

**MAŁGORZATA TARGOŃSKA-KARASEK** <sup>1</sup>

**MONIKA RAKOCZY-TROJANOWSKA** <sup>2</sup>

<sup>1</sup> Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie

<sup>2</sup> 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.