

MARIA CHRZĄSTEK**EDYTA PACZOS-GRZĘDA**

Instytut Genetyki i Hodowli Roślin

Akademia Rolnicza, Lublin

Analiza molekularna i cytologiczna oraz ocena niektórych cech ilościowych mieszańców międzygatunkowych *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Molecular and cytogenetic analysis and estimation of some quantitative traits of interspecific hybrids *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Celem pracy były badania genetyczne i hodowlane mieszańców międzygatunkowych F₂ *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form rodzicielskich. Mieszańcowy charakter tej kombinacji potwierdzono przy pomocy metody RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). W celu określenia stabilności cytogenetycznej otrzymanych mieszańców analizowano konfiguracje chromosomów w komórkach macierzystych pyłku (KMP) w stadium metafazy I i anafazy I, frekwencję mikrojąder w tetradach oraz żywotność i wymiary ziaren pyłku. W metafazie I obserwowano głównie biwalenty, a w anafazie I sporadycznie występowały chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe. Zarówno w mieszańcach, jak i w formach wyjściowych obserwowano prawidłowo wykształcone tetrazy i wysoką żywotność pyłku. Uzyskane wyniki świadczą o dobrej stabilności cytogenetycznej testowanych genotypów. Mieszańce porównywano z formami rodzicielskimi pod względem wybranych cech ilościowych. W większości przypadków stwierdzono istotne różnice. W porównaniu z odmianą Borys, mieszańce były wyższe i miały dłuższą wiechę. Jednocześnie liczba kłosek w wieszce oraz liczba i masa ziarniaków były niższe aniżeli w formie matecznej. Stwierdzono również wyższą płodność kłosa i zawartość białka ogółem w ziarniakach, ale równocześnie niższą masę tysiąca ziarniaków (MTZ).

Słowa kluczowe: *Avena sativa* L., *Avena fatua* L., cechy ilościowe, KMP, mejoza, mieszańce międzygatunkowe, RAPD

The aim of the presented paper were genetic and breeding studies of F₂ interspecific hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms. Hybrid character of this cross combination was confirmed using the RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) method. Configurations of chromosomes in pollen mother cells (PMCs) at metaphase I and anaphase I, frequency of micronuclei in tetrads, viability and size of pollen grains were analysed in order to estimate the cytogenetic stability of hybrids. At metaphase I mainly bivalents were observed and at anaphase I rarely lagging chromosomes and chromatid bridges were noted. In the hybrids, as well as in the initial forms, tetrads

were properly formed and pollen was highly viable. The obtained results testify to good stability of the analysed genotypes. The hybrids were compared to their parental forms regarding some quantitative traits. In majority of cases significant differences were stated. In comparison with the Borys variety, hybrids were higher and had longer panicles. Number of spikelets per panicle, as well as number and weight of kernels, were lower than in the parental forms. Higher fertility and total protein content in kernels, but at the same time lower weight of 1000 kernels were stated.

Key words: *Avena sativa* L., *Avena fatua* L., interspecific hybrids, meiosis, PMC, quantitative traits, RAPD

WSTĘP

Owies zwyczajny (*Avena sativa* L.) jest klasycznym przykładem gatunku uprawnego o bardzo wąskiej puli genowej. Założeniem wielu programów hodowlanych jest poszerzenie zmienności genetycznej owsa poprzez wprowadzenie pożądanych genów z innych gatunków lub rodzajów. Stosuje się w tym celu różne metody, najczęściej jest to krzyżowanie międzygatunkowe i międzyrodzajowe. Bogatym źródłem korzystnych genów są gatunki dzikie (Stalker, 1980; Ladizinsky, 1986; Leggett, 1996). Przyjmuje się, że im większy jest dystans genetyczny pomiędzy krzyżowanymi komponentami tym większe jest prawdopodobieństwo uzyskania wartościowych mieszańców. Silne bariery krzyżowalności stanowią istotne ograniczenie w bezpośrednim wykorzystaniu genów warunkujących korzystne cechy (Thomas, 1992). W krzyżowaniach międzygatunkowych owsa wykorzystuje się głównie gatunki heksaploidalne, najczęściej *Avena sterilis* L. (Paczos-Grzęda, 2002). Gatunek *Avena fatua* L. miał dotychczas ograniczone zastosowanie w hodowli. Może on natomiast być dawcą wielu interesujących genów m.in. warunkujących odporność na rdzę koronową, rdzę źdźbłową, skrzypionki zbożowe, tolerancję na BYDV, karłowatość, wysoką zawartość białka i tłuszczu w ziarniakach, mrozooporność, odporność na herbicydy, długi okres spoczynku nasion, szybki wzrost vegetatywny, wczesność czy odporność na suszę (Rines i in., 1980; Luby, Stuthman, 1983; Frey, 1986; Leggett, 1996; Cavan i in., 1998; Milach i in., 1997).

