

STRESZCZENIE

Groch (*Pisum sativum* L.) jest jedną z najwcześniej udomowionych roślin uprawnych. Do jego głównych zalet należą: zdolność do wiązania azotu atmosferycznego oraz wysoka zawartość białka w nasionach. Obecnie groch jest jedną z najczęściej uprawianych roślin strączkowych na świecie. Głównymi czynnikami ograniczającymi stabilność plonowania gatunku są podatność na wyleganie oraz stropy biotyczne i abiotyczne, a w szczególności askochytoza - choroba powodowana przez grzyby. Celem podjętych badań było wzbogacenie map genetycznych grochu o nowe markery zdefiniowane sekwencyjnie, zidentyfikowanie regionów w genomie grochu, związanych z odpornością na wyleganie oraz askochytozę, a także wytypowanie markerów związanych z badanymi cechami.

W pracy wykorzystano dwie populacje mapujące grochu: [Carneval×MP1401] do badań dotyczących wylegania oraz [P665×Messire] w badaniach dotyczących odporności na askochytozę. Pierwszym etapem w realizacji wyznaczonych celów było wzbogacenie istniejących map genetycznych obu populacji o nowe markery zdefiniowane sekwencyjnie (w tym markery Leg, GLIP oraz SSR). W liniach rodzicielskich populacji [Carneval×MP1401] przetestowano łącznie 414 markerów, z czego 32 zostały zlokalizowane na mapie. Jej całkowita długość wynosi 624 cM przy średniej odległości między markerami 2,7 cM. W liniach rodzicielskich populacji [P665×Messire] przetestowano łącznie 226 markerów, z których zlokalizowano 45. Długość mapy wynosi 1250 cM, a średnia odległość między markerami 2,7 cM. W obu populacjach grochu wykazano najwyższy polimorfizm markerów SSR.

Kolejnym etapem pracy była ocena cech ilościowych w populacjach mapujących grochu. W populacji [Carneval×MP1401] testowano w trzech latach (2010 - 2012) parametry mechaniczne łodygi (średnica, grubość ściany łodygi, sztywność, wytrzymałość) oraz w dwóch latach (2012 - 2013) odporność na wyleganie. Parametry mechaniczne łodygi były dodatkowo mierzone na trzech odcinkach łodygi: dolnym, środkowym i górnym, a odporność na wyleganie była oceniana w trzech terminach: początek kwitnienia, koniec kwitnienia i faza roślin dojrzałych. Wykazano, że odmiana Carneval jest bardziej odporna na wyleganie niż linia MP1401. W populacji [P665×Messire] w trzech latach (2008 - 2009, 2013) prowadzono ocenę odporności na askochytozę. Wykazano, że linia P665 jest bardziej odporna na askochytozę od odmiany Messire.

Na mapie genetycznej populacji [Carneval×MP1401] zidentyfikowano łącznie 70 loci związanych z parametrami mechanicznymi łodygi, 6 loci związanych z wyleganiem i 4 loci związane z wysokością roślin. Dwa loci powtórzyły się w dwóch latach badań (grubość ściany środkowego odcinka łodygi i sztywność środkowego odcinka łodygi). Ponadto położenie trzech z sześciu zidentyfikowanych loci związanych z odpornością na wyleganie pokrywa się z położeniem loci odporności na wyleganie opisanych przez Tar'an i in. 2003. Wytypowano siedem markerów związanych z odpornością na wyleganie (rfs1, exp1, Pis_Gen_25_2-3_1, GAPA1, AC74, AA19 oraz AD135). Na mapie genetycznej populacji [P665×Messire] zidentyfikowano 3 loci związane z odpornością na askochytozę (w III, V i VI grupie sprzężeń). Locus zidentyfikowany w III grupie sprzężeń znajduje się w tym samym regionie, co locus odporności na askochytozę siewek opisany przez Fondevilla i in. (2011). Wytypowano trzy markery związane z odpornością na askochytozę (AA5, GAPA1, Leg251).

Wzbogacenie map genetycznych populacji grochu [Carneval×MP1401] i [P665×Messire] o markery wspólne umożliwiło porównanie grup sprzężeń i położenia loci cech ilościowych. Wykazano występowanie w tych samych regionach genomu loci związanych z wczesnością kwitnienia, odpornością na askochytozę, zidentyfikowanymi przez Fondevilla i in. (2011) i loci związanych z parametrami mechanicznymi łodygi (badania

własne). Szczególnie interesujący jest region w V grupie sprzężeń, w pobliżu markera GAPA1, dla którego w badaniach własnych zidentyfikowano loci związane z odpornością na askochytozę i z wyleganiem. Wyniki niniejszej pracy pozwoliły na identyfikację regionów w genomie grochu, związanych z ważnymi cechami użytkowymi. Mogą one stanowić podstawę do dalszych badań zmierzających do ulepszenia odmian uprawnych grochu.