

Streszczenie sprawozdania za 2012 rok
z realizacji zadań w ramach tematu badawczego **pt. „Wykorzystanie dzikich gatunków z rodzaju
Avena do poszerzenia zmienności genetycznej owsa zwyczajnego”** objętego dotacją
Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi

Kierownik tematu: dr hab. Maria Chrząstek prof. nadzw. UP
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin,
e-mail: maria.chrzastek@up.lublin.pl

Małe zróżnicowanie genetyczne odmian uprawnych owsa skłania do poszukiwania i wytwarzania nowych źródeł zmienności. Potencjalnym źródłem pożądaných genów są odległe taksonomicznie gatunki dzikie z rodzaju *Avena*. Założeniem realizowanego tematu jest transfer korzystnych genów drogą krzyżowań międzygatunkowych. Wymaga to pokonania silnych barier izolacyjnych pomiędzy gatunkami uprawnymi i dzikimi powodowanymi głównie różnym poziomem ploidalności oraz brakiem homologii genomów.

W bieżącym roku do programu krzyżowań włączono 49 odmian uprawnych *A. sativa* L., 25 linii hodowlanych przekazanych przez Hodowców, 42 ekotypy dzikich gatunków heksaploidalnych *Avena sterilis* L. i *Avena fatua* L. o konstrukcji genomowej AACCCD oraz 35 tetraploidów o składzie genomowym AACCC (*Avena maroccana* Gdgr. i *Avena murphyi* Ladiz.).

Wszystkie formy przeznaczone do krzyżowań międzygatunkowych i wstecznych a także materiały do oceny polowej i laboratoryjnej zostały wysiane w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach k/Lublina. W sezonie wegetacyjnym wykonano niezbędne zabiegi pielęgnacyjne i ochronne oraz przeprowadzono obserwacje polowe. W odpowiednim stadium rozwojowym roślin pobrano materiał do analiz cytologicznych i molekularnych.

Łącznie w sezonie wegetacyjnym wykonano 381 kombinacji krzyżowań. Warunki pogodowe nie sprzyjały zawiązywaniu ziarniaków mieszańcowych. Wysokie temperatury źle wpływały na kondycję roślin macecznych oraz powodowały szybkie wysychanie pyłku przenoszonego z komponentów ojcowskich. W sumie wykastrowano i zapylono 23732 kwiaty form macecznych. Ogólna efektywność krzyżowań wyniosła 7,02%. W przypadku krzyżowania komponentów o różnym poziomie ploidalności efektywność nie przekraczała 1%. Uzyskano łącznie 1665 ziarniaków mieszańcowych. W wyniku krzyżowania materiałów przekazanych przez ośrodki hodowlane Danko, Strzelce i MHR Polanowice uzyskano odpowiednio: 550, 548 i 170 ziarniaków mieszańcowych. Krzyżowania wsteczne mieszańców F₁ dały 382 ziarniaki mieszańcowe. Nieliczne ziarniaki uzyskano z pozostałych kombinacji krzyżowań.

Dla potwierdzenia mieszańcowego charakteru potomstwa uzyskanego z niektórych kombinacji krzyżowań *A. sativa* z ekotypami gatunków *A. sterilis* i *A. fatua*, oraz określenia ich podobieństwa genetycznego zastosowano metodę RAPD. Wśród produktów reakcji PCR poszukiwano takich, które ulegały amplifikacji zarówno u formy ojcowskiej, jaki i u mieszańca, natomiast nie były obecne u form macecznych.

Jednym z ważnych czynników determinujących możliwość wykorzystania mieszańców w hodowli twórczej jest ich mała stabilność cytogenetyczna. Zachowanie się chromosomów w kolejnych stadiach mejozy wpływa na żywotność gamet i ich zdolność do zapłodnienia. W bieżącym roku analizowano przebieg mejozy i żywotność pyłku w wybranych kombinacjach mieszańców *A. sativa* × *A. fatua* i *A. sativa* × *A. sterilis* oraz gatunkach rodzicielskich. Analizowane genotypy były zróżnicowane pod względem stabilności cytogenetycznej przy czym poziom zaburzeń nie eliminował żadnego z nich jako materiału wyjściowego do hodowli twórczej owsa.

Wybrane kombinacje mieszańców międzygatunkowych F₂ *A. sativa* L. × *A. sterilis* L. i *A. sativa* L. × *A. fatua* L. były testowane pod względem ważniejszych cech plonotwórczych. Obserwowano duże zróżnicowanie pod względem wczesności, wysokości roślin, płodności kłoska oraz masy tysiąca ziarniaków. Na uwagę zasługują mieszańce, u których stwierdzono wysoką zawartość białka w ziarniakach sięgającą 17,71% oraz tłuszczu surowego do 10,37%.

Uzyskane w bieżącym roku formy mieszańcowe zostaną przekazane ośrodkom hodowlanym, a niektóre genotypy będą poddane badaniom laboratoryjnym.