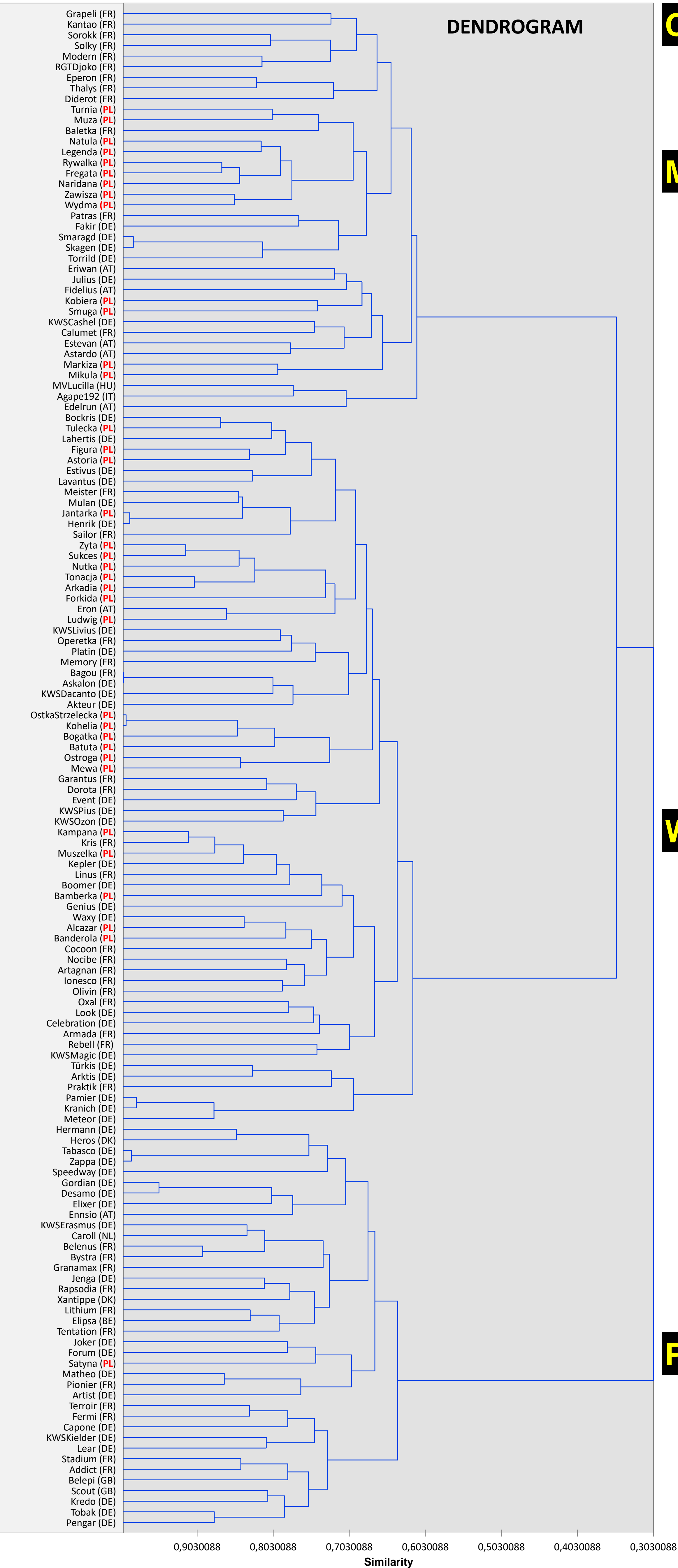




Pokrewieństwo genetyczne europejskich odmian pszenicy ozimej

Paweł Czembor i Magdalena Radecka-Janusik

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Genetyki i Hodowli Roślin
Radzików, 05-870 Błonie, Polska



CEL PRACY

Celem niniejszej pracy było określenie pokrewieństwa genetycznego odmian pszenicy ozimej uprawianych w Europie.

MATERIAŁY I METODY

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 matrycę podobieństwa (Genstat wer. 18), która posłużyła do analizy skupień metodą pełnego łączenia obiektów (ang. complete linkage) przy szacowaniu odległości na podstawie współczynnika korelacji Pearsona (XLSTAT).

WYNIKI I WNIOSKI

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.

PODZIĘKOWANIA

Autorzy składają podziękowania Ministerstwu Rolnictwa i Rozwoju Wsi za wsparcie finansowe prac badawczych wykonanych w ramach programu Badań Podstawowych na Rzecz Postępu Biologicznego w Produkcji Roślinnej, zadanie 4 (lata 2014-2020).

Rys. 1. Analiza skupień dla 143 odmian pszenicy ozimej w oparciu o zmienność wykrytą markerami molekularnymi SNP.