

MAŁGORZATA TARGOŃSKA-KARASEK ¹

MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA ²

¹ Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

m.targonska-karasek@obpan.pl

Ocena zróżnicowania genetycznego zasobów kolekcji żyta na podstawie markerów molekularnych

Assessment of genetic diversity in rye collection based on molecular markers

Celem prezentowanych badań była ocena zróżnicowania genetycznego 288 różnych akcesji żyta zwyczajnego, pochodzących z kolekcji banku genów PAN OB. — CZRB na podstawie genotypowania markerami SSR (*Simple Sequence Repeats*). Analiza bioinformatyczna uzyskanych profili amplifikacji SSR wykazała, że zróżnicowanie genetyczne pomiędzy badanymi akcesjami żyta było stosunkowo duże, a średnia wartość podobieństwa genetycznego (GS) obliczona na podstawie współczynnika Jaccarda wynosiła 0,53. Na wykresie PCoA i dendrogramie wykonanym metodą Neighbor Joining uwzględniających stopień ulepszenia odmiany (improvement status) bardziej prymitywne formy żyta (landraces) tworzyły odrębne skupisko. W przypadku wizualizacji wyników z uwzględnieniem pochodzenia geograficznego badanych akcesji żyta, formy pochodzące z Azji grupowały się razem i widoczna była ich odrębność w stosunku do form pochodzących z pozostałych stron świata. Mogło być to jednak związane z tym, że większość badanych akcesji pochodzących z Azji pochodziła tylko z jednego kraju — Turcji.

