

## Zadanie 67

### Otrzymanie nowej zmienności genetycznej warzyw kapustowatych przy wykorzystaniu krzyżowań oddalonych w rodzaju *Brassica*

Celem badań prowadzonych w roku 2018 było wytworzenie nowych form mieszańcowych pokolenia BC<sub>1</sub> oraz BC<sub>2</sub> pomiędzy uprawnymi gatunkami oraz genotypami oddalonymi i dzikimi z rodzaju *Brassica oleracea*, *Brassica napus* i *Brassica rapa* w wyniku zastosowania technik *in vitro* izolowanych zarodków oraz krzyżowań klasycznych, ocena nowo wytworzonych mieszańców pod względem cech anatomicznych, morfologicznych, cytologicznych cytogenetycznych oraz pod względem zdolności do rozmnażania generatywnego, a także ocena przydatności nowych form użytkowych jako źródła cennych gospodarczo cech jakościowych oraz odporności.

Dla dwunastu mieszańców międzygatunkowych *B. oleracea* x *B. napus* pokolenia R<sub>1</sub> otrzymanych w latach 2014-2017 i ocenionych pod względem zawartości jądrowego DNA, cech anatomicznych, morfologicznych i cytogenetycznych wykonano 25 krzyżowań wstecznych na około 1041 kwiatach i pąkach kwiatowych następnie dokonano izolacji 8 prawidłowo wykształconych zarodków mieszańcowych oraz przeprowadzono klonowanie *in vitro* oraz *in vivo* (w kulturach hydroponicznych) roślin pokolenia BC<sub>2</sub> oraz BC<sub>1</sub> x F<sub>1</sub> mieszańców międzygatunkowych otrzymując 35 roślin. Potwierdzono występowanie wysokiej śmiertelności zarodków pokolenia BC<sub>1</sub> (*B. napus* x *B. oleracea*) x *B. oleracea*, która była spowodowana zanikiem chlorofilu w trakcie regeneracji. Przeprowadzenie adaptacji w kulturach hydroponicznych pozwoliło na regenerację roślin mieszańców międzygatunkowych i przygotowanie ich do jarowizacji w warunkach szklarniowych.

Materiałem do przeprowadzenia krzyżowań wstecznych metodami hodowli tradycyjnej w roku 2018 było dwanaście genotypów (*B. napus* x *B. oleracea*) pokolenia BC<sub>2</sub> otrzymanych techniką izolowanych zarodków, cztery męskosterylne linie wsobne kapusty głowiastej białej (*B. oleracea* var. *capitata*): oraz pięć alloplazmatycznych mieszańców pokolenia F<sub>1</sub>. W wyniku swobodnego zapylenia otrzymano prawidłowo wykształcone nasiona mieszańców pokolenia F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> oraz nasiona międzygatunkowych mieszańców pokolenia BC<sub>1</sub> oraz BC<sub>1</sub> x F<sub>1</sub> *B. napus* x *B. oleracea*. Zapylenia wsobne oraz krzyżowania wsteczne w celu uzyskania pokolenia BC<sub>2</sub> oraz BC<sub>1</sub> linii kapusty głowiastej białej oraz mieszańców międzygatunkowych pozwoliło na uzyskanie jedynie pojedynczych nasion co może świadczyć o występowaniu silnych barier niezgodności krzyżowej pomiędzy tymi gatunkami.

Nowo wytworzone mieszańce międzygatunkowe *B. oleracea* x *B. napus* zostały ocenione pod względem cech anatomicznych, morfologicznych i cytogenetycznych. Mieszańce międzygatunkowe pokolenia F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, BC<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> x (F<sub>1</sub>x F<sub>2</sub>) wykazywały duże zróżnicowanie pod względem wielkości genomu jądrowego. Zastosowanie fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* z sondami 5S i 35S rDNA pozwoliło na identyfikację chromosomów markerowych w formach rodzicielskich oraz w analizowanych formach mieszańcowych. Różnice w licznie i wzorze loci rDNA w analizowanych mieszańcach wskazują na liczne reorganizacje zachodzące w genomach poliploidalnych (wynikające z nie równomiernego crossing-over oraz rearanżacji chromosomowych). Mieszańce międzygatunkowe *B. napus* x *B. oleracea* pokolenia BC<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>/F<sub>2</sub> i F<sub>1</sub> x F<sub>2</sub> charakteryzowały się wyraźnym zróżnicowaniem cech anatomiczno-morfologicznych zarówno w fazie wegetatywnej jak i generatywnej. Trzy mieszańce pokolenia BC<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>/F<sub>2</sub> wytwarzały kwiaty męskopłodne.

Oceniana populacja międzygatunkowych mieszańców otrzymanych w wyniku zapyżeń krzyżowych pomiędzy oddalonymi gatunkami z rodzaju *B. oleracea*, *B. napus* i *B. rapa* była silnie zróżnicowana zarówno pod względem podatności na najważniejsze patogeny występujące w uprawie roślin kapustowatych jak również cech anatomiczno-morfologicznych, użytkowych, zdrowotności i wyrównania. W wyniku prowadzonych badań otrzymano bogatą kolekcję genotypów, która może zostać wykorzystana do tworzenia nowych form użytkowych.