

# Raznolikost tradicijskih kultivara graha u Republici Hrvatskoj

K. Carović-Stanko, M. Vidak, M. Grdiša, A. Barešić,  
M. Herak Ćustić, B. Lazarević, T. Karažija, I. Palčić, I.  
Radosavljević, Z. Liber, Z. Šatović, J. Gunjača

9. međunarodni kongres OPLEMENJIVANJE BILJA, SJEMENARSTVO I RASADNIČARSTVO

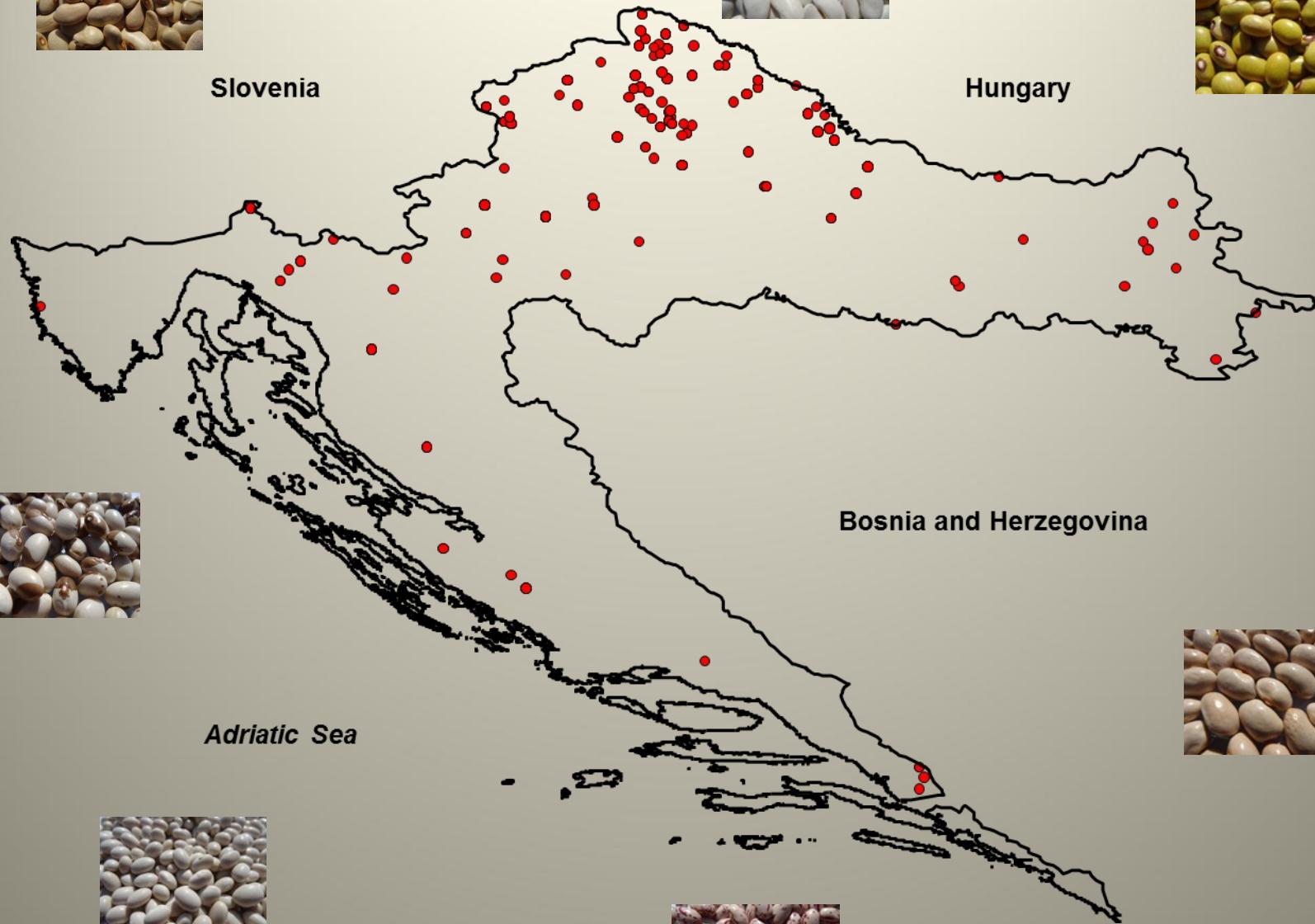
Sveti Martin na Muri, 09.-11. studeni 2016.



