02
BC <sub>1</sub>	60	0	60	-	-
BC <sub>2</sub>	58	59	117	1:1	0,01
<b>L500 × L512 (ocena na poziomie 15-25 węzłów)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	80	19	99	3:1	1,77
BC <sub>1</sub>	20	0	20	-	-
BC <sub>2</sub>	56	44	100	1:1	1,44
<b>L501 × L512 (ocena na poziomie 15-25 węzłów)</b>					
P <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
P <sub>2</sub>	0	10	10	-	-
F <sub>1</sub>	10	0	10	-	-
F <sub>2</sub>	167	57	224	3:1	0,01
BC <sub>1</sub>	60	0	60	-	-
BC <sub>2</sub>	63	46	109	1:1	2,66

Badania wykonano w ramach zadania nr 33 pt. „Identyfikacja wybranych genów związanych z typem wzrostu roślin ogórka (*Cucumis sativus* L.)” programu badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej w latach 2021-2027, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.