

URSZULA KŁOSIŃSKA
MARZENA NOWAKOWSKA
WOJCIECH SZCZECHURA
KATARZYNA NOWAK
WALDEMAR TREDER
KRZYSZTOF KLAMKOWSKI
KATARZYNA WÓJCIK

Instytut Ogrodnictwa ul Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

Kierownika Tematu: dr Urszula Kłosińska Instytut Ogrodnictwa, Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych,
Pracownia Genetyki i Hodowli Roślin Warzywnych, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice,
tel. 46 834-66-54, e-mail: urszula.klosinska@inhort.pl

Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.20.2018, Zadanie 102.

Opracowanie genetycznych, fizjologicznych i biochemicznych podstaw tolerancji ogórka na stres niedoboru wody

Development of genetic, physiological and biochemical basis of cucumber tolerance to water deficit stress

Słowa kluczowe: *Cucumis sativus* L., deficyt wody, mechanizm dziedziczenia, parametry biochemiczne i fizjologiczne, tolerancja, transkryptomy

Celem podjętego tematu jest 1) identyfikacja genotypów ogórka tolerancyjnych na niedobór wody, 2) wyjaśnienie genetycznych i fizjologiczno-biochemicznych czynników odpowiedzialnych za tę cechę oraz 3) analizy zmian transkryptomów tolerancyjnych i wrażliwych linii ogórka metodą macierzy ekspresyjnych, które umożliwią poznanie mechanizmów molekularnych zawiadujących tolerancją tego gatunku na niedobór wody.

Celem badań prowadzonych w roku 2018 było porównanie cech morfologicznych roślin, w tym wielkości systemów korzeniowych, wybranych linii ogórka uprawianych w warunkach stresu suszy oraz optymalnej wilgotności gleby oraz określenie

mechanizmu dziedziczenia tolerancji ogórka na stres deficytu wody w fazie kiełkowania nasion.

WYNIKI

Analiza zeskanowanych systemów korzeniowych 11 linii ogórka w fazie rozsady rosnących w ryzoboksach w warunkach suszy glebowej oraz optymalnego nawadniania wykazała różnice w długości korzeni pomiędzy badanymi obiektami. Niezależnie od zadanego poziomu nawodnienia największą długością korzenia charakteryzowała się linia SU 9. Podobnie jak w roku poprzednim niedobór wody stymulował wzrost korzeni u linii PW 2, której długość korzenia była większa względem kontroli o 25%, co może wskazywać na jej wyższy poziom tolerancji na stres suszy. Po sześciu tygodniach badań dokonano pomiarów wysokości roślin, powierzchni liścia, świeżej masy korzenia i masy części nadziemnej roślin. Zanotowano duże zróżnicowanie pomiędzy liniami pod względem ocenianych cech morfologicznych. W warunkach kontrolnych największą masą części nadziemnej i korzenia oraz największą wysokością rośliny charakteryzowała się linia SU 9. Natomiast największą powierzchnię liścia stwierdzono u linii SU 7 przy jednocześnie najmniejszej wysokości rośliny. Największą średnią redukcję w warunkach deficytu wody obserwowano dla masy części nadziemnej (47%), następnie dla masy korzenia (42%), powierzchni liścia (33%), a najmniejszą dla wysokości roślin (37%). Największe straty wszystkich ocenianych parametrów morfologicznych zanotowano u linii SU 5, a najmniejsze u PW 2. Należy zaznaczyć, że wysokość roślin u linii SU 7 wzrosła w warunkach stresu suszy o 15% względem kontroli, natomiast u linii PW 2 pozostała na poziomie roślin optymalnie nawadnianych. Najmniejszą redukcję masy części nadziemnej oraz powierzchni liścia zanotowano u linii PW 2, natomiast najmniejszą stratę masy korzenia względem kontroli stwierdzono u linii B 3.

Celem kolejnego zadania badawczego realizowanego w ramach niniejszego tematu była charakterystyka tła genetycznego tolerancji ogórka na niedobór wody w fazie kiełkowania nasion. Materiał do badań stanowiły nasiona dwóch komponentów rodzicielskich: linii B 3 (P_1) o bardzo dobrej zdolności kiełkowania w warunkach deficytu wody i niekiełkującej w stresie suszy linii SU 6 (P_2) oraz ich populacje mieszańcowe: F_1 , RF_1 , F_2 , Bc_1P_1 , Bc_1P_2 . Najlepszą zdolnością kiełkowania w warunkach stresu suszy fizjologicznej wywołanego 18% PEG charakteryzowała się linia B 3, która skiełkowała w 80% w pierwszej dobie trwania testu, osiągając 100% w drugiej dobie. Natomiast drugi komponent rodzicielski SU 6 odznaczył się najslabszą energią kiełkowania osiągając 21% w 7 dobie. Spośród badanych populacji mieszańcowych bardzo dobrą zdolnością kiełkowania charakteryzowało się pokolenie F_1 i Bc_1P_1 kiełkując w drugiej dobie odpowiednio w 100 i 95%. Podobną energią kiełkowania (54%) do drugiej doby odznaczyły się populacje RF_1 i F_2 osiągając w 7 dobie odpowiednio 100 i 83%. Najslabszą dynamikę kiełkowania obserwowano w pokoleniu Bc_1P_2 , które skiełkowało w 43 i 78% odpowiednio w drugiej i siódmej dobie. Zaobserwowano także istotne różnice pomiędzy poszczególnymi populacjami pod względem wskaźnika DTG określającego średni czas kiełkowania nasion. Najkorzystniejszym, czyli najniższym

