

Praca doktorska pt.

,Charakterystyka zmienności genetycznej wybranych obiektów *Hordeum vulgare* L.

Description of genetic variation in specific *Hordeum vulgare* L. accessions.

wykonana w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie
o nadanie stopnia doktora nauk rolniczych w dziedzinie nauk rolniczych, dyscyplinie agronomii

Promotor: dr hab. Maja Karolina BOCZKOWSKA, prof. Instytutu

Promotor pomocniczy: dr Małgorzata TARGOŃSKA-KARASEK - PAN Ogród Botaniczny
– Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie

Streszczenie

Kolekcja rodzaju *Hordeum* zabezpieczona w przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG) w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowym Instytucie Badawczym w Radzikowie liczy prawie siedem tysięcy obiektów, z czego 99% stanowi jęczmień zwyczajny (*Hordeum vulgare* L.). W skład kolekcji wchodziły obiekty pochodzące z 54 krajów z różnych części świata, o zróżnicowanym statusie biologicznym, w tym linie hodowlane, materiały badawcze, odmiany hodowlane oraz odmiany miejscowe. Materiał ten jest od wielu lat systematycznie charakteryzowany pod względem ważnych cech użytkowych w toku 3-letnich doświadczeń polowych. Jednakże brak pełnej charakterystyki zasobów genowych, obejmującej zmienność zarówno na poziomie fenotypu jak i genotypu uniemożliwia wykorzystanie ich potencjału w badaniach naukowych i pracach hodowlanych.

Głównym celem pracy było poznanie zmienności genetycznej starych i współczesnych polskich odmian hodowlanych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) oraz odmian miejscowych pozyskanych w trakcie ekspedycji terenowych w latach 1975-2000, zdeponowanych w Banku Genów KCRZG w Radzikowie. Analizą genetyczną objęte zostało łącznie 199 obiektów jęczmienia zwyczajnego. Przeprowadzone badania pozwoliły na ocenę stopnia zróżnicowania genetycznego zgromadzonej kolekcji, określenie charakteru zmian w puli genowej jęczmienia zwyczajnego w Polsce na przestrzeni 120 lat, a także umożliwiły identyfikację duplikatów i obiektów o genotypach niespowinowaconych z obecnie wykorzystywaną w hodowli pulą genową. Uzyskane wyniki przyczyniły się do wytypowania obiektów, które utworzą kolekcję specjalną form lokalnych, będących potencjalnymi nosicielami genów odporności na czynniki biotyczne i abiotyczne oraz cech plonotwórczych. Dodatkowo, opracowano porównanie dwóch technik molekularnych wykorzystywanych do badania oceny zróżnicowania genetycznego roślin.

Słowa kluczowe: zróżnicowanie genetyczne, markery molekularne, jęczmień

Abstract

The collection of the genus *Hordeum* preserved in the long-term storage of the National Center for Plant Genetic Resources (NCPGR) in the Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute in Radzików numbers nearly seven thousand accessions, 99% of which are common barley (*Hordeum vulgare* L.). The collection comprises accessions originating from 54 countries from different parts of the world, of varied biological status, including breeding lines, research materials, cultivars and landraces. This material has

been systematically characterized for numerous years for important agronomic traits in the course of 3-year field experiments. However, the lack of complete characterization of genetic resources, covering variability at both phenotypic and genotypic levels, makes it impossible to utilize their potential in scientific research and breeding work.

The main aim of my study was to recognize the genetic variability of both old and recent Polish cultivars of spring barley (*Hordeum vulgare* L.), as well as landraces collected during field expeditions in the years 1975-2000, stored in the Gene Bank of NCPGR in Radzików. Genetic analysis covered a total of 199 common barley accessions. The research evaluated the genetic diversity of the collection, determined the nature of changes in the Polish barley gene pool over 120 years and enabled identification of duplicates and accessions not related to the current gene pool used for breeding. Obtained results contributed to the selection of accessions, which will form a special collection of landraces, being potential carriers of biotic and abiotic resistance genes and yield-forming traits. In addition, a comparison of two molecular techniques used to study the assessment of plant genetic diversity was developed.

Keywords: genetic diversity, molecular markers, barley

(-) mgr Joanna Dziurdziak