



¹ Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR, Główna 20, 99-307 Strzelce, Polska

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików,
05-870 Błonie, Polska

* e-mail: a.niedziela@ihar.edu.pl

SYLWIA JĘDZURA¹, DARIUSZ MAŃKOWSKI²,
PRZEMYSŁAW MATYSIK¹, AGNIESZKA NIEDZIELA^{2*}

Zmienność genetyczna i fenotypowa linii jarej pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) o wysokim potencjale hodowlanym

Genetic and phenotypic variability of spring common wheat
(*Triticum aestivum* L.) lines with high breeding potential

Abstrakt. W pracy przedstawiono ocenę zróżnicowania genetycznego oraz zmienności fenotypowej 38. linii jarej pszenicy zwyczajnej pochodzących z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR. Do genotypowania wykorzystano markery dominujące silicoDArT oraz kodominujące SNP. Największy dystans genetyczny obserwowano na podstawie polimorfizmu markerów SNP pomiędzy liniami: STH_12 i STH_37 (0,579), natomiast na podstawie polimorfizmu markerów silicoDArT pomiędzy liniami: STH_1 i STH_33 (0,728). Analiza struktury przeprowadzona metodą grupowania Bayesowskiego wykazała obecność trzech genetycznie odrębnych grup (K = 3) na podstawie segregacji alleli SNP oraz sześciu odrębnych grup (K = 6) na podstawie segregacji alleli silicoDArT. Największym współczynnikiem zmienności spośród analizowanych cech użytkowych charakteryzowały się: plon ziarna z poletka (18,0%) oraz termin kłoszenia (17,5%). Obserwowano istotne zróżnicowanie średnich wartości terminu kłoszenia, masy hektolitra i liczby ziaren z kłosa pomiędzy grupami, do których zostały przypisane badane linie hodowlane na podstawie analizy struktury populacji.

Słowa kluczowe: pszenica, zróżnicowanie genetyczne, ocena fenotypowa

Cytowanie: Jędzura S., Mańkowski D., Matysik P., Niedziela A., 2025. Zmienność genetyczna i fenotypowa linii jarej pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) o wysokim potencjale hodowlanym. Agron. Sci. 80(1), 51–70. <https://doi.org/10.24326/as.2025.5470>

WSTĘP

W Polsce pszenica zwyczajna jest najważniejszym i najczęściej uprawianym zbożem na cele konsumpcyjne oraz paszowe. Powierzchnia jej uprawy wynosi 2,4 mln ha, co stanowi ok. 33,3% powierzchni upraw wszystkich zbóż w kraju [GUS 2024]. Uprawa pszenicy jarej jest mniej popularna niż ozimej, o czym świadczy niski, stanowiący 8,7-procentowy udział w powierzchni zasiewów gatunku [GUS 2024]. Formy jare mają wysokie wymagania środowiskowe i agrotechniczne [Sulek 2004, Woźniak 2006]. W uprawie pszenicy ważny jest wczesny siew, który pozwala roślinom wykształcić mocny system korzeniowy i uniknąć wiosennych niedoborów wody w glebie, co w znacznym stopniu decyduje o wielkości przyszłych plonów [Rudnicki i in. 1999, Mazurek i Sulek 2000]. Pszenica jara jest bardzo dobrą alternatywą jako roślina następcza dla późno schodzących z pola gatunków, takich jak kukurydza czy buraki, a krótszy okres wegetacji może sprzyjać obniżeniu kosztów uprawy ze względu na krótszy czas narażenia na patogeny, szkodniki i niektóre chwasty. Ziarno pszenicy jarej przeznaczone jest przede wszystkim na cele konsumpcyjne ze względu na wyższą zawartość lipidów i błonnika oraz niższą włókna surowego w stosunku do ziarna form ozimych [Biel i Maciorowski 2012]. Z kolei wyższa zawartość i jakość białka, w tym glutenu, wpływają korzystnie na wartość wypiekową mąki [Wenda-Piesik i in. 2017, Jędzura i in. 2023].

Priorytetem w hodowli nowych odmian pszenicy, podobnie jak innych zbóż, jest poprawa plenności, która w największym stopniu decyduje o opłacalności uprawy. Jednak pełne wykorzystanie potencjału plonotwórczego jest w dużym stopniu ograniczone przez stresy biotyczne i abiotyczne, na które narażone są rośliny podczas wegetacji. Dlatego też nowo wytworzone odmiany powinny charakteryzować się nie tylko wysokim plonem, ale również dobrą odpornością na patogeny oraz zmienne warunki pogodowe, takie jak: okresowe niedobory wody, przymrozki czy zakwaszenie podłoża. Różnorodność genetyczna jest jednym z ważniejszych czynników wpływających na poprawę plonowania. Stanowi również podstawę przetrwania roślin w przyrodzie [Booy i in. 2000, Raza i in. 2009]. Umożliwia hodowcom wybór genotypów o pożądanych cechach, które można następnie wykorzystać jako materiał wyjściowy w programach hodowlanych [Swarup i in. 2020]. Jej źródło mogą stanowić mutacje, przepływ genów, rekombinacje materiału genetycznego oraz dryf genetyczny [Brown 1983].

Informacje dotyczące różnorodności genetycznej populacji lub gatunku można uzyskać na podstawie danych genotypowych opartych na różnicach sekwencji nukleotydowych DNA, danych fenotypowych lub za pomocą rzadko współcześnie stosowanej metody wykorzystującej allozymy [Tang i in. 2007, Kirk i Freeland 2011, Tagliotti i in. 2018]. Obecnie na uwagę zasługują metody genotypowania bazujące na sekwencjonowaniu nowej generacji, które w krótkim czasie dostarczają dziesiątki tysięcy polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP, ang. single nucleotide polymorphism) obejmujących cały genom lub znaczną jego część. Do takich metod należy zaliczyć technologię DArTseq [Sansaloni i in. 2011] oraz GBS [Poland i Rife 2012]. DArTseq, oprócz markerów SNP o charakterze kodominującym dających możliwość odróżnienia homozygot od heterozygot, dostarcza jednocześnie dużej puli markerów silicoDArT, które cechuje dominujący charakter. Ocena dystansów genetycznych pomiędzy badanymi genotypami powinna uwzględniać różne systemy markerowe, gdyż każdy z nich może wykrywać polimorfizm w innych obszarach genomu [Bolibok i in. 2005, Stojalowski 2007]. Markery silicoDArT oraz SNP zostały

wykorzystane do badania różnorodności genetycznej i struktury populacji ponad 79 tys. genotypów pszenic zgromadzonych w banku genów CIMMYT oraz ICARDA, w tym ponad 56 tys. form heksaploidalnych *Triticum aestivum* L. *aestivum* [Sansaloni i in. 2020]. Analiza admiksji za pomocą algorytmu Bayesa oraz analiza skupień MRD (ang. modified Roger's distance) [Soleimani i in. 2020] wykazały obecność ośmiu odrębnych genetycznie grup w obrębie badanych pszenic heksaploidalnych. Na podstawie uzyskanych wyników wynioskowano, że duża część zmienności genetycznej obecna w odmianach lub populacjach lokalnych nie została dotychczas włączona do hodowli. Tomkowiak i in. [2019, 2020] testowali przydatność markerów uzyskanych za pomocą technologii DArTseq, jak również markerów AFLP, RAPD i SSR do oceny stopnia podobieństwa między liniami wsobnymi kukurydzy. Autorzy wykazali, że właściwy dobór systemu markerowego, a także miary dystansu genetycznego mają wpływ na grupowanie badanych linii i są istotnie powiązane z wyborem komponentów matecznych do hodowli mieszańcowej.

Badania opisane w tej pracy miały na celu ocenę zróżnicowania genetycznego materiałów kolekcyjnych jarej pszenicy zwyczajnej z uwzględnieniem dwóch typów markerów (SNP i silicoDArT) oraz ustalenie jego powiązania ze zmiennością obserwowaną na poziomie fenotypowym.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 38 linii jarej pszenicy zwyczajnej (STH_01 – STH_38) pokolenia F7-F8 pochodzących z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR. Linie wybrano na podstawie najlepszych wyników plonowania uzyskanych w doświadczeniach wyższych (doświadczenie wstępne, doświadczenie przedwstępne, badania rejestrowe Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych) przeprowadzonych w 2022 r. Doświadczenie polowe w 2023 r. założono w Strzelcach (52°18'57.1"N, 19°24'09.6"E), w układzie losowanych bloków kompletnych, w trzech powtórzeniach, na poletkach o powierzchni 2 m². Rośliny rosły na glebie brunatnej właściwej zaliczonej do kompleksu pszennego dobrego, klasy bonitacyjnej III a. Przeprowadzono ocenę fenotypową badanych linii pod względem cech ilościowych, takich jak: średnia liczba (LZK) oraz masa (MZK) ziaren z 10 kłosów, masa hektolitra (kg·hl⁻¹), średni plon z trzech poletek o powierzchni 2 m² (kg), masa tysiąca ziaren (g), wysokość roślin (cm) i termin kłoszenia, biorąc pod uwagę liczbę dni od 1 czerwca. Podatność na porażenie mączniakiem prawdziwym oceniano trzykrotnie podczas sezonu wegetacyjnego, stosując dziewięciostopniową skalę bonitacyjną (9 – brak porażenia, 1 – bardzo silne porażenie). Ocenę ziarna pod względem zawartości białka, glutenu i skrobi wyrażono w g·kg⁻¹, jego wodochłonność (WA) wyrażono w procentach (%), a także indeks twardości ziarna (HI) wykonano przy użyciu analizatora NIRSTM DS2500 firmy FOSS. Współczynnik zmienności (CV, %) oraz wariancję poszczególnych cech w obrębie badanych linii obliczono w programie Statistica v.13.3 [TIBCO Software Inc. 2017].

