

Streszczenie

Celem badań prowadzonych w ramach rozprawy doktorskiej była analiza dystrybucji ruchomych elementów genetycznych *Stowaway*-like w genomie marchwi. Badania koncentrowały się na możliwości wykorzystania zidentyfikowanych insercji transpozonów typu *DcSto* zlokalizowanych w obrębie intronów do opracowania panelu markerów molekularnych typu ILP. Opracowany zestaw markerów posłużył za narzędzie do analizy struktury zmienności genetycznej marchwi uprawnej typu zachodniego.

Materiałem roślinnym wykorzystanym w badaniach były rośliny reprezentujące odmiany populacyjne marchwi uprawnej (*Daucus carota* subsp. *sativus*) typu wschodniego i zachodniego oraz rośliny reprezentujące populacje dzikie (*Daucus carota* subsp. *carota*) typu wschodniego i zachodniego.

Do detekcji oraz analizy dystrybucji *DcSto* wykorzystano sekwencje konsensusowe elementów reprezentujących 14 rodzin transpozonów. Insercje transpozonów *DcSto* zidentyfikowane w obrębie intronów genomu referencyjnego marchwi spełniające przyjęte kryteria zwalidowano pod kątem możliwości opracowania markerów molekularnych typu ILP. Spośród 209 insercji *DcSto* wybrano 90 (średnio 10 na chromosom) identyfikujących polimorfizmy długości intronu w sposób powtarzalny i opracowano jednolity panel stanowiący nowy rodzaj markerów molekularnych opartych na aktywności transpozycyjnej elementów należących do nadrodziny MITE.

Opracowany panel *DcS*-ILP posłużył do analizy struktury zmienności genetycznej kolekcji 390 roślin reprezentujących 78 odmian populacyjnych marchwi typu zachodniego. Równocześnie przeprowadzono genotypowanie przez sekwencjonowanie na tej samej kolekcji roślin, uzyskując zestaw 2354 markerów identyfikujących polimorfizmy pojedynczego nukleotydu – SNP. Poprzez porównanie wyników genotypowania zweryfikowano hipotezę mówiącą o tym, że ze względu na krótszy okres ewolucyjny aktywności transpozycyjnej struktura genetyczna identyfikowana w oparciu o polimorficzne insercje ruchomych elementów genetycznych nie jest tożsama ze strukturą wynikającą z analizy polimorfizmów pojedynczego nukleotydu.

Summary

The aim of the conducted research was to understand and analyse the distribution of *DcSto* transposable elements in the carrot genome. The research focused on the possibility of developing a panel of ILP molecular markers based on the polymorphism of *DcSto* insertions localised within introns of the carrot genes. The developed panel of markers was then used to evaluate the structure of genetic variability present in the collection of open-pollinated cultivars representing the western carrot gene pool.

Consensus sequences of transposable elements belonging to 14 *DcSto* families were used to identify *DcSto* insertion sites and to analyse their distribution within the 31 resequenced genomes of various origin and status. In total, more than 18,000 *DcSto* insertion sites were detected in the resequenced genomes, 292 of them were recognised as parallel insertion sites able to harbour transposons belonging to at least two different families. Insertions identified within the introns of the carrot reference genome were manually inspected and validated to meet the criteria for the development of intron length polymorphism molecular markers. 90 of 209 candidate *DcSto* insertions (average of 10 per chromosome) yielded expected PCR products. The *DcS*-ILP markers developed in the course of this study are a novel set of publicly available transposon-based markers in the carrot.

The panel of *DcS*-ILP markers was then exploited as a tool for the analysis of the structure of genetic diversity in the collection of 78 open-pollinated cultivars representing the most popular market types of the western gene pool. Subsequently, genotyping-by-sequencing was carried out on the same collection of cultivars resulting in a novel set of SNP markers used for the analysis of genetic diversity. The results obtained for both molecular marker systems were compared, as we assumed that *DcS*-ILPs might be capable of revealing variability which arose more recently as a consequence of the transpositional activity of *DcSto* MITEs.