

**KATARZYNA TOFIL**<sup>1</sup>  
**ANNA HAWLICZEK-STRULAK**<sup>1</sup>  
**EWA BORZĘCKA**<sup>1</sup>  
**HANNA BOLIBOK-BRĄGOSZEWSKA**<sup>1</sup>  
**ANDRZEJ KILIAN**<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,  
Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin,

<sup>2</sup> Diversity Arrays Technology Pty Ltd., Canberra, Australia  
e mail: katarzyna.tofil@gmail.com

## Konstrukcja mapy genetycznej żyta do identyfikacji rejonów genomu poddanych presji selekcyjnej podczas udomowienia i hodowli

Żyto (*Secale cereale* L.), pierwotnie występujące na terenach południowo-zachodniej Azji, około X wieku przed naszą erą zostało wprowadzone do Europy, na przestrzeni lat zyskując tam status ważnej rośliny uprawnej. Polska jest w czołówce producentów tego zboża na świecie. Wielkość (7,9 GB) oraz złożoność (~92% sekwencji powtórzonych) genomu żyta, a także występujące zjawiska samoniezhodności oraz depresji wsobnej znacząco spowalniają postęp w hodowli i badaniach nad tym gatunkiem.

Zgodnie z przyjętym modelem zmian genetycznych zachodzącym podczas udomowienia i hodowli, opisującym zawężanie się zmienności genetycznej w miarę postępu tych procesów, regiony genomu warunkujące ważne agronomicznie i użytkowo cechy, na które nakierowana była selekcja (np. niełamlivość osadki, wielkość ziarniaków), stały się monomorficzne u odmian uprawnych. Do efektywnego określania lokalizacji w genomie tych regionów, na które była wywierana presja selekcyjna w czasie udomowienia i hodowli żyta, uzyskano dwie populacje mapujące: C i D (odpowiednio 166 i 216 osobników) z krzyżowań genetycznie odległych form rodzicielskich – polskich współczesnych odmian uprawnych z formami prymitywnymi z Turcji i Afganistanu (strategia *two-way pseudo-testcross*). DNA osobników zostało zgenotypowane przy użyciu markerów SSR oraz DArTseq.

Spośród testowanych markerów SRR, wybrano dla populacji C i populacji D odpowiednio 28 i 22 takich markerów, które ze względu na odpowiedni układ alleli w formach rodzicielskich pozwoliły na weryfikację poprawności krzyżowania oraz będą

mogły zostać wykorzystane do ustalania tożsamości chromosomalnej poszczególnych grup sprzężeń. W analizach DArTseq zidentyfikowano ponad 57 tysięcy polimorfizmów typu SNP oraz ponad 120 tysięcy dominujących markerów SilicoDArT. Wstępne analizy pozwoliły na wyselekcjonowanie dla każdej z populacji kilku tysięcy markerów o spodziewanym rozkładzie genotypów w osobnikach potomnych i potencjalnie użytecznych do konstrukcji map genetycznych. Prawie dwóm tysiącom markerów przypisano lokalizacje chromosomalne (1R-7R) przy wykorzystaniu pszeniczno-żytnich linii addycyjnych.

Obecnie prowadzone są prace nad skonstruowaniem na podstawie uzyskanych danych map genetycznych poszczególnych populacji oraz mapy zintegrowanej.