Slovenia



Hungary

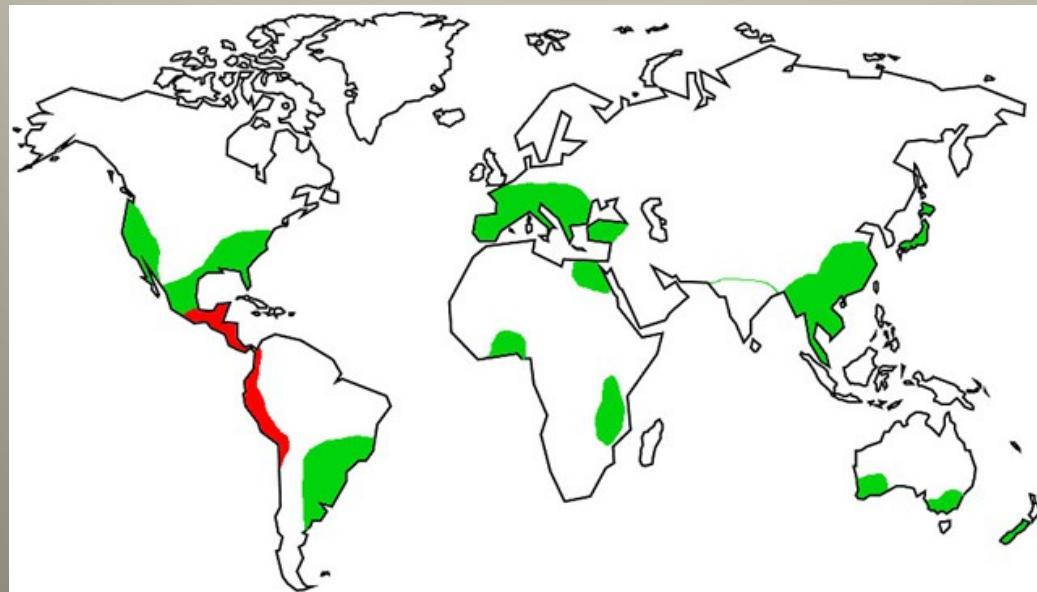


Adriatic Sea



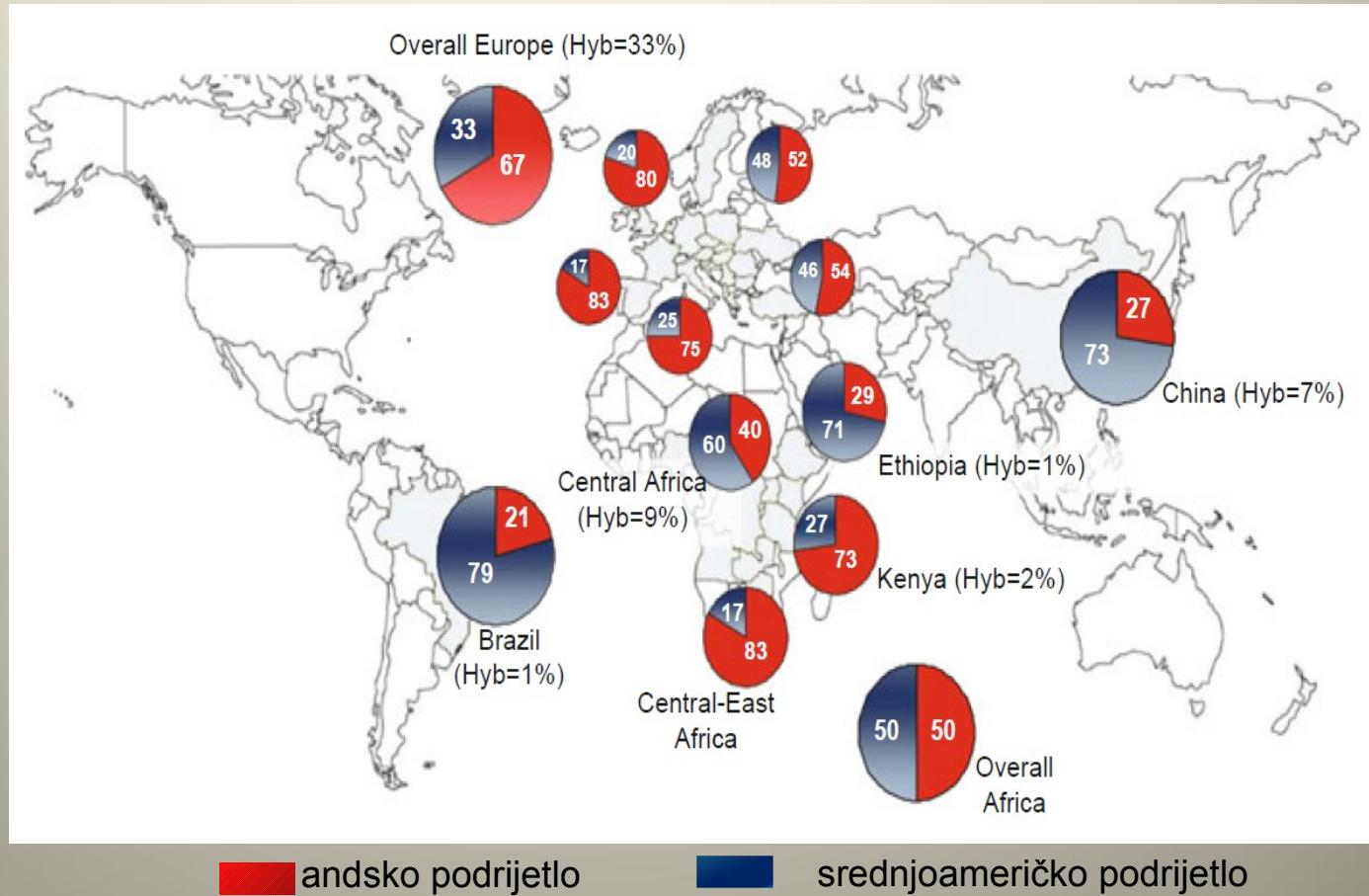
# Podrijetlo

- dva međusobno neovisna centra podrijetla:
  - srednjoamerički
    - od sjevernog Meksika do Kolumbije
  - andski
    - od južnog Perua do sjeverozapadne Argentine