Izolacja genomowego DNA została wykonana z dziesięciu równych wagowo fragmentów liści reprezentujących każdą z linii zgodnie z procedurą rekomendowaną przez dostawcę zestawów do izolacji (Plant DNeasy MiniKit 250, Qiagen). Do genotypowania zastosowano platformę DArTseq (Diversity Arrays Technology Pty Ltd, Canberra, Australia). Przed przystąpieniem do analiz markery filtrowano ze względu na częstość występowania

rzadkiego allelu (ang. minor allele frequency; $MAF > 0,05$) oraz liczbę brakujących obserwacji (ang. call rate; $CR > 0,95\%$).

Współczynnik informacji polimorficznej PIC (ang. polymorphism information content) dla markerów kodominujących SNP oszacowano stosując wzór zaproponowany przez Nei [Nei i Li 1979], natomiast dla markerów dominujących silicoDART wzór wg Roldan-Ruiz i in. [2020]. Zgodnie z zastosowanymi wzorami wartość PIC dla markerów kodominujących mieści się w zakresie 0–1,0, natomiast dla markerów dominujących 0–0,5.

W programie GenAlex v.6.5 [Peakall i Smouse 2012] wyliczono następujące parametry genetyki populacyjnej: udział procentowy loci polimorficznych (PPL), liczbę alleli obserwowanych (N_a), efektywną liczbę alleli (N_e), wskaźnik Shannona (I), heterozygotyczność oczekiwaną wynikającą z założeń prawa Hardy’ego-Weinberga (H_e), heterozygotyczność obserwowaną (H_o) oraz nieobciążoną oczekiwaną heterozygotyczność (uH_e). Dla analizowanych linii jarej pszenicy zwyczajnej określono współczynniki dystansu genetycznego (GD) według wyskalowanej metody euklidesowej zaimplementowanej do pakietu dartR [Georges 2022] w programie R [<http://www.rproject.org>]. Pakiet ten uwzględnia różnice w sposobie kodowania danych, dając możliwość zastosowania odległości euklidesowej dla obu typów markerów. W zapisie wyników silicoDART „0” oznacza brak, a „1” obecność markera, natomiast podczas generowania wyników SNP obie wartości oznaczają obecność polimorfizmu w stanie homozygotycznym (0 – homozygota referencyjna; 1 – homozygota SNP), natomiast 2 oznacza heterozygotę.

Na bazie macierzy dystansu genetycznego wykreślono dendrogram obrazujący podobieństwo badanych pszenic. Jako metodę aglomeracji wybrano metodę średnich połączeń UPGMA (ang. unweighted pair group method with arithmetic mean). Linie hodowlane tworzące poszczególne grupy zaznaczono odrębnymi kolorami na dendrogramach.

W celu dokładnego zidentyfikowania grup genetycznie zróżnicowanych populacji wykonano obliczenia w programie Structure v.2.3.3 [Pritchard i in. 2000]. Najbardziej prawdopodobną wartość K wyznaczono na podstawie zobrazowanej graficznie wartości delta K (ΔK), pokazującej wyraźny szczyt przy prawidłowej liczbie grup [Evanno i in. 2005]. Przeprowadzono łącznie dziewięć symulacji przypisania osobników do grup genetycznych, zakładając, że analizowana pula osobników stanowi jedną grupę ($K = 1$), a następnie, że obecne są grupy od $K = 2$ do $K = 9$. Zastosowano model dla skorelowanych frekwencji alleli, wykonano 100 000 interakcji i 100 000 powtórzeń zgodnie z algorytmem MCMC (ang. Markov chain Monte Carlo). Wyniki zobrazowano w programie CLUMPAK [Kopelman i in. 2015]. Pomiędzy wyodrębnionymi grupami obliczono dystans genetyczny (GD) według Neia z zastosowaniem programu GenAlex v.6.5. [Peakall i Smouse 2007].

W celu porównania wartości średnich cech użytkowych oraz sposobu ich kształtowania się w zależności od grupy, do której przypisano dany genotyp, wykonano analizę wariancji (ANOVA). Wzajemne zależności pomiędzy cechami fenotypowymi określano za pomocą analizy korelacji liniowej Pearsona oraz analizy składowych głównych (PCA) wykonanych w programie Statistica v.13.3 [TIBCO Software Inc. 2017].

WYNIKI

Genotypowanie badanych linii jarej pszenicy zwyczajnej pozwoliło na uzyskanie 41 480 markerów SNP oraz 50 343 markerów silicoDArT. Po filtrowaniu do analiz wykorzystano odpowiednio 10 219 SNP i 7 285 silicoDArT. Wartości PIC dla markerów kodominujących kształtowały się na poziomie 0,012–1,0, natomiast dla markerów dominujących: 0,152–0,5. Średnia wartość współczynnika PIC po filtrowaniu była równa 0,380 dla SNP i 0,375 dla silicoDArT (tab. 1). Wszystkie badane loci prezentowały 100% polimorfizmu, a liczba obserwowanych alleli w locus (Na) wynosiła 2,0 bez względu na zastosowany system markerowy. Efektywna liczba alleli oraz indeks Shanona dla badanej populacji były wyższe w przypadku zastosowania markerów kodominujących ($N_e = 1,570$; $I = 0,570$) niż gdy do analiz zastosowano markery dominujące ($N_e = 1,409$; $I = 0,432$). Średnia obserwowana wartość heterozygotyczności (H_o) była równa 0,122 dla loci SNP i znacznie różniła się od wartości średnich oczekiwanej częstości heterozygot ($H_e = 0,388$) oraz nieobciążonej oczekiwanej częstości heterozygot ($uH_e = 0,393$) – tab. 1.

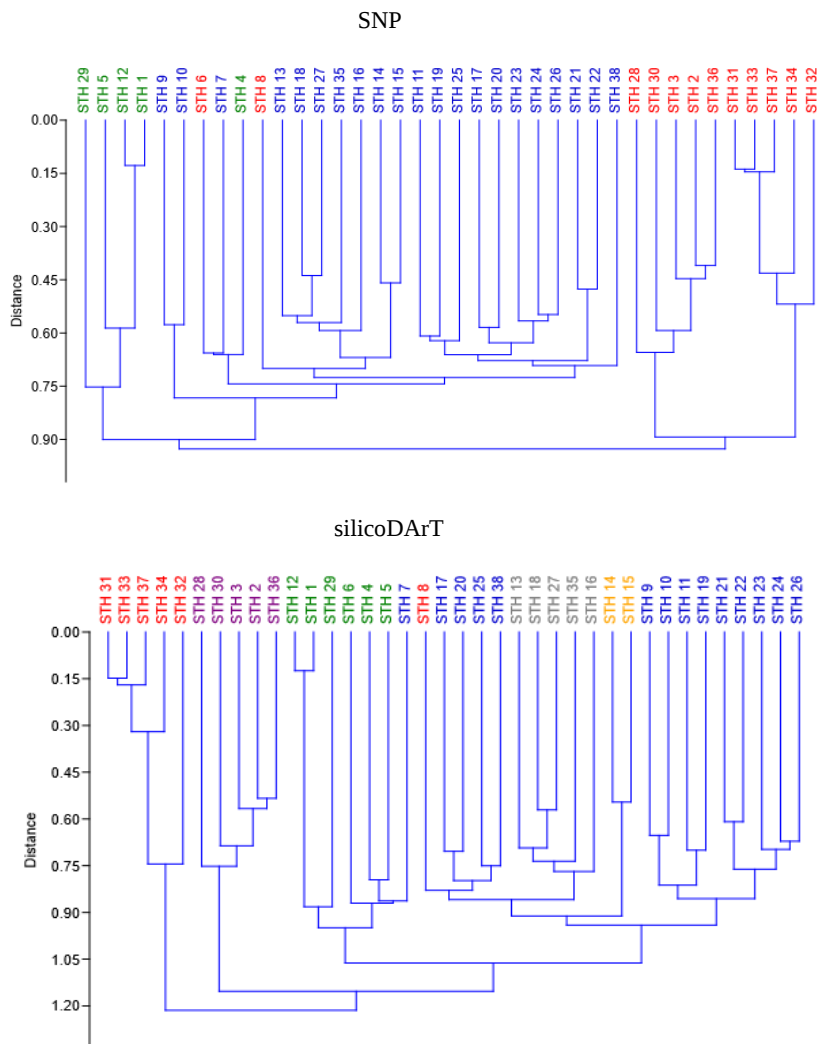
Tabela 1. Współczynnik informacji polimorficznej (PIC) oraz parametry charakteryzujące zmienność genetyczną
Table 1. Polymorphic information content (PIC) and parameters characterizing genetic variability

