

Pokrewieństwo genetyczne europejskich odmian pszenicy ozimej

Paweł Czembor, Magdalena Radecka-Janusik

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Genetyki i
Hodowli Roślin, Radzików, 05-870 Błonie, Polska
p.slowacki@ihar.edu.pl*

Celem niniejszej pracy było określenie pokrewieństwa genetycznego odmian pszenicy ozimej uprawianych w Europie. Badany zestaw składał się z 83 odmian pszenicy ozimej z krajowej listy opisowej odmian COBORU (2013) i 60 odmian pszenicy ozimej zarejestrowanych w innych krajach europejskich. Analizę wykonano na podstawie wyników genotypowania na platformie DArTseq (wersja wheat DArTseq 1.0; Diversity Arrays Technology P/L, Australia), która pozwoliła na identyfikację 40 035 markerów SNP, spośród nich 2 983 markerów było unikalnych i spełniało kryteria o częstości występowania rzadkich alleli co najmniej 5% i braku danych nie większym niż 20%. Następnie obliczono macierz podobieństwa (Genstat ver. 18), która posłużyła do analizy skupień metodą pełnego łączenia obiektów (ang. complete linkage) przy szacowaniu odległości na podstawie współczynnika korelacji Pearsona (XLSTAT).

Przy podobieństwie nie większym niż 61,42% można wyróżnić trzy zasadnicze grupy odmian. Niemniej jednak, każda z nich obejmuje odmiany, które pochodzą z różnych państw. Polskie odmiany (za wyjątkiem Satyny) znalazły się w dwóch grupach. Co więcej, ta sama firma hodowlana ma swoje odmiany w różnych grupach. Świadczy to, o wykorzystaniu w programach hodowlanych bardzo różnych źródeł do krzyżowań, w celu pozyskania nowych cech poprawiających konkurencyjność własnych materiałów hodowlanych na wymagającym rynku europejskim.