

BEATA BAKERA¹
MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA¹
PAWEŁ KRAJEWSKI²
MONIKA MOKRZYCKA²
MAGDALENA SZELIGA³
MIROŚLAW TYRKA³

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

² Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

³ Politechnika Rzeszowska

e-mail: beata_bakera@sggw.pl

Analiza struktury genetycznej populacji składającej się z 510 form pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) z wykorzystaniem markerów SSR i SNP*

Obecnie w rolnictwie jest duże zapotrzebowanie na nowe, heterozyjne odmiany pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.), które zapewniają wyższe plony niż odmiany tradycyjne. Jednym z kryteriów doboru komponentów rodzicielskich mieszańców F₁ jest jak największy dystans genetyczny (GD). Prezentowane badania miały na celu opisanie struktury genetycznej populacji 510 form pszenicy zwyczajnej (odmian oraz materiałów hodowlanych pochodzących z dwóch polskich firm hodowlano-nasiennych) na podstawie genotypowania markerami SSR oraz SNP.

Analizy SSR. DNA badanych form wyizolowano metodą CTAB. Przeprowadzono elektroforezę kapilarną w aparacie Genetic Analyser 3500 z użyciem 17 par starterów SSR podzielonych na trzy multipleksy. Przy analizie wyników zastosowano program GeneMapper. W zależności od pary starterów liczba alleli wyniosła od 3 do 20.

Analizy SNP. DNA izolowano metodą Milligana. Otrzymano dane dotyczące 50929 markerów typu DArT oraz 33135 markerów DArT-seq. Markery filtrowano ze względu na częstość rzadszych alleli oraz liczbę obserwacji brakujących.

Na podstawie danych SSR i DArT-seq oceniano współczynniki heterozygotyczności markerów i form, które w większości przypadków nie przekraczały, odpowiednio, 0,1 i 0,2. Za pomocą narzędzia Structure, poprzez analizę składowych głównych oraz analizę

* Finansowanie - BIOSTRATEG3/343665/6/NCBR/2017

skupień oceniano i wizualizowano strukturę populacji. Porównano ocenę struktury wynikającą z różnych typów danych markerowych. Przeanalizowano przydatność różnych metod oceny GD do wyboru komponentów rodzicielskich.