System markerowy Marker system	PIC	PPL (%)	Na	Ne	I	He	uHe	Ho
SNP	0,380	100%	2,000	1,570	0,570	0,388	0,393	0,122
silicoDArT	0,375	100%	2,000	1,409	0,432	0,270	0,274	

PIC – indeks stopnia polimorfizmu, PPL – udział procentowy loci polimorficznych, Na – liczba alleli, Ne – efektywna liczba alleli, I – wskaźnik Shannona, He – heterozygotyczność oczekiwana, Ho – heterozygotyczność obserwowana, uHe – nieobciążona oczekiwana heterozygotyczność

PIC – polymorphic information content, PPL – percentage of polymorphic loci, Na – number of alleles, Ne – effective number of alleles, I – Shannon index, He – expected heterozygosity, Ho – observed heterozygosity, uHe – unbiased expected heterozygosity

W przeprowadzonych analizach największą wartość dystansu genetycznego wyznaczonego w oparciu o polimorfizm markerów SNP według metody euklidesowej obserwowano pomiędzy liniami STH_12 i STH_37 (0,579), natomiast dla markerów silicoDArT pomiędzy liniami STH_1 i STH_33 (0,728). Najbardziej podobne były linie STH_12 i STH_1 (0,090) oraz STH_31 i STH_33 (0,098) niezależnie od zastosowanego systemu markerowego. Na podstawie macierzy odległości genetycznych przeprowadzono analizę skupień, która wykazała obecność dwóch (SNP) i trzech (silicoDArT) głównych skupień. Dziesięć linii (STH_2, STH_3, STH_28, STH_30, STH_31, STH_32, STH_33, STH_34, STH_36 i STH_37) było wyraźnie oddzielonych od pozostałej grupy bez względu na zastosowany system markerowy (ryc. 1).



Odrębnymi kolorami zaznaczono linie przypisane do poszczególnych grup na podstawie wyników programu Structure: niebieski – G1, czerwony – G2, zielony – G3, fioletowy – G4, pomarańczowy – G5, szary – G6
 Lines assigned to particular groups based on the results of the Structure program remarked in separate colours
 (blue – G1, red – G2, green – G3, purple – G4, orange – G5, grey – G6)

Ryc. 1. Dendrogramy 38 linii jarej pszenicy zwyczajnej otrzymane metodą UPGMA
 Fig. 1. Dendrograms for 38 spring wheat lines generated by UPGMA clustering analysis

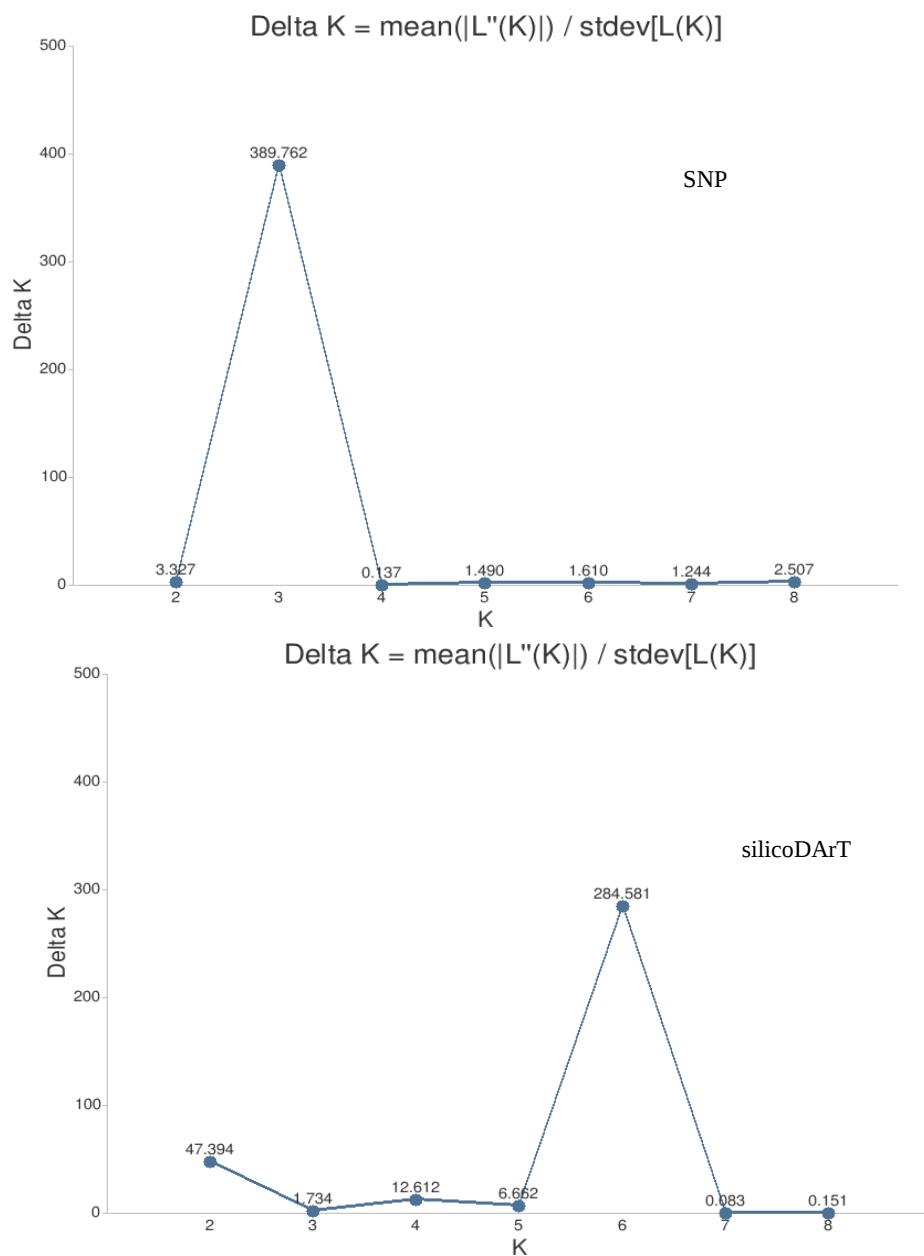
Analiza struktury zmienności genetycznej badanej populacji pszenicy przeprowadzona metodą grupowania Bayesowskiego z wykorzystaniem oprogramowania Structure ver. 2.3.4 wyodrębniła trzy genetycznie odrębne grupy ($K = 3$) na podstawie analizy segregacji alleli SNP oraz sześciu grup ($K = 6$) na podstawie analizy segregacji alleli silicoDArT (ryc. 2). W analizowanej populacji wartości ΔK wskazujące na liczbę grup były niskie ($\Delta K = 389$ dla SNP; $\Delta K = 285$ dla silicoDArT), co wskazywało na grupowanie linii należących do co najmniej kilku klas w obrębie jednej grupy. Przy założeniu istnienia trzech grup, 42,1% roślin zostało praktycznie jednoznacznie przypisanych do jednej z nich (wartości $Q > 0.950$) na podstawie danych otrzymanych dla SNP, podczas gdy wartość ta była niższa dla silicoDArT i wynosiła 18,4% przy założeniu istnienia sześciu grup (ryc. 3). Linie STH_1, STH_12, STH_21, STH_24, STH_31, STH_33 i STH_37 charakteryzowały się wysokimi wartościami $Q (>0.95)$ niezależnie od wykorzystanego systemu markerowego oraz zakładanej najbardziej prawdopodobnej liczby grup. Wartości dystansu genetycznego pomiędzy uzyskanymi grupami określonymi za pomocą analizy Bayesa wahały się od 0,10 (G2 vs G3) do 0,35 (G6 vs G1 i G5) dla analizy z zastosowaniem markerów SNP oraz od 0,13 (G1 vs G2) do 0,24 (G2 vs G3) dla markerów silicoDArT (tab. 2).