W trakcie selekcji korzystnych genotypów z populacji mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych nieodzowne jest testowanie roślin pod względem stabilności cytogenetycznej (Thomas, Al-Ansari, 1980; Thomas i in., 1980).

Współczesna hodowla coraz częściej wspomagana jest informacjami uzyskiwanymi w oparciu o analizy molekularne. Zastosowanie markerów molekularnych umożliwia ocenę zróżnicowania materiałów hodowlanych, dobór właściwych komponentów do krzyżowań, potwierdzanie mieszańcowego pochodzenia uzyskanego potomstwa oraz identyfikację i selekcję pożądanych form. Badania DNA mogą w znacznym stopniu ułatwić i przyspieszyć otrzymywanie nowych, doskonalszych odmian.

Celem pracy było określenie stabilności cytogenetycznej mieszańców międzygatunkowych F₂ *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz potwierdzenie mieszańcowego charakteru tej kombinacji przy pomocy markerów RAPD. Ponadto przeprowadzono ocenę niektórych cech ilościowych mieszańców i form rodzicielskich.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem pracy były uzyskane w Instytucie Genetyki i Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Lublinie mieszańce międzygatunkowe F₂ heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz formy rodzicielskie.

Doświadczenie założono metodą bloków losowanych, w trzech powtórzeniach, w Gospodarstwie Doświadczalnym w Czesławicach. Ziarniaki wysiano w rozstawie 10 × 20 cm.

W okresie wegetacji pobrano materiał do analizy mejozy i żywotności pyłku. Wiechy i pylniki utrwalono w roztworze Carnoya, a następnie wykonywano preparaty rozmazowe w 2% acetokarminie. W około 150 komórkach macierzystych pyłku (KMP) każdej formy analizowano konfiguracje chromosomów w metafazie I oraz częstotliwość chromosomów opóźnionych i mostów chromatydowych w anafazie I. Ponadto określono frekwencję mikrojąder, obserwując ok. 2500 tetrad. We wszystkich formach oznaczono żywotność pyłku na podstawie stopnia wypełnienia cytoplazmą ok. 3000 ziaren pyłku. Średnie wymiary pyłku ustalono mierząc długość i szerokość 50 ziaren z każdej formy. Pomiary wykonywano pod mikroskopem przy powiększeniu 8 × 40 stosując mikrometr okularowy i przedmiotowy.

Po zbiorze wykonano laboratoryjną ocenę 30 pojedynków z każdej formy rodzicielskiej i 60 mieszańców. Analizowano następujące cechy: wysokość roślin (cm), liczbę pędów produkcyjnych, długość wiechy [cm], liczbę kłosek w wiesze, liczbę i masę ziarniaków z wiechy (g), płodność kłosa (liczba ziarniaków przypadająca na jeden kłosek w wiesze) oraz MTZ (g) (masa ziarniaków z wiechy / liczba ziarniaków z wiechy × 1000). Zawartość białka ogółem w ziarniakach obłuszczonych i nieobłuszczonych oznaczono metodą Kjeldahla stosując przelicznik 5,7.

