

## Streszczenie

Susza jest istotnym czynnikiem obniżającym wysokość plonu zbóż, w tym pszenicy. Zmiany metaboliczne zachodzące pod wpływem stresu suszy dotyczą między innymi gospodarki cukrów.

Celem badań była identyfikacja *loci* cech ilościowych (QTL), do których należały wybrane elementy składowe plonu i zawartość cukrów rozpuszczalnych w trzech organach roślin pszenicy takich jak: liść, dokłosisie i kłos, oraz analiza rozmieszczenia wykrytych QTL na chromosomach w warunkach stresu suszy glebowej i optymalnego nawodnienia.

Materiał doświadczeń niniejszej pracy stanowiła populacja mapująca składająca się z 94 linii podwojonych haploidów pszenicy. Mapa genetyczna populacji zawierała 920 markerów molekularnych obejmujących łącznie długość około 4040 cM. Wegetację roślin prowadzono w uprawie wazonowej w otwartym tunelu wegetacyjnym, zabezpieczonym przed opadami deszczu, w latach 2010-2013. Wzrost roślin odbywał się w warunkach zbliżonych do naturalnych przypadających na okres wiosenno-jesienny (V-IX). Ograniczenie nawadniania w celu uzyskania suszy utrzymywano przez okres 4 tygodni dla roślin w stadium krzewienia (lata: 2010, 2011 i 2012) oraz w stadium strzelania w źdźbło (rok 2013). Określono elementy składowe plonu: liczbę i masę ziaren oraz biomasę z rośliny. W ostatnim dniu trwania suszy, w latach 2010-2013, zebrano liście flagowe a w 2011-2013 dodatkowo dokłosisie i kłosy pędów głównych, w celu określenia zawartości cukrów. Analizy QTL prowadzone były przy pomocy programu Windows QTLCartographer metodą analizy regresji liniowej oraz złożonego mapowania przedziałowego.

Dla 19 badanych cech stwierdzono istnienie 77 regionów rozmieszczonych na wszystkich chromosomach *T. aestivum* L. Najważniejsze grupy sprzężeń kształtujące elementy składowe plonu i zawartość cukrów rozpuszczalnych były na chromosomach: 1A, 1B, 1D, 2A, 2B, 2D, 3B, 4A, 5A, 5B, 5D, 6A, 6B, 7A i 7B, wśród których najwięcej QTL wykryto na chromosomach 6B, 7B oraz 5A. Wskazanie regionów genomu pszenicy z występującymi QTL pozwoliło na wytypowanie markerów molekularnych najsilniej sprzężonych z badanymi cechami ilościowymi. Wspólna i powtarzalna lokalizacja elementów składowych plonu i zawartości cukrów rozpuszczalnych świadczy o związku analizowanych cech.