Na podstawie wstępnej oceny fenotypowej stwierdzono zróżnicowanie wartości badanych cech użytkowych w obrębie 38 linii pszenicy jarej (tab. 3). Największą zmiennością charakteryzował się plon ziarna z poletka ($CV = 18,0\%$) oraz termin kłoszenia ($CV = 17,5\%$). Najmniejszą zmienność stwierdzono dla zawartości skrobi w ziarnie ($CV = 1,9\%$) i masy hektolitra ($CV = 2,8\%$). Najwyższą wartość plonu ziarna z poletka uzyskano dla linii STH_11 (0,75 kg), a najniższą dla linii STH_3 (0,39 kg), podczas gdy masa tysiąca ziaren była najwyższa dla linii STH_3 (51,9 g), a najniższa dla linii STH_11 (40,5 g). Najwyższą zawartością białka w ziarnie ($125\text{--}128 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) charakteryzowały się następujące linie hodowlane: STH_4, STH_17 i STH_25. Cecha ta była ujemnie skorelowana z plonem ($r = -0,54$; $p < 0,05$).

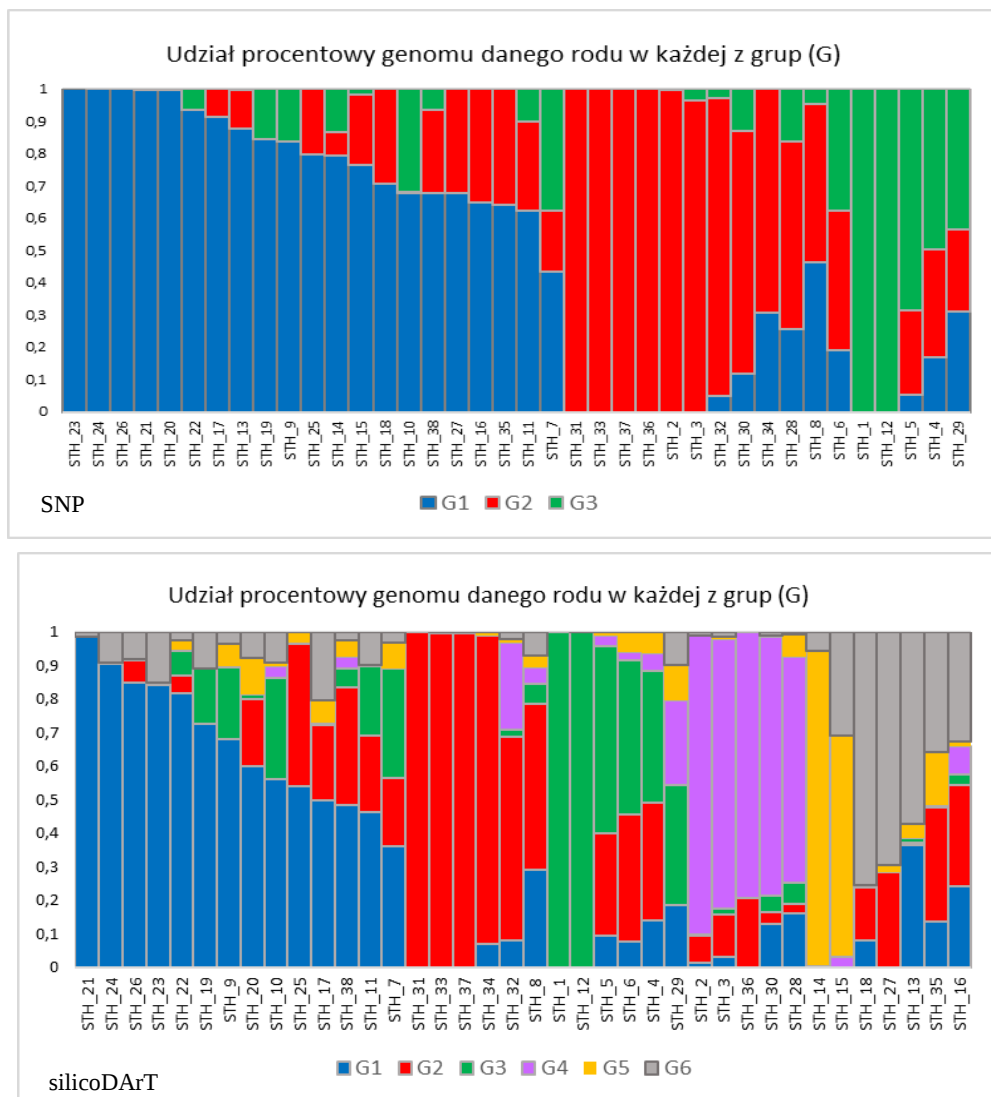
Tabela 2. Macierz wartości dystansów genetycznych pomiędzy populacjami na podstawie współczynnika Nei na podstawie analizy z wykorzystaniem markerów SNP (powyżej przekątnej) i silicoDArT (poniżej przekątnej)

Table 2. Pairwise population matrix of Nei genetic distance between populations evaluated using SNP (above the diagonal) and silicoDArT markers (below the diagonal)

	G1	G2	G3	G4	G5	G6
G1	–	0,132	0,188	–	–	–
G2	0,158	–	0,240	–	–	–
G3	0,231	0,100	–	–	–	–
G4	0,177	0,150	0,254	–	–	–
G5	0,208	0,186	0,175	0,307	–	–
G6	0,349	0,249	0,274	0,236	0,354	–



Ryc. 2. Wykresy wartości Delta K
Fig. 2. Plot of Delta K values



Odrębnymi kolorami zaznaczono linie przypisane do poszczególnych grup na podstawie wyników programu Structure

Lines assigned to particular groups based on the results of the Structure program remarked in separate colours

Ryc. 3. Struktura genetyczna populacji 38 linii pszenicy zwyczajnej

Fig. 3. Genetic structure of 38 spring wheat lines population

Tabela 3. Wartości średnie, zakresy zmienności i współczynniki zmienności (CV) dla badanych cech użytkowych 38 linii jarej pszenicy zwyczajnej

Table 3. Mean values, range of variables, and coefficient of variation (CV) for analysed traits of 38 spring common wheat lines

Badana cecha Examined trait	Minimum	Maksimum Maximum	Średnia Mean	Wariancja Variance	Współczynnik zmienności Coefficient of variation (%)
Termin kłoszenia (liczba dni od 1 czerwca) Heading date (number of days from 1 June)	7	12	9,24	2,62	17,52
Wysokość roślin (cm) Plant height	67	97	82,9	46,9	8,25
Mączniak prawdziwy (skala 9-stopniowa) Powdery mildew (9-degree scale)	7	9	8,49	0,42	7,62
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight	40,52	51,94	45,5	7,09	5,85
Masa hektolitra ($\text{kg} \cdot \text{hl}^{-1}$) Hectoliter weight	72,3	81,4	76,5	4,66	2,82
Plon ziarna (kg) Grain yield	0,38	0,76	0,57	0,01	18,01
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	44,1	66,5	55,2	29,9	9,91
Masa ziarna z kłosa (g) Weight of grains per spike	2,232	3,264	2,7	0,07	9,88
Zawartość białka w ziarnie ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) Protein content in grain	98	128	112	0,66	7,26
Zawartość glutenu ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) Gluten content	206	300	254	5,51	9,24
Zawartość skrobi ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$) Starch content	571	617	596	1,27	1,89
Wodochłonność (%) Water absorption	49,64	59,81	54,1	5,34	4,27
Indeks twardości ziarna Grain hardness index	46,1	68,2	56,6	23,4	8,56

Analiza wariancji (ANOVA) w obrębie grup, do których zostały przypisane badane linie hodowlane pszenicy zwyczajnej na podstawie analizy struktury populacji wykazała istotne zróżnicowanie wartości średnich niektórych cech fenotypowych (tab. 4). Dla analizy wykonanej na podstawie markerów silicoDArT skrajne wartości terminu kłoszenia i masy hektolitra odnotowano dla pszenic przypisanych do grup G1 oraz G2, natomiast dla masy ziaren z kłosa – dla grup G2 i G5. Odrębne średnie wartości liczby ziaren z kłosa otrzymano pomiędzy grupami G1 i G2 oraz G5. Należy jednak podkreślić, że do grupy G5 należą tylko dwie linie hodowlane, co może mieć wpływ na uzyskany wynik. Z kolei analiza z zastosowaniem markerów SNP wykazała istotne różnice średnich wartości terminu kłoszenia, wysokości roślin, masy hektolitra oraz liczby ziaren z kłosa pomiędzy pszenicami przypisanymi do grupy G1 i G2 (tab. 4).