- centri podrijetla
- širenje

# Fazeolin tip



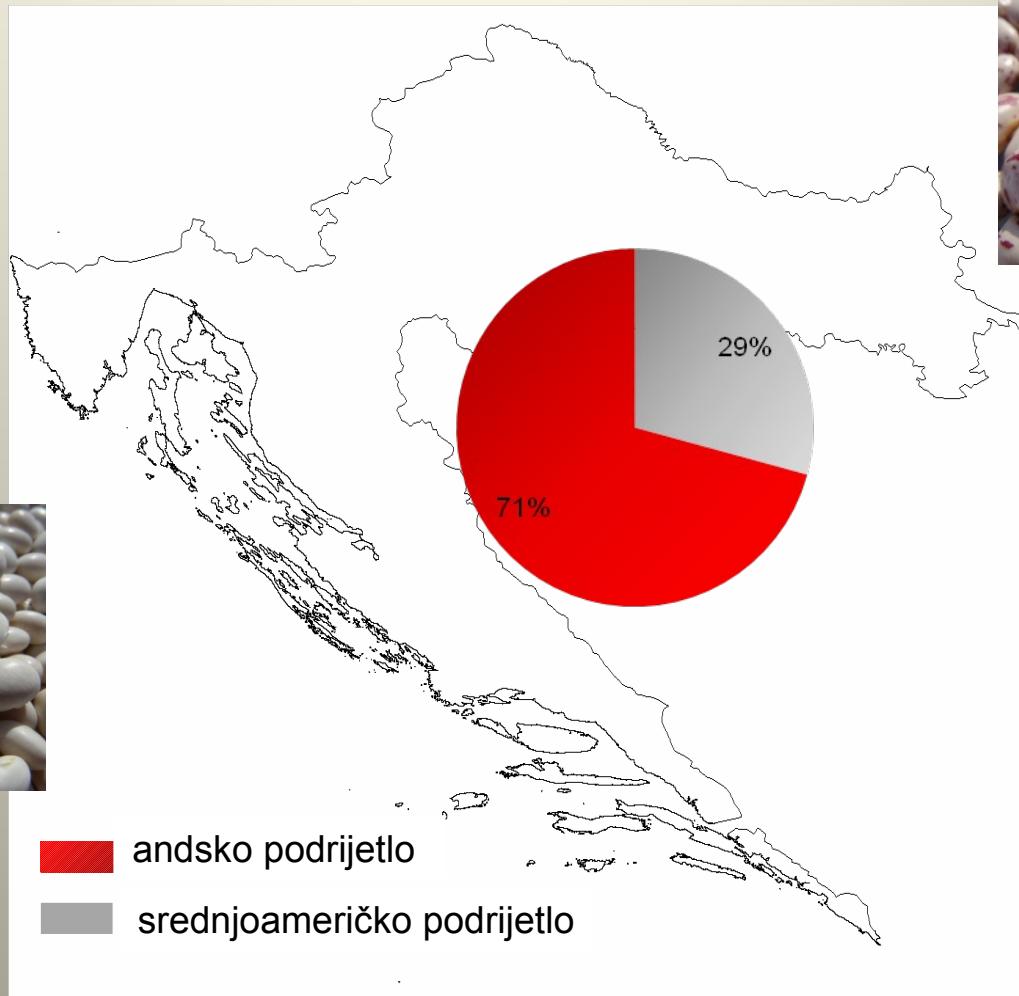
prema Bellucci i sur. 2014

- PCR amplifikacija sekvenci fazeolina - početnice razvili Kami i sur. (1995)

# Podrijetlo hrvatskih tradicijskih kultivara graha



Biser

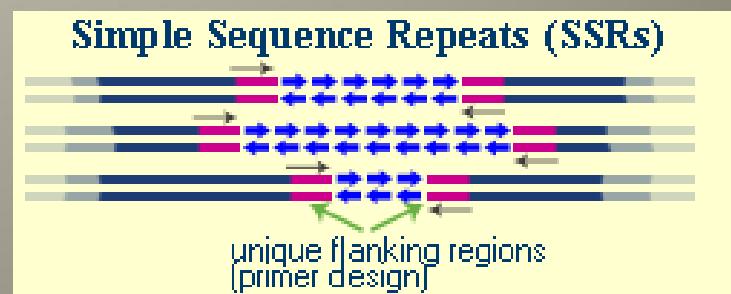


Trešnjevac

- 53 primke (28.96%) pripadaju fazeolin tipu I (srednjoamerički; "S"), 42 (22.95%) fazeolin tipu II (andski; "H" ili "C") a 88 (48.09%) fazeolin tipu III (andski; "T")

# Analiza pomoću mikrosatelitnih biljega

- 50 mikrosatelitnih biljega
  - izabrani iz literature
  - mikrosatelitne regije umnožene su lančanom reakcijom polimerazom u uređaju GeneAmp PCR System 9700
  - mikrosatelitni aleli određeni su pomoću programa GeneMapper® 4.0 te je procijenjena raznolikost mikrosatelitnih biljega
  - od 50 lokusa informativno je njih 26, dok su ostali bili monomorfni ili nisu umnoženi u svim uzorcima



# Statistička analiza

- analiza genetske raznolikosti
- analiza srodstvenih odnosa između primki, te izrada filogenetskog stabla metodom po Fitchu i Margoliashu pomoću programa PHYLIP (Felsenstein, 2004)
- analiza molekularne varijance (AMOVA) između utvrđenih genskih skupova i tipova fazeolina
- analiza strukture populacija primjenom Bayesovskog pristupa implementiranog u programu STRUCTURE

Tablica 1. Genetska raznolikost primki hrvatskih tradicijskih kultivara graha obzirom na podrijetlo pomoću 26 mikrosatelitnih biljega

Fazeolin tip	N	S	T	Na	Nar	Npr	$H_E$
I	53	9	44	3,962	3,926	16	0,342
II	42	5	37	3,769	3,769	11	0,413
III	88	82	6	3,308	3,095	13	0,286
Ukupno	183						

**N**-broj primki; **S**-determinirani tip rasta; **T**-nedeterminirani tip rasta; **Na** - ukupan broj alela; **Nar** - alelno bogatstvo; **Npr** - broj jedinstvenih alela;  **$H_E$**  - očekivana heterozigotnost (genetska raznolikost)

\* Iz analize su izbačene primke koje ne pripadaju u 7 određenih morfotipova i duplikati

