

Streszczenie sprawozdania za 2013 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 Chrzastek prof. nadzw. UP  
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,  
Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin,  
e-mail: [maria.chrzastek@up.lublin.pl](mailto:maria.chrzastek@up.lublin.pl)

Prace mają na celu poszerzenie puli genowej owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.) poprzez wprowadzenie drogą krzyżowań międzygatunkowych pożądanych genów z pokrewnych gatunków dzikich z rodzaju *Avena*. Gatunki te powszechnie uważane za uciążliwe chwasty, mogą być dawcami genów warunkujących odporność na niekorzystne biotyczne i abiotyczne czynniki środowiska. Stanowią też potencjalne źródło genów do ulepszania cech użytkowych roślin zwłaszcza zwiększenia zawartość tłuszczu i białka w ziarniakach. Efektywność krzyżowań oddalonych ograniczają skutecznie bariery izolacyjne pomiędzy gatunkami uprawnymi i dzikimi, wynikające głównie z odmiennej konstrukcji genomowej.

W 2013 roku do krzyżowań wykorzystano polskie odmiany uprawne *A. sativa* L., linie hodowlane przekazane przez Hodowców, różne ekotypy dzikich gatunków heksaploidalnych ( $2n=6x=42$ ): *Avena sterilis* L. i *Avena fatua* L. o konstrukcji genomowej AACDD oraz tetraploidy ( $2n=4x=28$ ) o składzie genomowym AAC (*Avena maroccana* Gdgr. i *Avena murphyi* Ladiz.).

Wszystkie komponenty przeznaczone do krzyżowań a także do oceny polowej i laboratoryjnej zostały wysiane na wiosnę w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach k/Lublina. W sezonie wegetacyjnym pobrano materiał do analiz cytologicznych i molekularnych, a po uzyskaniu dojrzałości pełnej mieszańców  $F_2$  wybrano pojedynki do oceny ważniejszych cech plonotwórczych.

W odpowiedniej fazie sezonu wegetacyjnego wykonano 456 kombinacji krzyżowań. Wykastrowano i zapyłono 31152 kwiaty form matecznych uzyskując 1652 ziarniaki mieszańcowe. Ogólna efektywność przeprowadzonych krzyżowań wyniosła 5,30%. Krzyżowanie linii hodowlanych przekazanych przez HR Danko, HR Strzelce i MHR skutkowało uzyskaniem odpowiednio 106, 126 i 77 ziarniaków mieszańcowych przy efektywności 1,05%, 3,23% i 1,57%. Dobry wynik uzyskano w wyniku krzyżowania odmian *A. sativa* z różnymi ekotypami *A. sterilis*, gdzie w 10,06% zapyłonych kwiatów zawiązały się ziarniaki mieszańcowe. Uzyskano 88 ziarniaków z krzyżowania odmian z dzikimi gatunkami tetraploidalnymi przy efektywności 2,74%, która była wyższa niż w niektórych latach ubiegłych. Efektywność krzyżowań wstecznych zgodnie z oczekiwaniami była wyższa niż krzyżowań międzygatunkowych i wynosiła dla  $BC_1$  19,01% a dla dalszych pokoleń sięgała 37,42%.

Do identyfikacji wybranych mieszańców *A. sativa* × *A. sterilis* i *A. sativa* × *A. fatua* wykorzystano metody RAPD i ISSR. DNA wyizolowano z kilkudniowych koleoptyli gatunków rodzicielskich i zdrowych liści mieszańców międzygatunkowych. Izolację przeprowadzono zgodnie z metodą Doyle i Doyle (1990) z modyfikacjami. Reakcję RAPD przeprowadzono według zmodyfikowanej metody Williamsa i in. (1990). Do identyfikacji mieszańców wykorzystano 9 starterów RAPD. Reakcję ISSR przeprowadzono według zmodyfikowanej metody Ziętkiewicz i in. (1994) wykorzystując 14 starterów ISSR.

Poziom stabilności cytogenetycznej mieszańców oddalonych decyduje w dużym stopniu o możliwości ich wykorzystania jako materiały wyjściowe w hodowli twórczej. Zakłócenia w koniugacji i segregacji chromosomów prowadzą często do zakłóceń w tworzeniu się tetrad a w konsekwencji obniżają żywotność pyłku. Analizując preparaty rozmazowe we wszystkich formach mieszańcowych i rodzicielskich stwierdzono głównie biwalentną koniugację chromosomów. Sporadycznie obserwowano uniwalenty i multiwalenty a w anafazie I widoczne były chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe. W mitochondriach obecne były także mikrojądra. Poziom zaburzeń u mieszańców szczególnie w  $F_1$  był znacznie wyższy w porównaniu z odmianami matecznymi.

W fazie dojrzałości pełnej oceniano 60 pojedynków z każdej populacji mieszańcowej i rodzicielskiej pod względem niektórych cech plonotwórczych. Genotypy o najlepszych parametrach cech zwłaszcza dużej MTZ, oraz wysokiej zawartości białka ogółem (do 17,22 %) i tłuszczu surowego (do 9,60%) w ziarniakach, charakteryzujące się równocześnie dobrą stabilnością cytogenetyczną, wytypowano do dalszych badań a część z nich zostanie przekazana ośrodkom zajmującym się hodowlą twórczą owsa.