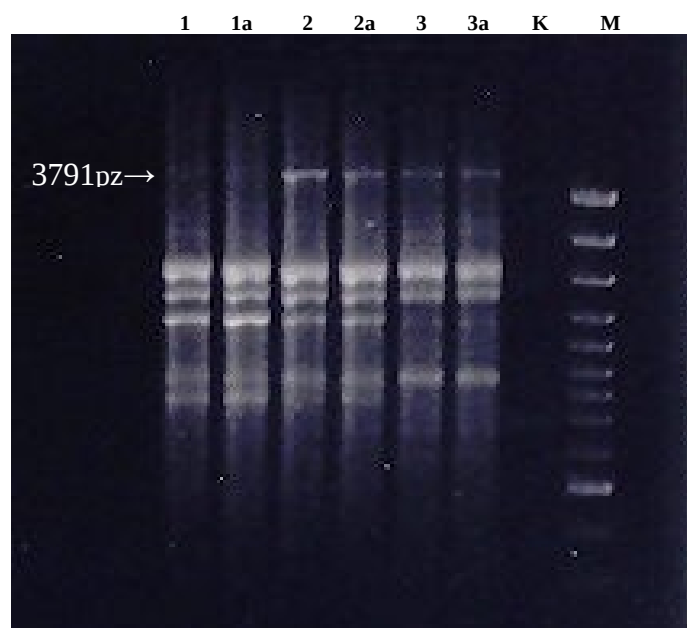
Wstępnym etapem analiz molekularnych była ekstrakcja DNA przeprowadzona metodą Milligana (1992) w dwóch powtórzeniach dla każdego genotypu z pięciu koleotypy kilkunastu siewek. Amplifikację markerów RAPD przeprowadzono zmodyfikowaną metodą Williamsa i wsp. (1990) na termocyklerze Thermal Cycler 480 (Perkin-Elmer). Analizowano dwie próby DNA z każdej formy, prowadząc jednocześnie reakcję kontrolną bez matrycy DNA. Uzyskane produkty rozdzielano na 1,5% żelu agarozowym z 0,01% EtBr w buforze TBE przez 2 h przy napięciu 100 V. Masę prążków określano porównując je z markerem wielkości GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder Plus (Fermentas, Litwa) wykorzystując program „Dnafrag” wersja 3.03.

Do analizy statystycznej otrzymanych wyników wykorzystano program opracowany przez Ośrodek Informatyki AR w Lublinie. Zastosowano test F-Snedecora, a istotności różnic pomiędzy obiektami stwierdzono przy pomocy wielokrotnych przedziałów ufności Tukeya.

WYNIKI I DYSKUSJA

W przedstawionej pracy analizowano mieszańce F₂ uzyskane w wyniku skrzyżowania polskiej odmiany Borys (*Avena sativa* L.) z dzikim gatunkiem *Avena fatua* L. W celu

potwierdzenia mieszańcowego pochodzenia badanej kombinacji zastosowano metodę RAPD. Poszukiwano starterów generujących takie fragmenty DNA, które nie były obecne u odmiany matecznej, ale ulegały amplifikacji zarówno u formy ojcowskiej, jak i mieszańców. Spośród 40 analizowanych starterów wyselekcjonowano jeden (W-02) spełniający powyższe kryterium. Generował on fragment DNA wielkości 3791pz (rys. 1). Niski poziom polimorfizmu wykrywany metodą RAPD u gatunków heksaploidalnych z rodzaju *Avena* sprawia, że do jednoznacznej identyfikacji mieszańców międzygatunkowych heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. wskazane byłoby przeanalizowanie większej liczby starterów RAPD lub zastosowanie metody pozwalającej na detekcję większej zmienności, takiej jak AFLP (Vos i in., 1995) lub ISSR (Zietkiewicz i in., 1994). Jednakże metoda RAPD została wykorzystana do analizy gatunków z rodzaju *Avena* wielokrotnie (Penner i in., 1993; Wight i in., 1994; Loskutov, Perchuk, 2000).



