OCENA ZRÓŻNICOWANIA GENETYCZNEGO POPULACJI MAPUJĄCYCH JAKO PODSTAWA KONSTRUKCJI MAPY GENETYCZNEJ *SALIX* SPP.

mgr inż. Anna Kuszewska

Słowa kluczowe: biomasa, cechy plonotwórcze, ISSR, populacja mapująca, QTL, RAPD, *Salix*, zróżnicowanie genetyczne

Streszczenie

Nieustannie zachodzące zmiany klimatu, wysoki stan wydobycia surowców energetycznych, który przez redukcję ich zasobów powoduje wzrost kosztów produkcji energii i paliw oraz występowanie niekorzystnych zmian środowiska, zwracają uwagę wszystkich państw na świecie i ukierunkowują ich działania w stronę nowoczesnych technologii oraz poszukiwania alternatywnych źródeł pozyskiwania energii, w tym energii pochodzącej ze źródeł odnawialnych. Szczególna uwaga skoncentrowana jest od kilku dekad na roślinnych uprawach polowych w tzw. krótkich rotacjach (SRC), które mogą stać się w przyszłości jednym z ważniejszych źródeł biomasy przeznaczonej na pozyskiwanie energii. Duże zainteresowanie w tej kwestii poświęcone jest roślinom z rodzaju *Salix*. Bogate zróżnicowanie między i wewnątrzgatunkowe roślin wspomnianego rodzaju w połączeniu z dostępnymi technikami biologii molekularnej, umożliwiającymi intensyfikację procesów hodowlanych zmierzających między innymi do zwiększenia produkcyjności nowych odmian, stanowią niezwykle interesujący temat badawczy. Hodowcy nowych odmian, które będą charakteryzowały ulepszone parametry jakościowe biomasy wraz z ich zwiększoną produkcyjnością napotykają wiele trudności, w tym te, związane z biologią kwitnienia gatunków rodzaju *Salix*. Wybór odpowiednich form do krzyżowania musi być poprzedzony dokładną analizą przebiegu kwitnienia osobników męskich i żeńskich, obserwacją kwiatostanów obu płci, oceną znamion osobników żeńskich pod kątem receptywności oraz żywotności pyłku. Uzyskanie odpowiednio licznej populacji złożonej z osobników potomnych charakteryzujących się dużym zróżnicowaniem genetycznym wymaga także dużego zaangażowania w walce z pojawiającymi się barierami postzygotycznymi. Pomocne jest zastosowanie metody ratowania zarodków in vitro, która umożliwia prawidłowy ich rozwój poza zalążkiem.

Optymalizacja wspomnianych procesów mających na celu wyprowadzenie właściwej populacji mapującej jest niezwykle istotna i odgrywa decydującą rolę w konstrukcji wysokorozdzielczej mapy genetycznej, będącej podstawą detekcji QTL-i powiązanych z cechami plonotwórczymi.

Mając na uwadze powyższe, w ramach badań własnych wyprowadzono dwie populacje, które na podstawie parametrów zróżnicowania genetycznego można uznać za spełniające kryteria stawiane populacjom mapującym. Wygenerowane w odpowiedniej liczbie powtarzalne markery DNA, cechujące się wysokim polimorfizmem, posłużyły do konstrukcji mapy genetycznej *Salix* na bazie każdej z analizowanych populacji mapujących, a łącznie z wynikami oceny wartości cech plonotwórczych prowadzonej w eksperymentach polowych, możliwa była identyfikacja QTL-i powiązanych z poszczególnymi cechami.