

KAROLINA KAŻMIŃSKA¹
EWELINA HALLMANN²
ANNA RUSACZONEK¹
ALEKSANDRA KORZENIEWSKA¹
MIROŚLAW SOBCZAK³
KATARZYNA NIEMIROWICZ-SZCZYTT¹
GRZEGORZ BARTOSZEWSKI¹

¹ Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin, Wydział Ogrodnictwa Biotechnologii i Architektury Krajobrazu, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

² Zakład Żywności Ekologicznej, Katedra Żywności Funkcjonalnej, Ekologicznej i Towaroznawstwa, Wydział Nauk o Żywieniu Człowieka i Konsumpcji, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

³ Katedra Botaniki, Wydział Rolnictwa i Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
e-mail: karolina_kazminska@sggw.pl

Identyfikacja QTL związanych z wysoką zawartością karotenoidów w owocach dyni olbrzymiej (*Cucurbita maxima* Duchesne)

Dynia olbrzymia (*Cucurbita maxima* Duchesne) jest cennym warzywem ze względu na wysoką zawartość związków karotenoidowych i cukrów w miąższu owoców. Dzięki możliwościom różnorodnego wykorzystania i wysokiej wartości odżywczej, owoce dyni są cennym surowcem m. in. w przemyśle przetwórczym. Pomimo rosnącego zainteresowania dynią olbrzymią, badania w zakresie genetyki i genomiki u tego gatunku są ograniczone. Celem pracy było skonstruowanie genetycznej mapy sprzężeń dyni olbrzymiej i identyfikacja *loci* koloru zawiązka oraz *loci* cech ilościowych (QTL) związanych z wysoką zawartością karotenoidów oraz barwą miąższu owoców. Do konstrukcji mapy wykorzystano markery DArTseq i SSR oraz populację mapującą RIL F₆ liczącą 92 linie uzyskaną poprzez skrzyżowanie dwóch skrajnych pod względem zawartości karotenoidów linii wsobnych. Wykonano dwa doświadczenia (pole doświadczalne KGHIBR SGGW Wolica), w których pozyskiwano owoce na potrzeby oznaczania koloru zawiązka, zawartości karotenoidów i barwy miąższu. Kolor zawiązków określano w trakcie kwitnienia roślin. Zawartość karotenoidów w owocach oznaczano metodą HPLC. Wykonano analizy mikroskopowe tkanki owoców z wykorzystaniem mikroskopu świetlnego i elektronowego. Analizy statystyczne i bioinformatyczne wykonano za pomocą programów Statistica 12, JoinMap 4, MapQTL

5.0 oraz narzędzi dostępnych na stronie Cucurbit Genomics (www.cucurbitgenomics.org).

Skonstruowana mapa genetyczna zawierała 1826 markerów (36 SSR, 1094 DArTSNP i 696 silicoDArT) rozmieszczonych w obrębie 20 grup sprzężeń. Średni dystans pomiędzy markerami wynosił 1,21 cM. Na mapie zidentyfikowano QTL związane z zawartością α -karotenu, β -karotenu, luteiny, zeaksantyny, wiolaksantyny i anteraksantyny oraz barwą miąższu (chroma). Większość QTL została zidentyfikowana w trzech rejonach genomu na chromosomach 2, 4 i 14. Wykorzystując wyniki analizy funkcjonalnej genomu *Cucurbita maxima* w obrębie QTL na chromosomie 4 zlokalizowano gen *PSY* kodujący syntazę fitoenu, kluczowy enzym w szlaku biosyntezy karotenoidów. W obrębie pozostałych dwóch QTL (na chromosomie 2 oraz 14) zlokalizowano liczne czynniki transkrypcyjne biorące m. in. udział w biogenezie plastydów. Analizy mikroskopowe potwierdziły różnice w budowie i wielkości w owocach form rodzicielskich populacji RIL.

Badania zostały częściowo sfinansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi w ramach programu "Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju - Prowadzenie i ocena kolekcji zasobów genowych roślin dyniowatych". Podczas realizacji badań korzystano także z działań sieciowych w ramach projektu EUROCAROTEN COST Action CA15136.