Rys. 1. Obraz markerów RAPD amplifikowanych w obecności startera W02. 1, 1a – *Avena sativa* L. cv. Borys; 2, 2a – *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L.; 3, 3a – *Avena fatua* L.; K – kontrola; M – marker wielkości

Fig. 1. RAPD patterns obtained with the primer W02 1, 1a – *Avena sativa* L. cv. Borys; 2, 2a – *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L.; 3, 3a – *Avena fatua* L.; K – control; M – molecular weight marker

Z wielu dotychczasowych badań wynika, że w heksaploidalnym owsie, podobnie jak u pszenicy, ma miejsce biwalentna koniugacja chromosomów (Rajhathy, Thomas, 1972). Obserwując konfiguracje chromosomów w metafazie I w mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz w formach rodzicielskich stwierdzono, że chromosomy tworzyły głównie biwalenty (tab. 1). Występowały one najczęściej w postaci pierścieni,

rzadziej miały kształt prętów. Formy rodzicielskie różniły się od siebie pod względem kształtu biwalentów. W odmianie Borys w płycie metafazowej obserwowano średnio 20,21 biwalentów pierścieniowych, natomiast w *Avena fatua* L. było ich 18,45. W mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. na komórkę przypadało średnio 20,28 pierścieni. Liczba biwalentów otwartych, czyli prętów w poszczególnych komórkach *Avena fatua* L. wahała się od 0 do 5 i wynosiła średnio 2,30. Paczos-Grzęda (2002) obserwowała mniej prętów (1,44) w innym dzikim heksaploidalnym gatunku *Avena sterilis* L. Spośród badanych w pracy form, jedynie w płytkach metafazowych *Avena fatua* L. sporadycznie obserwowano uniwalenty (0,06/KMP). Podobnie niską frekwencję uniwalentów stwierdzili McMullen i wsp. (1982) analizując mieszańce *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. i formy rodzicielskie. W badanych w pracy materiałach nie obserwowano połączeń multiwalentnych. Niektórzy autorzy na podstawie analizy koniugacji chromosomów w mieszańcach *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. twierdzą, że regularna mejoza i niemal wyłącznie biwalentna koniugacja mogą świadczyć o wysokiej homologii krzyżowanych genotypów (McMullen i in., 1982; Sereno-Tavares i in., 1992). Znacznie więcej zakłóceń obserwowano w mieszańcach otrzymanych poprzez krzyżowanie gatunków o różnym stopniu ploidalności (Leggett, 1983; 1984; Dilkova i in., 2000). Według wielu autorów koniugacja chromosomów owsa jest kontrolowana poligenicznie (Thomas, Al-Ansari, 1980). Dotychczas, w odróżnieniu od pszenicy, nie zidentyfikowano genów odpowiadających za biwalentną koniugację chromosomów w rodzaju *Avena*.

W anafazie I, w komórkach analizowanych form obserwowano nieliczne chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe (tab. 1). Najwięcej chromosomów opóźnionych (0,14/KMP) i mostów (0,41/KMP) stwierdzono w genotypie *Avena fatua* L. W odmianie Borys średnia liczba chromosomów opóźnionych wynosiła 0,03, a mostów chromatydowych 0,33. Poziom zaburzeń w anafazie u mieszańców był zbliżony do formy matecznej. W testowanych przez McMullena i wsp. (1982) mieszańcach *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. na komórkę przypadało od 0,55 do 1,79 chromosomów opóźnionych. W 4% komórek autorzy obserwowali mosty chromatydowe.

O zaburzeniach w mejozie świadczy również obecność mikrojąder w tetradach. Obserwowano je we wszystkich badanych w pracy formach (tab. 1). Najmniej mikrojąder stwierdzono w odmianie Borys (0,02), a najwięcej w *Avena fatua* L. (0,07). W mieszańcach na jedną tetradę przypadało średnio 0,04 mikrojąder. McMullen i wsp. (1982) obserwowali mikrojądra w 39,2% analizowanych tetrad. W mieszańcach uzyskanych przez wyżej wymienionych autorów w wyniku krzyżowania 9 genotypów *Avena sativa* L. z 7 genotypami *Avena sterilis* L. na jedną tetradę przypadało średnio 1,17 mikrojąder.

Uwzględniając zaburzenia w metafazie I i anafazie I oraz częstotliwość mikrojąder w tetradach można stwierdzić, że najmniej stabilnym spośród badanych form był genotyp *Avena fatua* L. Podobnie McMullen i wsp. (1982) oraz Paczos-Grzęda (2002) obserwowali mniej regularną mejozę w *Avena sterilis* L. niż w liniach i odmianach *Avena sativa* L.