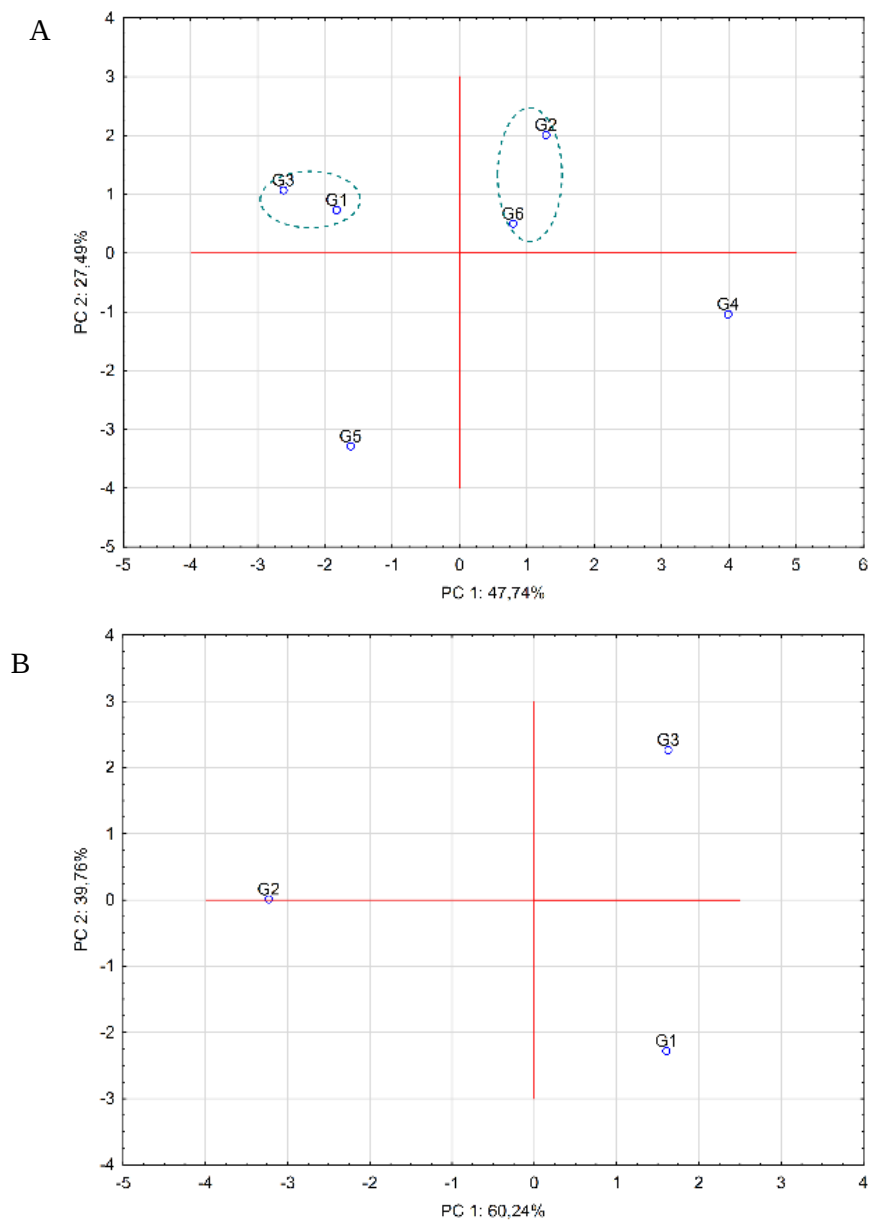
Analiza składowych głównych pozwoliła na wydzielenie dwóch składowych odpowiadających odpowiednio za 60,2% i 39,7% objaśnianej zmienności pomiędzy grupami z zastosowaniem markerów SNP (ryc. 4A). Dla pierwszej składowej głównej stwierdzono dodatnią korelację z wysokością roślin (0,937), masą hektolitra (0,954), plonem ziarna (0,985), liczbą (0,998) i masą ziaren z 10 kłosów (0,679) oraz indeksem twardości ziarna (0,991). Pozostałe cechy wykazywały ujemne korelacje z PC1. Druga składowa główna była dodatnio skorelowana z wodochłonnością ziarna (0,942), ujemnie zaś przede wszystkim z porażeniem mączniakiem prawdziwym –0,814, masą tysiąca ziaren (–0,736), masą ziaren z 10 kłosów (–0,735), zawartością białka (–0,747), glutenu (–0,778) i skrobi (–0,999) w ziarnie (tab. 4). Wszystkie trzy grupy tworzyły odrębne skupienia (ryc. 2A). Tożsama analiza dla grup wyodrębnionych z zastosowaniem markerów silicoDArT pozwoliła na wydzielenie trzech składowych odpowiadających odpowiednio za 47,7%, 27,5% oraz 17,3% objaśnianej zmienności pomiędzy grupami (ryc. 4B). Pierwsza składowa główna (PC 1) była silnie dodatnio skorelowana z terminem kłoszenia (0,924), stopniem porażenia mączniakiem prawdziwym (0,865), masą tysiąca ziaren (0,703), zawartością białka w ziarnie (0,686) oraz zawartością glutenu (0,796) – tab. 5. Wysokie wartości ujemnych korelacji z PC 1 wykazywały takie cechy, jak: wysokość roślin (–0,884), masa hektolitra (–0,811), plon ziarna (–0,968) i liczba ziaren w kłosie (–0,620). Dla drugiej składowej głównej (PC 2) stwierdzono dodatnią korelację z zawartością skrobi w ziarnie (0,768), natomiast ujemną korelację z liczbą ziaren w kłosie (–0,742), masą tysiąca ziaren (–0,906) oraz wodochłonnością ziarna (–0,887). Za wartości trzeciej składowej głównej (PC 3) odpowiadały ze znakiem dodatnim: zawartość białka (0,642) i glutenu w ziarnie (0,539) oraz indeks twardości ziarna (0,826). Z przestrzennego rozmieszczenia opisywanych grup w układzie dwóch pierwszych składowych głównych (ryc. 2B) wynika, że grupy G1 i G3 tworzą jedno skupienie, podobnie jak G2 i G6, natomiast grupy G4 oraz G5 są od nich wyraźnie odrębne.

Tabela 4. Analiza wariancji (AMOVA) średnich wartości cech uzyskanych w obrębie grup wyodrębnionych w programie Structure
Table 4. Analysis of variance (AMOVA) for mean values of the traits among groups evaluated in Structure

Wyszczególnienie	Markery										
	silicoDArT							SNP			
Grupa Group	G1	G2	G3	G4	G5	G6	F-statistic	G1	G2	G3	F-statistic
Termin kłoszenia Heading date	8,00 ^a	10,29 ^b	9,00 ^{ab}	11,20 ^b	8,50 ^{ab}	10,00 ^{ab}	7,46***	8,57 ^a	10,42 ^b	9,20 ^{ab}	6,42**
Wysokość roślin (cm) Plant height	86,64	79,14	83,17	77,2	85,00	82,25	2,37 n.s.	85,33 ^b	78,66 ^{ab}	83,00 ^{ab}	4,26*
Mączniak prawdziwy Powdery mildew	8,47	8,58	8,22	8,73	8,50	8,58	0,42 n.s.	8,51	8,53	8,33	0,47 n.s.
MTZ (g)	45,01	45,98	45,84	46,83	46,60	46,69	1,1 n.s.	45,58	46,09	43,80	1,35 n.s.
Masa hektolitra (kg·hl ⁻¹) Hectoliter weight	77,88 ^b	74,50 ^a	77,00 ^{ab}	75,18 ^{ab}	77,50 ^{ab}	75,25 ^{ab}	4,69**	77,23 ^b	75,08 ^a	76,58 ^{ab}	4,49*
Plon ziarna (kg) Grain yield	0,59	0,54	0,59	0,48	0,60	0,56	1,23 n.s.	0,58	0,52	0,59	2,32 n.s.
LZK	55,35 ^a	52,35 ^a	56,91 ^{ab}	53,06 ^{ab}	62,75 ^b	55,87 ^{ab}	5,42***	56,23 ^b	52,80 ^a	56,50 ^{ab}	6,15**
MZK (g)	2,61 ^{ab}	2,65 ^a	2,74 ^{ab}	22,79 ^{ab}	3,08 ^b	2,79 ^{ab}	3,94**	2,71	2,70	2,70	0,99 n.s.
Białko (g·kg ⁻¹) Protein	112,7	110,4	108,8	116,6	111,0	110,3	5,9 n.s.	111,9	112,4	110,2	8,8 n.s.
Gluten (g·kg ⁻¹)	257,1	252,4	240,7	266,2	247,5	252,2	7,2 n.s.	254,4	255,7	247,6	2,1 n.s.
Skrobia (g·kg ⁻¹) Starch	600,0	595,5	596,1	589,8	588,0	591,5	9,8 n.s.	597,1	594,7	592,2	6,5 n.s.
WA (%)	53,81	52,88	54,49	56,11	56,35	53,36	1,89 n.s.	53,87	54,42	54,55	0,75 n.s.
HI	57,62	55,70	56,01	56,80	57,05	54,57	0,31 n.s.	56,80	56,07	56,70	0,92 n.s.

