

Rozprawa doktorska pt.

**Analiza zróżnicowania genetycznego odmian i populacji miejscowych fasoli zwyczajnej (*Phaseolus vulgaris* L.) uprawianych w Polsce.**

**mgr Jarosław NOWOSIELSKI**

*Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie  
Zakład Biotechnologii i Cytologii Roślin*

o nadanie stopnia doktora nauk rolniczych w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie agronomii

*Promotor: prof. dr hab. Piotr Bednarek*

*Promotor pomocniczy: dr Wiesław Podyma*

**STRESZCZENIE**

Fasola zwyczajna zajmuje wśród roślin strączkowych uprawianych na nasiona trzecie miejsce na świecie, a stan zgromadzonych zasobów genetycznych rodzaju *Phaseolus* oceniany jest na 261 963 obiekty. W Polsce, w kolekcji fasoli znajdują się unikatowe populacje miejscowe zebrane podczas wypraw badawczych, jak również odmiany uprawne. Ocena zróżnicowania genetycznego zgromadzonych zasobów genowych pozwoli na zwiększenie stopnia ich wykorzystania.

Materiał badawczy stanowiły wybrane 74 odmiany i 212 populacji miejscowych fasoli zwyczajnej oraz 3 odmiany fasoli wielokwiatowej pozyskane z przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR-PIB. Obiekty te zostały zgromadzone podczas ekspedycji terenowych w 18 makroregionach Polski. Analizę DNA przeprowadzono metodą AFLP.

Analiza struktury genetycznej badanych materiałów wykonana zarówno metodą UPGMA, PCoA, jak i statystyką baysyjską pokazała, że tworzą one dwie główne grupy reprezentowane zarówno przez odmiany i populacje miejscowe. Dwie pule genowe mogą odzwierciedlać centra pochodzenia. Analiza struktury danych sugeruje, że prawdopodobny udział w strukturze populacji różnych pul genowych fasoli zwyczajnej, jest powiązany z regionem występowania. Sposób grupowania populacji miejscowych może być zależny od regionów geograficznych, co jest pochodną wykształcenia się (selekcji) określonych genotypów lepiej przystosowanych do panujących warunków klimatyczno-środowiskowych. A także, może być związany z pierwotnym pochodzeniem z odmiennych centrów różnicowania się tego gatunku, lub wynikać z tego, że Europa, a tym samym i Polska, stanowi wtórne centrum różnicowania się fasoli zwyczajnej.

Bardziej szczegółowa analiza wyników sugeruje, że odmiany mogą stanowić odrębną podgrupę, co pokazała zarówno analiza PCoA, jak i analizy struktur drugorzędowych. Pula genetyczna populacji miejscowych fasoli jest szersza niż badanych odmian hodowlanych. Populacje miejscowe stanowią odrębną pulę genową w stosunku do odmian hodowlanych. Analiza badanych populacji miejscowych programem PowerCore oparta na bazie markerów AFLP pozwoliła na wybranie 61 obiektów obejmujących w największym stopniu reprezentowaną zmienność w badanej kolekcji. W większości stanowiły je populacje pochodzące ze wschodniej i południowo-wschodniej Polski. Można oczekiwać, że populacje te wykazując dużą różnorodność genetyczną, stanowią potencjał do tworzenia nowych odmian o zróżnicowanych cechach, zależnych między innymi od czynników środowiskowych.

Doctoral thesis entitled:  
**Evaluation of genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)  
varieties and landraces grown in Poland.**

## **SUMMARY**

Common beans are the third in the world leguminous crop cultivated for seeds, and the state of collected genetic resources of *Phaseolus* genus is estimated at 261 963 objects. In Poland, the bean collection includes unique landraces and cultivated varieties collected during research expeditions in Poland. Assessing the genetic diversity of these collected resources will increase their utilization.

Plant materials were 74 selected varieties and 212 common bean landraces and 3 runner bean varieties obtained from long term storage of National Centre of Plant Genetic Resources of IHAR-PIB, collected during field expeditions in 18 macro-regions of Poland. DNA analysis was performed using AFLP method.

Genetic structure analysis of tested materials were made by UPGMA, PCoA and Bayesian statistics showed that tested materials formed two main groups represented by both varieties and landraces. Two gene pools can reflect centers of origin. Analysis of the data structure suggests that probably participation in the population structure of various bean gene pools is related to the region of occurrence. The way of grouping landraces may depend on geographical regions which is a derivative of development (selection) of specific genotypes better adapted to the prevailing climate and environmental conditions. And also, it may be associated with the origin from different differentiation centers of this species. It may also result from the fact that Europe and thus also Poland is a secondary center of common beans differentiation.

A more detailed analysis of the results suggests that the varieties can be a separate subgroup, as shown by both PCoA and secondary structure analysis. The genetic pool of bean landraces is wider than the tested cultivars. Landraces constitute a separate gene pool compared to breeding varieties. Analysis of studied landraces with PowerCore program based on AFLP markers allowed to select 61 objects covering the largest represented variability in examined collection. Mostly they represented eastern and south-eastern Poland. It can be expected that these populations, demonstrating high genetic diversity, constitute the potential to create new varieties with diverse characteristics, depending inter alia on environmental factors.

Radzików, 27 maja 2020 r.

(-) *Jarosław Nowosielski*