Tabela 1

Metafaza I i anafaza I w KMP oraz częstotliwość mikrojąder w tetradach mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. i form wyjściowych

Metaphase I, anaphase I and frequency of micronuclei in tetrads of interspecific hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Metafaza I Metaphase I					Anafaza I Anaphase I		% tetrad % of tetrads					Średnia liczba mikro- jąder w tetradzie Mean number of micro- nuclei per tetrad
	Biwalenty Bivalents				uniwalenty univalents	średnia liczba chromosomów opóźnionych mean number of lagging chromosomes	średnia liczba mostów chromatydowych mean number of chromatid bridges						
	pierścienie rings		pręty rods					bez mikro- jąder without micro- nuclei	z 1 mikro- jądrem with 1 micro- nucleus	z 2 mikro- jądrai with 2 micro- nuclei	z 3 mikro- jądrai with 3 micro- nuclei	z większą liczbą mikrojąder with higher number of micronuclei	
	liczba number	%	liczba number	%									
Borys	20,21	96,24	0,79	3,76	0,00	0,03	0,33	99,09	0,61	0,24	0,06	0,00	0,020
<i>Avena fatua</i>	18,45	88,92	2,30	11,08	0,06	0,14	0,41	96,24	1,78	0,94	0,73	0,31	0,067
Borys × <i>A. fatua</i>	20,28	96,57	0,72	3,43	0,00	0,06	0,30	97,99	0,76	0,58	0,59	0,08	0,041

Zarówno formy rodzicielskie, jak i mieszańce charakteryzowały się wysoką żywotnością pyłku (tab. 2). Najwięcej pyłku całkowicie wypełnionego cytoplazmą stwierdzono w mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. (99,07%). Testowane genotypy różniły się pod względem wielkości ziaren pyłku (tab. 2). Największe ziarna obserwowano u *Avena fatua* L. (57,72 µm × 51,65 µm), średnie u odmiany Borys (52,74 µm × 47,62 µm), a najmniejsze u mieszańców (48,67 µm × 43,52 µm). W badaniach Gornalla (1977) średnica ziaren pyłku u *Avena fatua* L. była większa o 2 µm niż u *Avena sativa* L. Według Katsiotisa i Forsberga (1995) wielkość ziaren pyłku w rodzaju *Avena* jest pozytywnie skorelowana z liczbą chromosomów. Wśród gatunków na tym samym poziomie ploidalności autorzy nie stwierdzili różnic.

Tabela 2

Żywotność i wymiary ziaren pyłku mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form wyjściowych
Viability and size of pollen grains in hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Pyłek żywotny Viable pollen grain		Pyłek nieżywotny Unviable pollen grains				Wymiary ziaren pyłku Size of pollen grains	
	całkowicie wypełniony cytoplazmą fully filled up with cytoplasm		częściowo wypełniony cytoplazmą partly filled up with cytoplasm		pusty not filled up with cytoplasm		średnia długość mean lenght (µm)	średnia szerokość mean width (µm)
	liczba number	%	liczba number	%	liczba number	%		
Borys	2930	97,67	8	0,26	62	2,07	52,74	47,62
<i>Avena fatua</i>	2963	98,77	22	0,73	15	0,50	57,72	51,65
Borys × <i>A. fatua</i>	2972	99,07	11	0,37	17	0,57	48,67	43,52

Brak zaburzeń w mejozie i wysoka żywotność pyłku mogą świadczyć o dobrej stabilności cytogenetycznej analizowanych mieszańców *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Badane mieszańce różniły się istotnie od form rodzicielskich pod względem większości analizowanych cech ilościowych (tab. 3). Rośliny były wyższe o ok. 20 cm od formy matecznej. W badaniach Luby'ego i Stuthmana (1983) wysokość mieszańców z kombinacji *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. wahała się od 119 do 129 cm. Wydłużenie źdźbła w mieszańcach jest zjawiskiem niekorzystnym ze względu na zwiększenie podatności roślin na wyleganie. Jednym z kierunków nowoczesnej hodowli owsa jest skrócenie źdźbła poprzez wykorzystanie genów karłowatości (Milach i in., 1997).