Objaśnienia: MTZ – masa 1000 ziaren, LZK – liczba ziaren w kłosie, MZK – masa ziarna z kłosa, WA – wodochłonność, HI – indeks twardości ziarna; * P < 0.05, ** P < 0.01, *** P < 0.001; n.s. – różnice nieistotne. Wartości oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie

Explanations: MTZ – 1000 grain weight, LZK – number of grains per spike, MZK – weight of grains per spike, WA – water absorption, HI – grain hardness index; *P < 0.05, ** P < 0.01, *** P < 0.001; n.s. – not significant differences. Values followed by different letters are statistically different



Ryc. 4. Przestrzenne rozmieszczenie grup wyodrębnionych z zastosowaniem analizy struktury populacji w układzie dwóch pierwszych składowych głównych: A) SNP, B) silicoDArT
Fig. 4. Spatial distribution of groups identified using population structure analysis in the first two principal components: A) SNP, B) silicoDArT

Tabela 5. Współczynniki korelacji między cechami a każdą ze składowych głównych (PC) tłumaczących największy poziom objaśnianej zmienności pomiędzy grupami
 Table 5. Correlation coefficients between evaluated traits and each of the principal components (PC) explaining the greatest level of variability between groups

Cecha Trait	silicoDArT			SNP	
	PC 1	PC 2	PC 3	PC 1	PC 2
Termin kłoszenia Heading date	0,9235	0,1505	−0,2667	−0,9409	0,3385
Wysokość roślin (cm) Plant height	−0,8835	−0,1741	0,2092	0,9373	−0,3483
Mączniak prawdziwy Powdery mildew	0,8650	−0,2967	0,1576	−0,5811	−0,8137
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight	0,7026	−0,4980	−0,2035	−0,6765	−0,7363
Masa hektolitra (kg·hl ^{−1}) Hectoliter weight	−0,8112	−0,3759	0,4290	0,9544	−0,2983
Plon ziarna (kg) Grain yield	−0,9681	−0,0689	−0,0998	0,9851	−0,1716
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	−0,6203	−0,7422	−0,2452	0,9982	0,0598
Masa ziarna z kłosa (g) Weight of grains per spike	−0,0926	−0,9059	−0,4101	0,6785	−0,7345
Zawartość białka (g·kg ^{−1}) Protein content	0,6860	−0,3224	0,6421	−0,6648	−0,7470
Zawartość glutenu (g·kg ^{−1}) Gluten content	0,7963	−0,0840	0,5386	−0,6279	−0,7782
Zawartość skrobi (g·kg ^{−1}) Starch content	−0,4213	0,7678	0,4783	−0,0278	−0,9996
Wodochłonność (%) Water absorption	0,0962	−0,8867	0,1604	−0,3365	0,9416
Indeks twardości ziarna Grain hardness index	−0,2231	−0,4237	0,8257	0,9913	−0,1309

DYSKUSJA

Zmienność genetyczna jest jedną z najważniejszych cech charakteryzujących każdą populację, a odpowiednio wysoka różnorodność genetyczna jest podstawą zachowania jej zdolności adaptacyjnych [Sokal i in 1989]. Technologia DArTseq stanowi wydajne narzędzie-

dzie diagnostyczne do badania zmienności genetycznej i struktury populacji roślin użytkowych [Tomkowiak i in. 2019, Sansaloni i in. 2020]. Generuje ona jednorazowo od kilkuset do kilku tysięcy markerów, z których zwykle ok. 60–70% spełnia wymogi stawiane przez techniki analityczne pod warunkiem, że liczba badanych osobników przekracza 100 [Mourad i in. 2020, Sansaloni i in. 2020]. Ograniczenie wielkości badanej populacji roślin w obecnym doświadczeniu do 38 linii miało wpływ na obniżenie tych wartości do 24,6% dla SNP i 14,5% dla silicoDART poprzez wzrost liczebności markerów monomorficznych. Wciąż jednak pula markerów, którą wykorzystano do analiz liczyła kilka tysięcy, a uzyskane dla nich średnie wartości współczynnika PIC świadczyły o wysokiej (silicoDART, PIC = 0,375) bądź średniej (SNP, PIC = 0,380) zdolności do wykrywania polimorfizmu wśród osobników badanej populacji [Serrote i in. 2020].

Ocena heterozygotyczności badanych materiałów wykazała duże różnice pomiędzy obserwowaną ($H_o = 0,122$) a oczekiwaną ($H_e = 0,388$) częstością występowania heterozygot. Mogło to wynikać zarówno z niewielkiej liczebności badanej populacji pszenic, jak i ściśle ukierunkowanej selekcji na określone cechy [Akhunov i in. 2010, Tyrka i in. 2021]. Niskie wartości heterozygotyczności obserwowanej są charakterystyczne dla gatunków samopylnych, do których należy pszenica. Podobne wyniki ($H_o = 0,110$) otrzymał Tyrka i in. [2021], badając 277 ozimych odmian pszenicy zarejestrowanych w Niemczech, Polsce i Wielkiej Brytanii oraz 232 zaawansowanych linii hodowlanych. Jeszcze niższy poziom heterozygotyczności (0,074) uzyskał Hussain i in. [2022], badając zróżnicowanie genetyczne 184 odmian pszenicy jarej pochodzących z Pakistanu. Wartości H_e i uH_e wynikające z częstości występowania alleli silicoDART w badanej populacji pszenicy wynosiły odpowiednio 0,270 oraz 0,274, co lokowało je na niskim poziomie w stosunku do średnich wartości uzyskanych dla materiałów pochodzących z Chorwacji, Belgii i Australii (0,360–0,411) [Novoselovic i in. 2016, El-Esawi i in. 2018].

Otrzymane w wyniku analizy skupień grupy w znacznym stopniu pokrywały się z wynikami otrzymanymi metodą grupowania Bayesowskiego. Przynależność poszczególnych linii do genetycznie odrębnych grup miała związek z ich pochodzeniem. Dziesięć linii, które w swoim pochodzeniu mają odmianę Tybalt (grupa G2) było wyraźnie oddzielonych od pozostałych bez względu na zastosowany system markerowy. Ponadto po zastosowaniu markerów silicoDART z grupy G2 wydzielili się grupa G4, której obiekty w pochodzeniu posiadały również komponent ozimy. W grupie G1 znalazły się linie będące wynikiem krzyżowania odmian zagranicznych (jarych i ozimych). Po zastosowaniu markerów silicoDART z grupy tej wydzielili się G5 i G6. Pierwsza skupiała genotypy posiadające w pochodzeniu odmianę ościstą zagraniczną, a druga odmianę KWS Westfield. Grupa G3 połączyła ze sobą w osobnym skupieniu genotypy, które w pochodzeniu mają odmianę Harenda. Nieliczne obserwowane niezgodności w klasyfikacji niektórych linii (STH_4, STH_6, STH_8) do poszczególnych genetycznie odrębnych grupy mogły wynikać z różnych parametrów, które biorą pod uwagę użyte metody statystyczne [Pritchard i in. 2000, Mańkowski i in. 2011] oraz z zastosowania dwóch niezależnych systemów markerowych [Bolibok i in. 2005, Stojalowski 2007]. Wartości Q analizy Bayesa w okolicach 0,5 odnotowane dla tych linii wskazywały na wymianę materiału genetycznego w obrębie badanej populacji, co znalazło potwierdzenie w ich rodowodzie. Przykładowo linia STH_6 jest

krzyżówką złożoną, zawierającą odmianę Tybalt i Harenda stąd jej możliwa przynależność zarówno do G2, jak i G3. Takie niejednoznaczne przypisanie poszczególnych obiektów do poszczególnych grup na skutek intensywnej wymiany materiału genetycznego w trakcie realizacji programów hodowlanych jest często spotykane w podobnych pracach [Sansaloni i in. 2020, Hussain i in. 2022, Tang i in. 2023].

