

## Streszczenie

---

Owies zwyczajny (*Avena sativa* L.) jest zbożem wykorzystywanym w żywieniu człowieka i zwierząt, o udokumentowanych właściwościach prozdrowotnych, mającym duże znaczenie gospodarcze nie tylko w Europie, ale również w Australii, Ameryce Płn. i Azji. Hodowla tego gatunku koncentruje się przede wszystkim na poprawie zdolności plonotwórczych. Zwiększenie efektywności tradycyjnej hodowli można osiągnąć wykorzystując precyzyjne genotypowanie dostarczające wiedzy na temat różnorodności alleli dostępnych w zasobach genetycznych, a w kolejnym etapie selekcję wspomaganą markerami.

Celem rozprawy doktorskiej było zbadanie zróżnicowania oraz struktury genetycznej współczesnych i historycznych polskich odmian i linii hodowlanych owsa zwyczajnego w oparciu o analizę rodowodów oraz ocenę polimorfizmu markerów molekularnych typu ISSR, REMAP oraz SNP. Na podstawie analiz cech agronomicznych mieszańców międzygatunkowych owsa zwyczajnego z owsem głuchym określono również możliwość poszerzenia puli genowej gatunku uprawnego o nowe allele występujące u spokrewnionych form dzikich.

Analiza rodowodowa pozwoliła na identyfikację pięciu głównych przodków polskich odmian owsa oraz wykazała duży udział odmian niemieckich w kształtowaniu puli genetycznej wykorzystywanej w polskiej hodowli tego gatunku. Analiza struktury genetycznej polskich odmian owsa z wykorzystaniem metod ISSR i REMAP potwierdziła małe zróżnicowanie genetyczne współczesnych odmian, a jednocześnie ich odrębność od odmian historycznych postulowaną we wcześniejszych badaniach. Zastosowanie nowoczesnych narzędzi genomicznych umożliwiło szczegółową charakterystykę 487 form owsa, w tym linii hodowlanych pochodzących z trzech firm hodowlanych, współczesnych i historycznych odmian polskich oraz odmian zagranicznych. Przeprowadzone analizy mutacji punktowych typu SNP identyfikowanych metodą DArTseq wykazały, że podczas 120-letniego procesu hodowli owsa w Polsce tylko 67 alleli z historycznej puli genów zostało utraconych, a obecne programy hodowlane wprowadziły do puli genowej owsa 673 nowe allele. Analiza markerów DArTseq wykazała, że ślady ukierunkowanej selekcji są szczególnie widoczne na subgenomach A i D, głównie na chromosomie 6A i w mniejszym stopniu na chromosomie 5D, a jednocześnie zmiany następowały najrzadziej w chromosomach subgenomu C. Z przeprowadzonych badań wynika także, że polska

hodowla owsa oparta głównie na tradycyjnych metodach hodowli i nastawiona na doskonalenie ważnych agronomicznie cech, tj. plonu i jakości ziarna oraz odporności na choroby czy zdolności adaptacyjnych do warunków środowiska, nie zawęziła w istotny sposób puli genowej owsa. Polscy hodowcy stworzyli odmiany, które są nie tylko konkurencyjne na rynku europejskim, ale stanowią także rezerwuuar nowych alleli, których nie ma w analizowanych materiałach zagranicznych.

Z uwagi na to, że wykazano małe zróżnicowanie genetyczne odmian owsa, równolegle prowadzono liczne krzyżowania międzygatunkowe, w wyniku których otrzymywano materiały wyjściowe do hodowli. Jednym z podjętych problemów badawczych było określenie wpływu kierunku krzyżowania z *A. fatua* na fenotyp uzyskiwanych mieszańców. Najważniejszymi wnioskami wypływającymi z oceny cech fenotypowych mieszańców owsa zwyczajnego z owsem głuchym jest brak korelacji pomiędzy osypywaniem, charakterystycznym dla form dzikich, a analizowanymi cechami agronomicznymi oraz brak wpływu kierunku krzyżowania na badane cechy z wyjątkiem długości dokłosa, która w badanych populacjach dziedziczona była po linii matecznej. Na tej podstawie można stwierdzić, że krzyżowanie z *A. fatua* przyczynia się do poszerzenia zmienności genetycznej owsa, ale z uwagi na ogólnie mniejszą użyteczność agronomiczną powstałych mieszańców potencjał hodowlany wykazują tylko niektóre transgresywne segreganty.