W testowanych w pracy materiałach nie stwierdzono istotnych różnic pod względem krzewienia. Mieszańce wytwarzały średnio 4,5 pędów produkcyjnych, odmiana Borys 4,2 a *Avena fatua* L. 4,1. Według Górnego (2000) i Wojcieszkiej (1993) oraz Marshalla i Shanera (1992) cecha ta jest uwarunkowana genetycznie, ale jej ekspresja zależy w dużej mierze od czynników środowiska.

Wiechy mieszańców *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. miały średnio długość 22,9 cm i były istotnie dłuższe w porównaniu z odmianą mateczną oraz istotnie krótsze niż u gatunku ojcowskiego (rys. 2). Formy rodzicielskie charakteryzowały się niemal iden-

tyczną średnią liczbą kłosek w wiesze (62,1 i 62,8). Mieszańce różniły się istotnie pod tym względem od rodziców. W ich wiesze obserwowano średnio 48,3 kłosek. Według Nity (1999) w hodowli nowych odmian owsa należy dążyć do wydłużenia wiechy i zwiększenia liczby kłosek. Długość wiechy jest skorelowana z wysokością roślin (Marshall, Murphy, 1981).

Tabela 3

Wartości średnie niektórych cech ilościowych mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form wyjściowych
Mean values of some quantitative traits in hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Wysokość roślin Plant height (cm)	Liczba pędów produkcyjnych Productive tillering	Długość wiechy Panicle length (cm)	Liczba kłosek z wiechy Number of spikelets per panicle	Liczba ziarniaków z wiechy Number of kernels per panicle	Masa ziarniaków z wiechy Weight of kernels per panicle (g)	Płodność kłoska Fertility of spikelet	Masa 1000 ziarniaków 1000 kernels weight (g)	Zawartość białka ogółem w ziarnie z łuską Total protein content in kernel with husk (%)	Zawartość białka ogółem w ziarnie bez łuski Total protein content in kernel without husk (%)
Borys	108,7	4,2	19,6	62,1	111,9	3,48	1,81	31,4	10,20	14,70
<i>Avena fatua</i>	171,3	4,1	33,8	62,8	119,0	2,07	1,90	18,8	13,36	18,58
Borys × <i>A. fatua</i>	129,1	4,5	22,9	48,3	91,9	2,51	1,92	27,2	11,55	16,10
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	7,9	—	2,3	9,8	23,5	0,53	—	2,8	1,2	1,3

Porównując mieszańce z formami rodzicielskimi stwierdzono różnice pod względem liczby i masy ziarniaków z wiechy. Wiechy roślin mieszańcowych zawiązywały średnio 91,9 ziarniaków o masie 2,51 g. W formie ojcowskiej *Avena fatua* L. obserwowano istotnie więcej ziarniaków w wiesze (119), natomiast ziarniaki odmiany Borys charakteryzowały się istotnie wyższą masą (3,48 g).

O wartości użytkowej odmiany w dużym stopniu decyduje średnia płodność kłoska. Wartość tej cechy u wszystkich analizowanych form kształtowała się na zbliżonym poziomie i wahała się od 1,81 w odmianie Borys do 1,92 w mieszańcu. Z wcześniejszych badań wynika, że średnia masa ziarniaków zawiązanych w kwiatach pierwszo-, drugo- i trzeciorzędowych jest zróżnicowana (Takeda, Frey, 1980).

Masa tysiąca ziarniaków w testowanej kombinacji mieszańcowej wynosiła 27,2 g i była zdecydowanie wyższa w porównaniu z *Avena fatua* L., ale jednocześnie istotnie niższa aniżeli w odmianie matecznej Borys. Wśród analizowanych mieszańców były rośliny charakteryzujące się MTZ przekraczającą nie tylko wartość średnią dla odmiany, ale również wartości otrzymane dla najlepszych pojedynków w obrębie odmiany Borys.



