

## Zadanie 67

**Tytuł zadania:** Otrzymanie nowej zmienności genetycznej warzyw kapustowatych przy wykorzystaniu krzyżowań oddalonych w rodzaju *Brassica*

**Autorzy:** Piotr Kamiński<sup>1\*</sup>, Małgorzata Podwyszyńska<sup>1</sup>, Agnieszka Marasek-Ciołakowska<sup>1</sup>, Michał Starzycki<sup>2</sup>, Elżbieta Starzycka-Korbas<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Ogrodnictwa, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice,

<sup>2</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Strzeszyńska 36, 60-479 Poznań

Celem badań prowadzonych w roku 2019 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* i *Brassica napus* w wyniku zastosowania techniki hodowli *in vitro* izolowanych zarodków oraz krzyżowań klasycznych, ocena nowo wytworzonych mieszańców pod względem cech anatomicznych, morfologicznych, cytogenetycznych oraz pod względem zdolności do rozmnażania generatywnego, a także ocena przydatności nowych form użytkowych jako źródła cennych gospodarczo cech jakościowych oraz odporności.

W wyniku zastosowania techniki hodowli *in vitro* izolowanych zarodków oraz technik hodowli tradycyjnej wytworzono nowe formy mieszańcowe pokolenia BC<sub>1</sub> oraz BC<sub>2</sub> pomiędzy genotypami oddalonymi i dzikimi oraz uprawnymi *Brassica oleracea* *Brassica napus* i *Brassica rapa*. W roku 2019 dla trzynastu pokoleń wstecznych oraz wsobnych mieszańców międzygatunkowych *B. oleracea* x *B. napus* wykonano 25 krzyżowań wstecznych na około 600 kwiatach i pąkach kwiatowych następnie dokonano izolacji 17 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 40 roślin.

Przeprowadzenie adaptacji w kulturach hydroponicznych pozwoliło na regenerację roślin mieszańców międzygatunkowych i przygotowanie ich do jarowizacji w warunkach szklarniowych. W wyniku swobodnego zapylenia oraz zapyleń wsobnych otrzymano prawidłowo wykształcone nasiona mieszańców międzygatunkowych pokolenia F<sub>1</sub> x BC<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> x F<sub>1</sub> x F<sub>2</sub> *B. napus* x *B. oleracea*. Krzyżowania mieszańców międzygatunkowych z liniami wsobnymi kapusty głowiastej metodą hodowli konwencjonalnej w celu uzyskania pokolenia BC<sub>2</sub> było całkowicie nieefektywne.

Mieszzańce międzygatunkowe *B. oleracea* x *B. napus* pokolenia BC<sub>1</sub> x F<sub>1/2</sub> i BC<sub>2</sub> i F<sub>1</sub> x F<sub>2</sub> wykazywały duże zróżnicowanie pod względem wielkości genomu jądrowego. Mieszzańce międzygatunkowe *B. napus* x *B. oleracea* pokolenia BC<sub>1</sub> x F<sub>1/2</sub> i BC<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. Obserwowano zróżnicowaną liczbę chromosomów od 34 do 59 w pokoleniu BC<sub>1</sub> x F<sub>1/2</sub> i od 28 do 66 w pokoleniu BC<sub>2</sub>. Zastosowanie sekwencji rDNA pozwoliło zaobserwować zmienność w liczbie i dystrybucji loci 5S i 35S rDNA oraz identyfikację chromosomów markerowych dla genomu C i A.

Ocena cech anatomiczno-morfologicznych w warunkach polowych wykazała, że genotypy uzyskane w wyniku krzyżowań oddalonych charakteryzowały się szeregiem cech nietypowych dla form uprawnych co mogło być spowodowane występowaniem cech gatunków dzikich. Zastosowanie w praktyce nowo otrzymanej zmienności genetycznej zależeć będzie również mechanizmów dziedziczenia ważnych gospodarczo cech w tym odporności na kiłę kapusty, czerń krzyżowych, choroby bakteryjne i fizjologiczne (Cartea et al. 2011, Dickson 2006, Kaneko et al. 2009). Mieszzańce z gatunkami dzikimi oraz pomiędzy bardzo oddalonymi formami charakteryzowały się dużą liczbą cech typowych dla form dzikich. Nowo otrzymane formy mieszańcowe będą mogły zostać wykorzystane do dalszych krzyżowań wypierających po przeprowadzeniu selekcji i dokładnej oceny ich przydatności.

Oceniane genotypy stanowiły bogaty i zróżnicowany morfologicznie materiał badawczy odzwierciedlający potencjał i możliwości otrzymania nowej zmienności genetycznej roślin kapustowatych.