

GENETICKÁ ANALÝZA GENÓMU JAČMEŇA SIATEHO RETROTRANSPOZÓNOVÝM A MIKROSATELITOVÝM MARKÉROM.

Martina Bullová, Noemi Bačová, Katarína Hrubíková, Milan Bežo

Katedra genetiky a šľachtenia rastlín FAPZ SPU, A. Hlinku 2, 949 76 Nitra
email: *martinka.bullova@gmail.com*

V práci sme analyzovali 13 genotypov jačmeňa siateho (*Hordeum vulgare* L.) PCR-IRAP metódou (Inter retrotransposon amplified polymorphism), založenou na zmnožení úsekov DNA medzi retrotranspozónmi a PCR-ISSR metódou (Inter-simple sequence repeat), založenou na zmnožení úsekov DNA medzi mikrosatelitmi. Pomocou mikrosatelitného prajmera Barley 1 bolo namnožených 108 fragmentov a hodnota polymorfizmu bola 60 %. Retrotranspozónovým prajmerom Barley P-01 bolo namnožených 161 fragmentov a hodnota polymorfizmu bola 46,7 %. Genetická príbuznosť analyzovaných genotypov sa zisťovala na základe indexu genetickej vzdialenosti podľa Jacarda a na základe UPGMA bolo zostrojené vetvové členenie (dendrogram). Prajmer Barley P-01 z celej populácie vyčlenil dva genotypy Ezer a Jubilant pričom oba majú slovenský pôvod. Prajmer Barley 1 vyčlenil genotypy do dvoch hlavných zhlukov. Oba prajmery poskytli dostatočné množstvo hodnotiteľných prúžkov, ako aj úroveň polymorfizmu. Metóda ISSR sa v tomto prípade ukázala ako vhodnejšia, keďže genetická vzdialenosť medzi jednotlivými genotypmi je takmer dvojnásobná pri porovnaní s metódou IRAP.