Wysokie parametry dystansu genetycznego pomiędzy wyodrębnionymi grupami mogą być wskazówką dla Hodowli co do wyboru materiałów do dalszych krzyżowań [Tomkowiak i in. 2020], podobnie jak dane z oceny różnorodności fenotypowej posiadanej kolekcji. Wśród 38 linii jarych pszenicy największą zmienność fenotypową obserwowano dla plonu ziarna z poletka ($CV = 18,0\%$) oraz terminu kłoszenia ($CV = 17,5\%$). Podobne badania prowadzone przez Studnickiego i in. [2009] dla 149 obiektów z kolekcji roboczej pszenicy jarej wykazały o połowę niższy współczynnik zmienności w odniesieniu do plonu oraz zawartości skrobi w ziarnie w porównaniu z liniami pochodzącymi z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR, a także trzykrotnie niższy współczynnik zmienności dla terminu kłoszenia. Dla tej ostatniej cechy przytaczana różnica może wynikać z rozbieżności w przyjętym terminie rozpoczęcia oceny oraz obserwowanym przez Studnickiego i in. [2009] wyższym zakresie zmienności cechy. W badaniach własnych obserwowano również bardzo typową odwrotnie proporcjonalną zależność wielkości plonu i masy tysiąca ziaren [Beral i in. 2022]. Według Beral i in. [2022] zależność ta wynika przede wszystkim ze wzrostu udziału kłosów wtórnych lub ziaren znajdujących się w dystalnych miejscach każdego kłosa w genotypach charakteryzujących się wysokim plonem. Kolejną bardzo istotną cechą w hodowli nowych odmian pszenicy jest skład chemiczny ziarna. Białko stanowi podstawowe kryterium oceny wartości wypiekowej ziarna pszenicy, a jego zawartość kształtuje się na poziomie $70\text{--}170\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ i jest zależna od czynników pogodowych i agrotechnicznych [Geyer i in. 2022]. Taka negatywna zależność stanowi jedną z głównych przeszkód w produkcji pszenicy wypiekowej i jest dobrze udokumentowana w literaturze [Oury i Godin 2007, Geyer i in. 2022].

Podobieństwo roślin pod względem fenotypowym zwykle tylko w niewielkim stopniu jest skorelowane z podobieństwem genotypowym [Vinu i in. 2013]. Jest to spowodowane przede wszystkim obecnością różnych genów, które mogą mieć wpływ na podobną ekspresję fenotypową, a także lokalizacją markerów DNA głównie w regionach niekodujących genomu. Zastosowanie w badaniach technologii DArTseq pozwala na wygenerowanie markerów, które w ok. 30% (silicoDArT) i ponad 70% (SNP) lokalizują się w rejonach kodujących genomu [Szőke-Pázsik i in. 2024]. Taka lokalizacja, szczególnie markerów SNP, mogła spowodować uwidocznienie korelacji wyników uzyskanych dla niektórych cech fenotypowych z wynikami genotypowania.

WNIOSKI

1. Podział genotypów uzyskany z wykorzystaniem markerów silicoDArT bardziej szczegółowo charakteryzował badany materiał niż ten uzyskany z wykorzystaniem markerów SNP, pozwalając wychwycić subtelne różnice związane z jego pochodzeniem.

2. Wyniki analizy Bayesa wraz z oceną dystansu genetycznego pomiędzy uzyskanymi genetycznie odrębnymi grupami pszenic mogą stanowić cenną wskazówkę podczas wyboru materiałów do dalszych krzyżowań.

3. Badane linie hodowlane jarej pszenicy zwyczajnej odznaczały się dużą zmiennością fenotypową obiektów dla rozpatrywanych cech użytkowych szczególnie pod względem uzyskanego plonu ziarna oraz terminu kłoszenia.

4. Zastosowanie do badań technologii DArTseq generującej markery zlokalizowane w rejonach kodujących genomu pozwoliło na uzyskanie korelacji wyników fenotypowania związanych z plonowaniem oraz wczesnością pszenicy z wynikami grupowania materiału uzyskanymi za pomocą metody Bayesa.

PIŚMIENNICTWO

- Akhunov E.D., Akhunova A.R., Anderson O.D., Anderson J.A., Blake N., Clegg M.T., Coleman-Derr D., Conley E.J., Crossman C.C., Deal K.R., Dubcovsky J., Gill B.S., Gu Y.Q., Hadam J., Heo H., Huo N., Lazo G.R., Luo M.-C., Ma Y.Q., Matthews D.E., McGuire P.E., Morrell P.L., Qualset C.O., Renfro J., Tabanao D., Talbert L.E., Tian C., Toleno D.M., Warburton M.L., You F.M., Zhang W., Dvorak J., 2010. Nucleotide diversity maps reveal variation in diversity among wheat genomes and chromosomes. *BMC Genomics* 14(11), 702. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-702>
- Beral A., Girousse C., Le Gouis J., Allard V., Slafer G.A., 2022. Physiological bases of cultivar differences in average grain weight in wheat: Scaling down from plot to individual grain in elite material. *Field Crops Res.* 289, 108713. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108713>
- Biel W., Maciorowski R., 2012. Ocena wartości odżywczej ziarna wybranych odmian pszenicy. *Żywn. Nauka Technol. Jakość* 2(81), 45–55.
- Bolibok H., Rakoczy-Trojanowska M., Hromada A., Pietrzykowaski R., 2005. Efficiency of different PCR-based marker systems in assessing genetic diversity among winter rye (*Secale cereale* L.) inbred lines. *Euphytica* 146, 109–116. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-0548-0>
- Booy G., Hendriks R.J.J., Smulders M.J.M., Groenendaal J.M., Vosman B., 2000. Genetic diversity and the survival of populations. *Plant Biol.* 2(4), 379–395. <https://doi.org/10.1055/s-2000-5958>
- Brown W.L., 1983. Genetic diversity and genetic vulnerability-An appraisal. *Econ. Bot.* 37(4), 12. <https://doi.org/10.1007/BF02859301>
- El-Esawi M.A., Witczak J., Abomohra A.E.-F., Ali H.M., Elshikh M.S., Ahmad M., 2018. Analysis of the genetic diversity and population structure of Austrian and Belgian wheat germplasm within a regional context based on DArT markers. *Genes* 9(1), 47. <https://doi.org/10.3390/genes9010047>
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol.* 14, 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Georges A., 2022. TechNote: distance and visualization in population genetics. http://georges.biomatix.org/storage/app/media/uploaded-files/TECHNICAL_NOTE_Genetic_Distance_27-Feb-22.pdf [dostęp: 08.05.2025 r.].
- Geyer M., Mohler V., Hartl L., 2022. Genetics of the inverse relationship between grain yield and grain protein content in common wheat. *Plants* 11(16), 2146. <https://doi.org/10.3390/plants11162146>
- GUS, 2024. Wynikowy szacunek głównych ziemioplodów rolnych i ogrodniczych w 2024 r. <https://stat.gov.pl/obszary-tematyczne/rolnictwo-lesnictwo/uprawy-rolne-i-ogrodnicze/wynikowy-szacunek-glownych-ziemioplodow-rolnych-i-ogrodniczych-w-2024-roku,5,23.html>

- Hussain S., Habib M., Ahmed Z., Sadia B., Bernardo A., Amand P., Bai G., Ghori N., Khan A.I., Awan F.S., Maqbool R., 2022. Genotyping-by sequencing based molecular genetic diversity of Pakistani bread wheat (*Triticum aestivum* L.) accessions. *Front. Genet.* 13, 772517 <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.772517>
- Jędzura S., Bocianowski J., Matysik P., 2023. The AMMI model application to analyze the genotype-environmental interaction of spring wheat grain yield for the breeding program purposes. *Cereal Res. Commun.* 51, 197–205. <https://doi.org/10.1007/s42976-022-00296-9>
- Kirk H., Freeland J.R., 2011. Applications and implications of neutral versus non-neutral markers in molecular ecology. *Int. J. Mol. Sci.* 12, 3966–3988. <https://doi.org/10.3390/ijms12063966>
- Kopelman N.M., Mayzel J., Jakobsson M., Rosenberg N.A., Mayrose I., 2015. CLUMPAK: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Mol. Ecol. Resour.* 15(5), 1179–1191. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12387>
- Mańkowski D., Laudański Z., Janaszek Z., 2011. Przydatność wybranych miar podobieństwa dla danych binarnych do analiz wielocechowych w badaniach molekularnych. *Biul. IHAR* 262, 155–173. <https://orcid.org/0000-0002-7499-8016>
- Mazurek J., Sułek A., 2000. Plon i cechy struktury plonu odmian i rodów pszenicy jarej w zależności od terminu siewu. *Biul. IHAR* 214, 79–83.
- Mourad A.M.I., Belamkar V., Baenziger P.S., 2020. Molecular genetic analysis of spring wheat core collection using genetic diversity, population structure, and linkage disequilibrium. *BMC Genomics* 21, 434. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06835-0>
- Nei M., Li W.-H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 76, 5269–5273.
- Novoselovic D., Bentley A.R., Šimek R., Dvojkovic K., Sorrells M.E., Gosman N., Horsnell R., Drezner G., Šatovic Z., 2016. Characterizing Croatian wheat germplasm diversity and structure in a European context by DArT markers. *Front. Plant Sci.* 7, 184. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00184>
- Oury F.X., Godin C., 2007. Yield and grain protein concentration in bread wheat: How to use the negative relationship between the two characters to identify favourable genotypes?. *Euphytica* 157, 45–57. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9395-5>
- Peakall R., Smouse P., 2012. Appendix 1 – Methods and statistics in GenALEx 6.1. <https://1library.co/document/9yn73vjz-appendix-methods-statistics-genalex-rod-peakall-peter-smouse.html> [dostęp: 8.05.2025 r.].
- Poland J.A., Rife T.W., 2012. Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics. *Plant Genome* 5, 92–102. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2012.05.0005>
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Genetics* 155, 574–578. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>
- Raza A., Razzaq A., Mehmood S.S., Zou X., Zhang X., Lv Y., Xu J., 2019. Impact of climate change on crops adaptation and strategies to tackle its outcome: A review. *Plants* 8(2), 34. <https://doi.org/10.3390/plants8020034>
- Roldan-Ruiz I., Dendauw J., Van Bockstaele E., Depicker A., De Loose M., 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Mol. Breed.* 6, 125–134. <https://doi.org/10.1023/A:1009680614564>
- Rudnicki F., Jaskulski D., Dębowski G., 1999. Reakcje odmian pszenicy jarej na termin siewu i nawożenie azotem w warunkach posusznych. *Rocz. Nauk Roln. Ser. A* 114, 3–4, 97–107.
- Sansaloni C., Franco J., Santos B., Percival-Alwyn L., Singh S., Petroli C., Campos J., Dreher K., Payne T., Marshall D., Kilian B., Milne I., Raubach S., Shaw P., Stephen G., Carling J., Saint Pierre C., Burgueño J., Crosa J., Li H., Guzman C., Kehel Z., Amri A., Kilian A., Wenzl P.,