Rys. 2. Wiechy (od lewej): *Avena sativa* L. cv. Borys, *Avena sativa* L. cv. Borys $\times$ *Avena fatua* L., *Avena fatua* L.

Fig. 2. Panicles (from left): *Avena sativa* L. cv. Borys, *Avena sativa* L. cv. Borys $\times$ *Avena fatua* L., *Avena fatua* L.

W porównaniu z odmianą Borys w mieszańcach stwierdzono istotny wzrost zawartości białka ogółem zarówno w ziarniakach z łuską, jak i pozbawionych łuski.

Średnia zawartość białka ogółem w ziarniakach obłuszczonych u mieszańców wynosiła 16,10%, natomiast w formie matecznej 14,70%. Wielu autorów zwraca uwagę na fakt, że zwiększanie zawartości białka ogółem w ziarnie owsa poprzez krzyżowania międzygatunkowe może prowadzić do pogorszenia jego właściwości agronomicznych (Takeda, Frey, 1979; Rakowska, 1990).

WNIOSKI

1. Pomimo niskiego poziomu polimorfizmu markerów RAPD metoda ta może mieć zastosowanie w badaniach molekularnych mieszańców międzygatunkowych owsa.
2. Regularna mejoza i wysoka żywotność pyłku świadczą o dobrej stabilności cytogenetycznej testowanych mieszańców międzygatunkowych *Avena sativa* L. cv. Borys $\times$ *Avena fatua* L.
3. Analizowany w pracy genotyp *Avena fatua* L. może być wykorzystany w programach hodowlanych mających na celu uzyskanie form charakteryzujących się wysoką zawartością białka w ziarnie.

LITERATURA

- Cavan G., Biss P., Moss S. R. 1998. Herbicide resistance and gene flow in wild-oats (*Avena fatua* and *Avena sterilis* ssp. *ludoviciana*). Ann. Appl. Biol. 133: 207 — 217.
- Dilkova M., Jellen E. N., Forsberg R. A. 2000. C-banded karyotypes and meiotic abnormalities in germplasm derived from interploidy crosses in *Avena*. Euphytica 111: 175 — 184.
- Frey K. J. 1986. Genetic resources and their use in oat breeding. In: Lawes D. A., Thomas H. (ed.). Proc. of the 2nd Int Oat Conf. 1985, Aberystwyth, U.K. 9 — 15.
- Gornall R. J. 1977. Notes on the size and exine ornamentation of *Avena* pollen grains. Can. J. Bot. 55: 2622 — 2629.
- Górny A. G. 2000. Genetyka cech morfologicznych owsa. IGR PAN, Poznań.
- Katsiotis A., Forsberg R. A. 1995. Pollen grain size in four ploidy levels of genus *Avena*. Euphytica 83: 103 — 108.
- Ladizinsky G. 1986. Genetic resources and their use in the breeding of oats. In: Lawes D. A., Thomas H. (ed.). Proc. of the 2nd Int. Oat Conf., Aberystwyth, U.K.: 52 — 53.
- Leggett J.M. 1996. Using and conserving *Avena* genetic resources. In: Proc. of. 5th Int. Oat Conf., Canada, 128 — 132.
- Leggett J.M. 1983. Chromosome relationships and morphological comparisons in the hybrids *Avena hybrida* × *A. sativa* and *A. hybrida* × *A. maroccana*. Can. J. Genet. Cytol. 25: 255 — 260.
- Leggett J.M. 1984. Morphology and metaphase chromosome pairing in three *Avena* hybrids. Can. J. Genet. Cytol. 26: 641 — 645.
- Loskutov I. G., Perchuk I. N. 2000. Evaluation of interspecific diversity in *Avena* genus by RAPD analysis. Oat Newslett 46.
- Luby J. J., Stuthman D. D. 1983. Evaluation of *Avena sativa* L. / *A. fatua* L. progenies for agronomic and grain quality characters. Crop Sci. 23: 1047 — 1052.
- Marshall H. G., Murphy C. F. 1981. Inheritance of dwarfness in three oat crosses and relationship of height to panicle and culm length. Crop. Sci. 21: 335 — 338.
- Marshall H. G., Shaner G. E. 1992. Genetics and inheritance in oat. In: S. Segoe (ed.), Oat science and technology. American Society of Agronomy. Agronomy Monograph No. 33, Madison, WI, USA: 29 — 52.
- McMullen M. S., Philips R. L., Stuthman D. D. 1982. Meiotic irregularities in *Avena sativa* L. / *A. sterilis* L. hybrids and breeding implications. Crop Sci. 22: 890 — 897.
- Milach S. C., Rines H. W., Phillips R. L., Stuthman D. D., Morikawa T. 1997. Inheritance of a new dwarfing gene in oat. Crop Sci. 38: 356 — 360.
- Milligan B. G. 1992. Plant DNA isolation. In: Molecular analysis of populations: a practical approach. IRL Press, Oxford, UK, 59 — 88.
- Nita Z. T. 1999. Stan aktualny i nowe kierunki hodowli owsa w Polsce. Żywność. Kwartalnik Polskiego Towarzystwa Technologów Żywności 6 (supl. 1): 186 — 192.
- Paczos-Grzęda E. 2002. Studia genetyczno-hodowlane nad mieszańcami heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. oraz formami rodzicielskimi. Praca doktorska. AR Lublin.
- Penner G. A., Chong J., Wight C. P., Molnar S. J., Fedak G. 1993. Identification of RAPD marker for the crown rust resistance gene *Pc68* in oats. Genome 36: 818 — 820.
- Rajhathy T., Thomas H. 1972. Genetic control of chromosome pairing in hexaploid oats. Nature New Biology 239: 217 — 219.
- Rakowska M. 1990. Znaczenie jakościowej hodowli roślin dla poprawy struktury pasz. Biul. IHAR 173/174: 5 — 16.
- Rines H. W., Stuthman D. D., Briggles L. W., Youngs V. L., Jedlinski H., Smith D. H., Webster J. A., Rothman P. G. 1980. Collection and evaluation of *Avena fatua* for use in oat improvement. Crop Sci. 20: 65 — 68.
- Sereno-Tavares M. J., Bodanese-Zanettini M., Carvalho F., Matsumara A. 1992. Variability in *A. sativa*, *A. sterilis* and their hybrids: morphologic, cytogenetic and electrophoretic evaluations. Proc. of the 4th Int. Oat Conf., Adelaide, South Australia: 93 — 94.

