

EDYTA SKRZYPEK¹
MARZENA WARCHOŁ¹
ILONA CZYCYŁO-MYSZA¹
KINGA DZIURKA¹
IZABELA MARCIŃSKA¹
ANGELIKA NOGA¹
KAMILA KAPŁONIAK¹
TOMASZ WARZECHA²
AGNIESZKA SUTKOWSKA²
ZYGMUNT NITA³
KRYSTYNA WERWIŃSKA³
DOMINIKA IDZIAK-HELMCKE⁴
MAGDALENA ROJEK⁴
MARTA HOSIAWA-BARAŃSKA⁴

¹ Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego Polskiej Akademii Nauk, Zakład Biotechnologii, ul. Niezapominajek 21, 30–239 Kraków

² Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, ul. Łobzowska 24, 31–140 Kraków

³ Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o., Grupa IHAR, ul. Główna 20, 99–307 Strzelce

⁴ Uniwersytet Śląski w Katowicach, Katedra Anatomii i Cytologii Roślin, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

e-mail: e.skrzypek@ifr-pan.edu.pl

Charakterystyka linii owsa otrzymanych poprzez krzyżowanie z kukurydzą *

Krzyżowania oddalone gatunków z różnych środowisk genetycznych mogą być przydatnym narzędziem służącym do wytwarzania nowych odmian roślin uprawnych, zwłaszcza w kontekście zmian klimatycznych. W krzyżowaniach między *Panicoideae* i *Pooideae*, w mieszańcach, np. owies × kukurydza lub owies × proso perłowe, chromosomy *Panicoideae* są eliminowane krótko po zapłodnieniu na początku procesu embriogenezy. Czasami może jednak dochodzić do niekompletnego usuwania chromosomów *Panicoideae*. W przypadku krzyżowań zbóż z kukurydzą, eliminacja chromosomów kukurydzy wynika z ich ograniczonej ruchliwości w czasie mitozy

* Badania finansowano z projektu NCBiR nr PBS3/B8/17/2015

(podczas metafazy i anafazy) i niepowodzenia przyczepiania włókien wrzeciona podziałowego do centromerów.

Celem przeprowadzonych badań była identyfikacja i charakterystyka molekularno-cytogenetyczna mieszańców owsa z kukurydzą. Indukcję i regenerację linii podwojonych haploidów (DH) i linii mieszańcowych prowadzono metodą opisaną przez Noga i in. (2016). Łącznie 138 linii owsa uzyskanych przez skrzyżowanie ponad 2 tys. roślin z 80 genotypów z kukurydzą odm. Waza przetestowano pod kątem obecności chromosomów kukurydzy (Skrzypek i in., 2018). Obecność chromatyny kukurydzy wskazano w 66 liniach, dzięki amplifikacji fragmentu retrotranspozonu kukurydzy *Grande-1* (500 bp) metodą PCR. Za pomocą genomowej hybrydyzacji *in situ* (GISH) w 14 liniach wykryto całe chromosomy kukurydzy. Wszystkie analizowane rośliny posiadały pełny zestaw chromosomów owsa. Liczba chromosomów kukurydzy różniła się między liniami. Dwanaście linii posiadało 2 chromosomy kukurydzy o podobnej wielkości, jedna linia — 1 chromosom kukurydzy i jedna linia — 4 chromosomy kukurydzy. Obecność sześciu *loci* 45S rDNA wykryto na chromosomach owsa, ale żaden z dodanych chromosomów kukurydzy w żadnej z linii nie posiadał *locus* 45S rDNA. Cztery z analizowanych linii nie posiadały całych chromosomów kukurydzy, a tylko fragmenty chromatyny kukurydzy wbudowane w chromosomy owsa. Pięć z 66 mieszańców charakteryzowało się trawiastym pokrojem i nie wytwarzało wiech. Dwadzieścia siedem linii było płodnych i zawiązało ziarna w liczbie od 1 — 102/linię (w sumie 613). Sześćdziesiąt trzy płodne linie DH, spośród 72, które nie zawierały chromosomów ani chromatyny kukurydzy, produkowały nasiona w liczbie od 1–343/linię (w sumie 3760).

LITERATURA:

- Noga A., Skrzypek E., Warchoń M., Czyczyło-Mysza I., Dziurka K., Marcińska I., Juzoń K., Warzecha T., Sutkowska A., Nita Z., Werwińska K. 2016. Conversion of oat (*Avena sativa* L.) haploid embryos into plants in relation to embryo developmental stage and regeneration media. *In Vitro Cellular & Developmental Biology Plant*, 52: 590 — 597.
- Skrzypek E., Warzecha T., Noga A., Warchoń M., Czyczyło-Mysza I., Dziurka K., Marcińska I., Kapłoniak K., Sutkowska A., Nita Z., Werwińska K., Idziak-Helmcke D., Rojek M., Hosiawa-Barańska M. 2018. "Complex characterization of oat (*Avena sativa* L.) lines obtained by wide crossing with maize (*Zea mays* L.)". *PeerJ* 6:e5107: 1 — 27.