- Uauy C., Banziger M., Caccamo M., Pixley K., 2020. Diversity analysis of 80,000 wheat accessions reveals consequences and opportunities of selection footprints. *Nat Commun.* 11, 4572. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18404-w>
- Sansaloni C., Petroli C., Jaccoud D., Carling J., Detering F., Grattapaglia D., Kilian A., 2011. Diversity Arrays Technology (DArT) and next-generation sequencing combined: genome-wide, high throughput, highly informative genotyping for molecular breeding of Eucalyptus. *BMC Proc.* 5(Suppl 7), P54. <https://doi.org/10.1186/1753-6561-5-S7-P54>
- Serrote CML, Reiniger LRS, Silva KB, Rabaiolli SMD, Stefanel CM., 2020. Determining the polymorphism information content of a molecular marker. *Gene* 5, 726, 144175. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.144175>
- Sokal R.R., Jacquez G.M., Wooten M.C., 1989. Spatial autocorrelation analysis of migration and selection. *Genetics* 121(4), 845–855. <https://doi.org/10.1093/genetics/121.4.845>
- Soleimani B., Lehnert H., Keilwagen J., Plieske J., Ordon F., Naseri Rad S., Ganai M., Beier S., Perovic D., 2020. Comparison between core set selection methods using different illumina marker platforms: a case study of assessment of diversity in wheat. *Front. Plant Sci.* 11, 1040. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01040>
- Stojałowski S., 2007. Polimorfizm markerów STS i SSR w obrębie linii wsobnych żyta. *Biul. IHAR* 244, 161–172. <https://doi.org/10.37317/biul-2007-0054>
- Studnicki M., Mądry W., Śmiałowski T., 2009. Wielocechowa analiza różnorodności fenotypowej w kolekcji roboczej pszenicy jarej. *Biul. IHAR* 252, 91–104. <https://doi.org/10.37317/biul-2009-0059>
- Sulek A., 2004. Określenie reakcji nowych rodów i odmian pszenicy jarej na wybrane czynniki agrotechniczne. *Biul. IHAR* 231, 139–145.
- Swarup S., Cargill E.J., Crosby K., Flagel L., Kniskern J., Glenn K.C., 2020. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Sci.* 61, 839–852. <https://doi.org/10.1002/csc2.20377>
- Szőke-Pácsi K., Kruppa K., Tulpová Z., Kalapos B., Türkösi E., Gaál E., Darkó E., Said M., Farkas A., Kovács P., Ivanizs L., Doležel J., Rabanus-Wallace M.T., Molnár I., Szakács E., 2024. DArTseq genotyping facilitates the transfer of “exotic” chromatin from a *Secale cereale* × *S. strictum* hybrid into wheat. *Front. Plant Sci.* 15, 1407840. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1407840>
- Tagliotti M.E., Deperi S.I., Bedogni M.C., Zhang R., Carpintero N.M., Coombs J., Douches D., Huarte M.A., 2018. Use of easy measurable phenotypic traits as a complementary approach to evaluate the population structure and diversity in a high heterozygous panel of tetraploid clones and cultivars. *BMC Genet.* 19, 8. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0556-9>
- Tang S., Wei X., Jiang Y., Brar D., Khush G., 2007. Genetic diversity based on allozyme alleles of Chinese cultivated rice. *Agric. Sci. China* 6, 641–646. [https://doi.org/10.1016/S1671-2927\(07\)60094-7](https://doi.org/10.1016/S1671-2927(07)60094-7)
- Tang W., Dong Z., Gao L., Wang X., Li T., Sun C., Chu Z., Cui D., 2023. Genetic diversity and population structure of modern wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars in Henan Province of China based on SNP markers. *BMC Plant Biol.* 23, 542. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04537-9>
- TIBCO Software Inc., 2017. Statistica (data analysis software system), version 13. <http://statistica.io>
- Tomkowiak A., Bocianowski J., Kwiatek M., Kowalczewski P.Ł., 2020. Dependence of the heterosis effect on genetic distance, determined using various molecular markers. *Open Life Sci.* 28(15), 1–11. <https://doi.org/10.1515/biol-2020-0001>
- Tomkowiak A., Bocianowski J., Radzikowska D., Kowalczewski P.Ł., 2019. Selection of parental material to maximize heterosis using SNP and SilicoDarT markers in maize. *Plants* 14, 8(9), 349. <https://doi.org/10.3390/plants8090349>
- Tyrka M., Mokrzycka M., Bakera B., Tyrka D., Szeliga M., Stojałowski S., Matysik P., Rokicki M., Rakoczy-Trojanowska M., Krajewski P., 2021. Evaluation of genetic structure in European wheat cultivars and advanced breeding lines using high-density genotyping-by-sequencing approach. *BMC Genomics* 22(1), 81. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07351-x>

- Vinu V., Singh N., Vasudev S., Yadava D.K., Kumar S., Naresh S., Bhat S.R., Prabhu K.V., 2013. Assessment of genetic diversity in *Brassica juncea* (Brassicaceae) genotypes using phenotypic differences and SSR markers. *Rev. Biol. Trop.* 61(4), 1919–1934.
- Wenda-Piesik A., Knapowski T., Ropińska P., Kazek M., 2017. Jakość ziarna jarych odmian pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L. EMEND. FIORI ET PAOL.) wysiewanych późną jesienią i wiosną. *Acta Agroph.* 24(4), 613–624.
- Woźniak A., 2006. Plonowanie i jakość ziarna pszenicy jarej zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) i twardej (*Triticum durum* Desf.) w zależności od poziomu agrotechniki. *Acta Agroph.* 8(3), 755–763.

Źródło finansowania: Badania przeprowadzono w ramach projektu: „Uzyskanie nowej generacji polskich odmian rzepaku, zbóż oraz bobowatych odpornych na nowe rasy agrofagów, o lepszych zdolnościach mitygacji i adaptacji do zmian klimatu, o odpowiednich cechach technologicznych wymaganych przez konsumentów i przemysł”; Wsparcie prac przemysłowych – jakość ziarna zbóż. Numer Projektu: POIR. 01.01.01-00-0782/16-00.

Abstract. Genetic diversity and phenotypic variability of 38 spring wheat lines from Plant Breeding Strzelce Sp. z o.o., IHAR Group was evaluated in this paper. The highest genetic distance based on the polymorphism of SNP markers was observed between the STH_12 and STH_37 breeding lines (0.579) and for silicoDArT markers between the STH_1 and STH_33 breeding lines (0.728). Structure analysis using Bayesian clustering method showed the presence of three genetically separate groups ($K = 3$) based on the segregation of SNP alleles and six separate groups ($K = 6$) based on the segregation of silicoDArT alleles. The highest variability coefficient among the analyzed useful traits was demonstrated by grain yield per plot (18.0%) and heading date (17.5%). Analysis of variance (AMOVA) showed significant differences in the mean values of heading date, hectoliter weight and number of grains per spike between the groups to which the studied breeding lines were assigned based on the population structure analysis using both marker types.

Keywords: wheat, genetic diversity, phenotypic assessment

Otrzymano/Received: 20.12.2024

Zaakceptowano/Accepted: 25.03.2025

Opublikowano/Published: 19.05.2025