

Streszczenie

Zachowanie zasobów genowych dzikich gatunków *Triticum* spp. jest kluczowym zadaniem wielu programów hodowlanych mających na celu zachowanie bioróżnorodności. Wieloletnia selekcja, w połączeniu ze zjawiskiem dryfu genetycznego (losowej zmiany częstości występowania alleli w populacji) i efektu wąskiego gardła (gdy na skutek gwałtownego zdarzenia losowego liczebność populacji maleje, co prowadzi do zawężenia puli genowej tej populacji) doprowadziła do zubożenia zmienności genetycznej najpowszechniej uprawianych gatunków rodzaju *Triticum* - pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* ssp. *aestivum* L.) i pszenicy twardej (*Triticum turgidum* ssp. *durum* (Desf.) Husn.). Skłania to do zwrócenia uwagi na reliktowe gatunki pszenic, takie jak pszenica samopsza (*Triticum monococcum* ssp. *monococcum* L.), płaskurka (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccum* (Schrank ex Schübl.) Thell.), pszenica polska (*Triticum turgidum* ssp. *polonicum* (L.) Thell.) czy orkisz (*Triticum aestivum* ssp. *spelta* L.). Posiadają one bogatą pulę genową, którą można wykorzystać do introgresji pożądanych genów do współcześnie uprawianych odmian pszenicy. Blisko spokrewniony z pszenicą zwyczajną orkisz jest alloheksaploidem o takiej samej liczbie chromosomów ($2n=6x=42$) co pszenica zwyczajna. Podobieństwo genetyczne pszenicy zwyczajnej i orkiszu przejawia się m.in. w wysokiej homologii ich chromosomów. Dlatego też krzyżowania proste w celu otrzymania mieszańców tych gatunków mogą skutkować powstaniem stabilnego genetycznie potomstwa.

Materiał roślinny wykorzystywany w badaniach prowadzonych w ramach pracy doktorskiej stanowiły: diploidalny takson *T. monococcum* ssp. *monococcum*, tetraploidalne taksony *T. turgidum* ssp. *durum*, *T. turgidum* ssp. *polonicum*, *T. turgidum* ssp. *dicoccum*, heksaploidalne taksony *T. aestivum* ssp. *spelta* i *T. aestivum* ssp. *aestivum*, a także ich mieszańce, stanowiące unikatowy, nie tylko w skali kraju, materiał badawczy.

Głównym celem badań realizowanych w ramach pracy doktorskiej było poznanie zmienności fenotypowej i genotypowej wybranych linii hodowlanych sześciu gatunków pszenicy o różnym stopniu ploidalności. Realizując założony cel badano zmienność morfologiczną ziarna zastosowanych genotypów oraz zmienność mieszańców prostych między *T. aestivum* ssp. *aestivum* a *T. aestivum* ssp. *spelta* na poziomie cytogenetycznym. Dokonano ponadto przeglądu najnowszego piśmiennictwa z zakresu relacji filogenetycznych między gatunkami rodzaju *Triticum* spp. i taksonomii tego rodzaju, która budzi nieustanne kontrowersje u wielu autorów i wciąż nie jest definitywnie ustalona.

W badaniach wykorzystano technikę cyfrowej analizy obrazu i metody stosowane w analizach cytogenetycznych. Cyfrowa analiza obrazu powierzchni ziarna wybranych taksonów pszenicy

pozwoili na wytypowanie gatunków charakteryzujcych si najwikszymi zmiennooci w zakresie cech morfometrycznych, a uzyskane wyniki potwierdziy przydatnooci tej techniki do dyskryminacji gatunków pszenicy i identyfikacji moilowych domieszek ziarna innych gatunków, które znacząco obnizaj wartooci materiału siewnego. Techniki cytogenetyczne pozwoliły na okrelenie składu genomowego mieszańców pszenno-orkiszowych i komponentów rodzicielskich, jak również na identyfikację polimorfizmu rozmieszczenia badanych sekwencji repetytywnych w chromosomach mieszańców.

Uzyskane wyniki pozwoliły na pogłębienie wiedzy z zakresu zmienności fenotypowej i genotypowej różnych gatunków pszenicy i prostych mieszańców pszenno-orkiszowych, a także lepsze zrozumienie ich relacji filogenetycznych. Wyniki badań mogą dostarczyć cennej wiedzy hodowcom pszenicy, szczególnie w zakresie zrozumienia organizacji i zmienności genomu mieszańców pszenno-orkiszowych, które po raz pierwszy zostały poddane tego typu analizom.