Analiza uzyskanych wyników nie tylko umożliwiła ocenę efektów dotychczasowych prac prowadzonych w ramach polskich programów hodowlanych owsa, ale stanowi również cenną wskazówkę do opracowania planów przyszłych działań w tym gatunku.

**Słowa kluczowe:** DArTseq, mieszańce międzygatunkowe, owies zwyczajny, ukierunkowana selekcja, zróżnicowanie genetyczne

## Summary

---

Common oat (*Avena sativa* L.) is a cereal used in human and animal nutrition, with documented health-promoting properties and of great economic importance not only in Europe but also in Australia, North America and Asia. Oat breeding focuses primarily on improving its yield-producing abilities. An increase in traditional breeding efficiency can be achieved by using precise genotyping, which provides knowledge about the diversity of alleles available in genetic resources, followed by marker-assisted selection.

The doctoral dissertation aimed to examine the diversity and genetic structure of contemporary and historical Polish varieties and breeding lines of common oat based on the pedigree analysis and the assessment of ISSR, REMAP and SNP molecular markers polymorphism. Based on the analysis of the agronomic traits of common oat and wild *A. fatua* interspecific hybrids, the possibility of expanding the *A. sativa* gene pool with new alleles occurring in related wild species was also determined.

Pedigree analysis allowed the identification of five main ancestors of Polish oat cultivars and showed a large contribution of German varieties in shaping the gene pool used in Polish oat breeding. The genetic structure analysis of Polish oat varieties using the ISSR and REMAP methods confirmed the low genetic diversity of modern cultivars and, simultaneously, their distinctiveness from historical varieties, which was postulated in previous studies. The use of modern genomic tools enabled a detailed characterization of 487 oat forms, including breeding lines from three breeding companies, contemporary and historical Polish cultivars and foreign varieties. The analyzes of DArTseq identified SNP point mutations demonstrated, that during the 120-year oat breeding process in Poland, only 67 alleles from the historical gene pool were lost, and current breeding companies introduced 673 new alleles to the oat gene pool. The DArTseq markers analysis revealed the particular presence of directed selection traces on the A and D subgenomes, mainly on chromosome 6A and, to a lesser extent, on chromosome 5D, with the least frequent changes in the C subgenome chromosomes. The research also shows that Polish oat breeding, based mainly on traditional breeding methods and focused on improving agronomically important features, i.e. grain yield and quality, disease resistance and adaptability to environmental conditions, has not significantly narrowed the oat gene pool. Polish breeders have created cultivars that are not only competitive on the European market but also constitute a reservoir of new alleles that are not present in the analyzed foreign materials.

Due to the low genetic diversity of oat cultivars, numerous interspecific crosses were carried out in parallel to obtain oat breeding starting materials. One of the research goals was to determine whether crossbreeding with *A. fatua* and the crossing direction affects the phenotype of the obtained hybrids. The assessment of the phenotypic traits of *A. sativa* and *A. fatua* hybrids allowed to conclude the lack of correlation between shattering, typical trait of wild forms, and the remaining agronomic characteristics. Furthermore, no influence of the crossing direction on the hybrid populations examined parameters was found, except for the length of the first internode below the panicle which seemed to be inherited from the maternal form. On this basis, it can be concluded that crossbreeding with *A. fatua* contributes to the oats genetic variability expansion, but due to the generally lower agronomic usefulness of the obtained hybrids, only some transgressive segregants show breeding potential.

The analysis of the obtained results enabled the assessment of Polish oat breeding programs' current work and above all may be a guide to developing long-term strategies beneficial to modern oat breeding.

**Key words:** DARTseq, interspecific hybrids, common oat, targeted selection, genetic diversity