- Stalker H. T. 1980. Utilization of wild species for crop improvement. *Advances in Agronomy* No. 33: 111 — 147.
- Takeda K., Frey K. J. 1979. Protein yield and its relationship to other traits in backcross population in from an *A. sativa* × *A. sterilis* cross. *Crop Sci.* 19: 623 — 628.
- Takeda K., Frey K. J. 1980. Tertiary seed set in oats cultivars. *Crop Sci.* 20: 771 — 774.
- Thomas H. 1992. Cytogenetics of *Avena*. In: S. Segoe (ed.), *Oat science and technology*. American Society of Agronomy. Agronomy Monograph No. 33, Madison, WI, USA: 473 — 507.
- Thomas H., Al-Ansari N. 1980. Genotypic control of chromosome pairing in amphiploids involving the cultivated oat *Avena sativa* L. *Euphytica* 37: 37 — 45.
- Thomas H., Powell W., Aung T. 1980. Interfering with regular meiotic behaviour in *Avena sativa* as a method of incorporating the gene for mildew resistance from *A. barbata*. *Euphytica* 29: 635 — 640.
- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M. 1995. AFLP — a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl. Acids Res.* 23: 4407 — 4414.
- Wight C. P., Penner G. A., O'Donoghue L. S., Burrows V. D., Molnar S. J., Fedak G. 1994. The identification of random amplified polymorphic DNA markers for daylength insensitivity in oat. *Genome* 37: 910 — 914.
- Williams J. G. K., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A., Tingey S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* 18: 6531 — 6535.
- Wojcieszka U. 1993. *Fizjologia owsa*. W: J. Mazurek (red.) *Biologia i agrotechnika owsa*. IUNG Puławy, 53 — 94.
- Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple-sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20: 176 — 183.