parametrem DTG charakteryzowała się odporna linia rodzicielska B 3 (DTG = 1,2). Na drugim miejscu uplasowały się pokolenia Bc₁P₁ i F₁, których wartości DTG (odpowiednio 1,4 i 1,5) nie różniły się istotnie od linii B 3. W następnej kolejności było pokolenie F₂ z średnim czasem kiełkowania wynoszącym 2,0. Podobne wartości parametru DTG (odpowiednio 2,5 i 2,6) zanotowano dla populacji Bc₁P₂ oraz RF₁. Natomiast najwyższy wskaźnik DTG = 5,8 zaobserwowano u linii SU 6. Na podstawie energii i siły kiełkowania badanych populacji w warunkach stresu suszy wyodrębniono 3 grupy genotypów: tolerancyjne (kiełkujące w dwóch pierwszych dobach, tak jak odporna linia rodzicielska B 3), średnio tolerancyjne (kiełkujące od 3 do 7 doby) oraz wrażliwe (niekiełkujące w trakcie trwania doświadczenia). W pokoleniu F₂ i Bc₁P₂ obserwowano 3 grupy genotypów: tolerancyjne, średnio tolerancyjne oraz wrażliwe. Natomiast osobniki populacji RF₁ i Bc₁P₁ segregowały na dwie grupy: tolerancyjne oraz średnio tolerancyjne. Najmniejszą zmiennością charakteryzowała się populacja F₁, w której obserwowano tylko fenotypy tolerancyjne. Na podstawie uzyskanych wyników przeprowadzono analizę genetyczną dziedziczenia cechy tolerancji ogórka na deficyt wody w fazie kiełkowania dla modelu dziedziczenia jedno-, dwu- i trzygenowego. Rozkład fenotypów w poszczególnych pokoleniach istotnie odbiegał od teoretycznego, co zostało potwierdzone testem χ^2 i wskazuje, że badana cecha warunkowana jest poligenicznie. Następnie zbadano, czy w dziedziczeniu zdolności kiełkowania nasion w warunkach deficytu wody istotną rolę odgrywają niealleliczne interakcje genowe. Przeprowadzona w tym celu analiza populacji F₂ z zastosowaniem testu χ^2 wykazała istnienie epistazy dominującej i recesywnej z teoretyczną segregacją osobników 13:3 (13/16 tolerancyjnych i średnio tolerancyjnych — kiełkujących w ciągu 7 dni i 3/16 wrażliwych — niekiełkujących) dla wartości $\chi^2 = 0,39$ przy P = 0,53. Stosunek segregujących osobników w populacji Bc₁P₂ do rodzica wrażliwego SU 6 wynosił 3:1 (3/4 tolerancyjnych i średniotolerancyjnych, 1/4 osobników wrażliwych) dla wartości $\chi^2 = 0,71$ przy P = 0,40 i potwierdził, że zdolność kiełkowania nasion ogórka w stresie suszy warunkowana jest współdziałaniem dwóch genów o charakterze epistazy dominującej i recesywnej.

WNIOSKI

1. Obserwowano duże zróżnicowanie pomiędzy badanymi liniami ogórka w fazie rozsady pod względem większości analizowanych parametrów morfologicznych, zarówno w warunkach optymalnego zaopatrzenia w wodę, jak i w warunkach deficytu wody.
2. Niedobór wody ograniczył wzrost i rozwój roślin ogórka, co znalazło odzwierciedlenie w redukcji wszystkich ocenianych parametrów morfologicznych. Najsilniej została obniżona masa części nadziemnej, a najmniej — wysokość roślin.
3. Najmniejszą redukcję masy części nadziemnej oraz powierzchni liścia zanotowano u linii PW 2, natomiast najmniejszą stratę masy korzenia względem kontroli stwierdzono u linii B 3. Ponadto niedobór wody stymulował wzrost korzeni o 25%

względem kontroli u linii PW 2, co może wskazywać na wyższy poziom tolerancji tych linii na stres wodny.

4. Przeprowadzona analiza genetyczna dla skrzyżowania linii B 3 i SU 6 wykazała, że zdolność kiełkowania nasion w warunkach deficytu wody warunkowana jest czynnikami nieallelicznymi, o czym świadczy istnienie epistazy dominującej i recesywnej z segregacją osobników zgodną z teoretycznym rozkładem 13 tolerancyjnych i średnio tolerancyjnych: 3 wrażliwych.