# Analiza molekularne varijance (AMOVA)

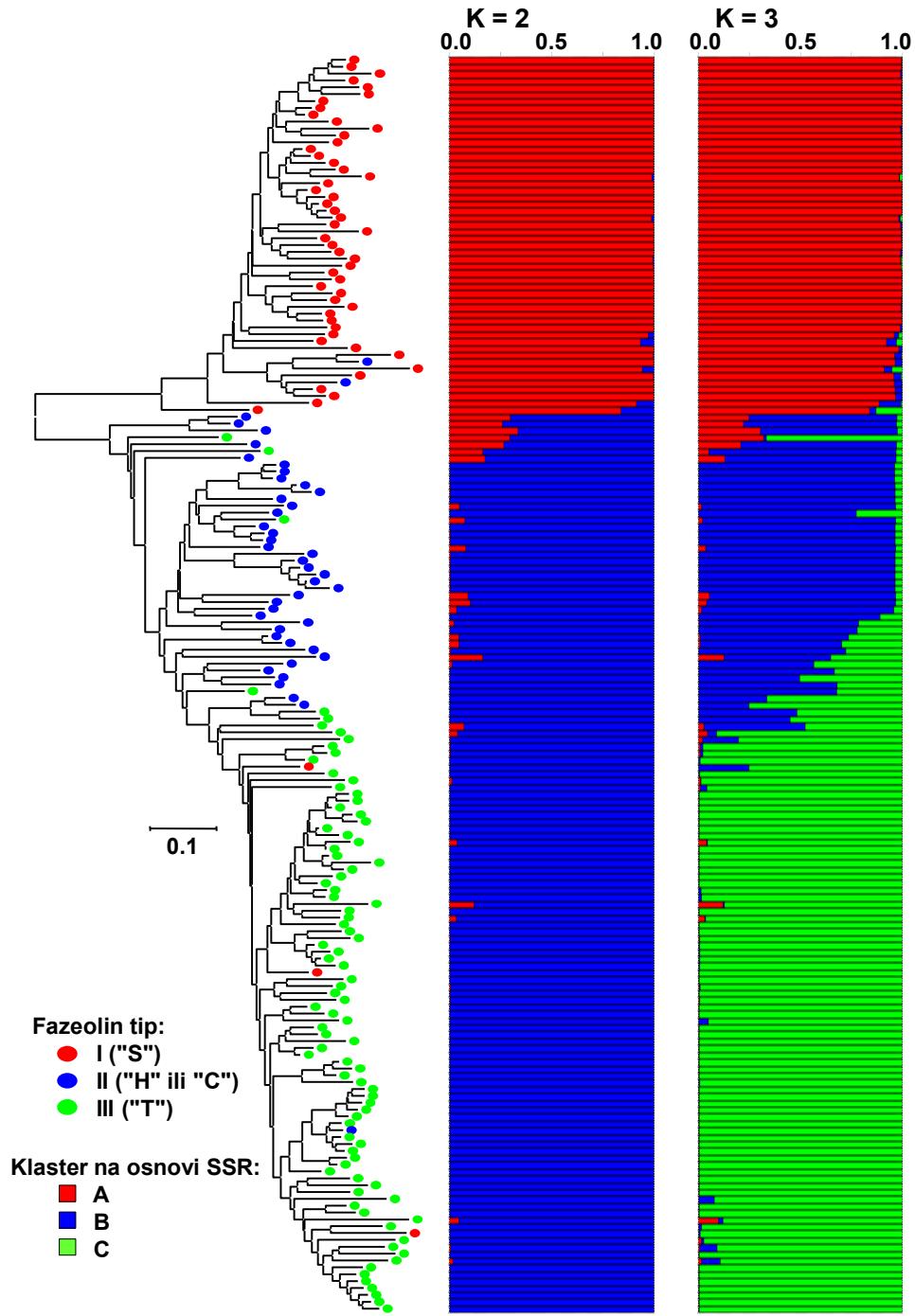
Izvor varijabilnosti	% ukupne molekularne varijance
Između fazeolinskih tipova	53,69
Unutar fazeolinskih tipova	46,31

# Fitch-Margoliash stablo i STRUCTURE analiza

16 primki - hibridno podrijetlo

13 primki – nepodudarnost između fazeolin tipa i klastera

4 primke – i hibridno podrijetlo i nepodudarnost



# ZAKLJUČCI

- > 70% primki unutar kolekcije iz andskog je centra podrijetla
- klasifikacija primki prema tipu fazeolina za većinu primki je u skladu s rezultatima analize strukture populacija temeljene na analizama mikrosatelitnih biljega
- 25 primki može se smatrati hibridima
- Hrvatska se može smatrati sekundarnim centrom raznolikosti za grah
- dobar materijal za buduće oplemenjivačke programe



# Hvala na pozornosti!