

Analiza zmienności genetycznej kolekcji odmian i linii dyni olbrzymiej (*Cucurbita maxima* Duchesne)

Karolina Kaźmińska, Krzysztof Sobieszek, Małgorzata Targońska-Karasek, Aleksandra Korzeniewska, Katarzyna Niemirowicz-Szczytt, Grzegorz Bartoszewski

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

Dynia olbrzymia należy do gatunków roślin dyniowatych o dużym zróżnicowaniu genetycznym i znaczeniu ekonomicznym. Wysoka zawartość związków karotenoidowych, cukrowców i suchej masy sprawia, że dynia olbrzymia stanowi wartościowy surowiec w przemyśle spożywczym ale także znajduje zastosowanie w produkcji pasz. Ze względu na brak konieczności stosowania środków ochrony roślin dynia może być z powodzeniem wykorzystywana w uprawach ekologicznych. Znaczącą rolę w hodowli twórczej tego gatunku odgrywa otrzymywanie odmian mieszańcowych. Istotnym elementem w hodowli mieszańców F_1 jest selekcja najbardziej odległych linii rodzicielskich. Badania zmienności genetycznej prowadzą do określenia poziomu zmienności wewnątrz gatunkowej, identyfikacji odmian oraz pomagają w selekcji linii w programach hodowlanych. Pomimo iż dynia olbrzymia charakteryzuje się wysokim zróżnicowaniem genetycznym, na poziomie molekularnym jej zmienność genetyczna jest słabo scharakteryzowana i wykorzystywana w hodowli.

Markery SSR należą do najbardziej niezawodnych i najczęściej wykorzystywanych w tego typu badaniach. W niniejszej pracy testowano jądrowe markery SSR zidentyfikowane dla *C. moschata* i *C. pepo*, z których wyselekcjonowano 23 wysoce informatywne markery w celu oceny zmienności genetycznej kolekcji 85 prób *C. maxima* wstępnie scharakteryzowanych morfologicznie. Kolekcja składała się z odmian i linii hodowlanych pochodzących z Europy, Ameryki Północnej, Azji, Australii i Nowej Zelandii (w tym było 40 odmian lokalnych z Europy Środkowej). W oparciu o wyniki genotypowania oraz analizy statystyczne wytypowano dwie główne grupy składające się z 26 i 55 obiektów. Grupa pierwsza składała się z obiektów należących do azjatyckich i amerykańskich odmian, natomiast grupa druga z obiektów z Europy i Ameryki Północnej. Obiekty ozdobne, australijskie oraz z Nowej Zelandii znalazły się poza głównymi grupami. Odzwierciedla to ich dystans genetyczny względem pozostałych obiektów. Analiza PCoA (Principal coordinate analysis) pozwoliła na wydzielenie grup odmian. Niniejsza praca wskazuje, że wytypowany zestaw 23 markerów SSR może stanowić użyteczne narzędzie do badań zmienności genetycznej dyni olbrzymiej, w tym zarządzania kolekcjami tego gatunku w bankach genów.