

WPROWADZENIE

Chmiel zwyczajny (*Humulus lupulus* L.) jest rośliną wieloletnią, dwupienną powszechnie występującą w strefie klimatu umiarkowanego. Do celów piwowarskich wykorzystuje się jedynie osobniki żeńskie, które wykształcają szyszki. Obecność osobników męskich na plantacjach produkcyjnych jest niepożądana, gdyż prowadzi do zaziarnienia szyszek. Z drugiej strony osobniki męskie chmielu są niezbędne w hodowli do tworzenia nowych odmian i zwiększania różnorodności genetycznej. Stanowią też źródło odporności na choroby i szkodniki. Celem badań była ocena zróżnicowania genetycznego osobników męskich pochodzących z różnych rejonów Polski zgromadzonych w banku genów rodzaju *Humulus* w IUNG-PIB w Puławach

MATERIAŁY I METODY

MATERIAŁ BADAWCZY

- 85 osobników męskich pochodzących z 7 rejonów Polski
- 11 odmian hodowlanych chmielu pochodzenia polskiego i czeskiego
- 1 odmiana botaniczna chmielu północno-amerykańskiego *Humulus lupulus* var. *neomexicanus*

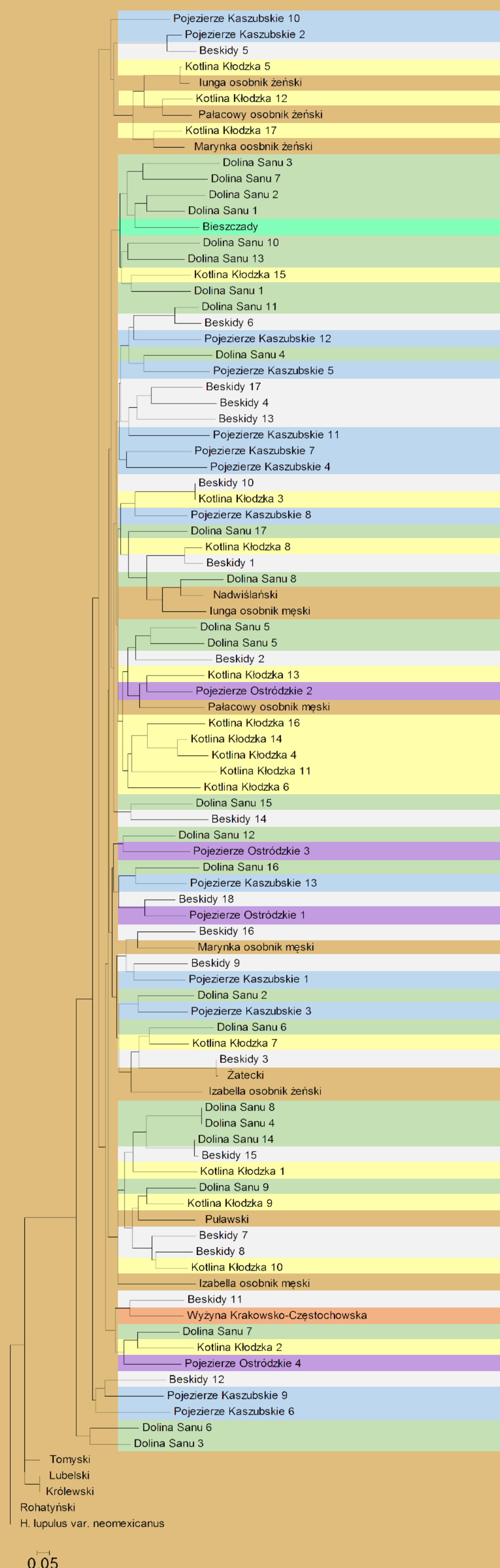
ANALIZA MOLEKULARNA

- izolacja DNA metodą CTAB
- amplifikacja 10 markerów mikrosatelitarnych: HIGT16, HIGT17, HIGA27, HIGA23, HIAGA7, HIAGA8, HIAGA6, HIGA31, 10316546, 10316577, 10316399 (Stajner i in., 2005; Plant Sci.)
- Rozdział produktów PCR na sekwenatorze 3500 Genetic Analyzer
- Detekcja długości uzyskanych alleli przy pomocy programu GeneMapper 5.0
- Analiza skupień wykonana metodą Neighbor-Joining w programie Microsatellite analyzer (MSA) 4.05

WNIOSKI

Analiza skupień wykonana przy użyciu algorytmu Neighbor-Joining wykazała brak wyraźnego zróżnicowania genetycznego wśród badanych osobników męskich pochodzących z różnych rejonów Polski. Świadczy to o istnieniu pokrewieństwa genetycznego pomiędzy badanymi osobnikami, jak również o tym, że rozmieszczenie geograficzne nie determinuje różnic genetycznych wśród tych osobników.

WYNIKI



Rys. 1. Drzewo filogenetyczne rodzaju *Humulus*, uzyskane metodą Neighbor-Joining w oparciu o polimorfizm markerów mikrosatelitarnych.