

DANUTA OTŁOWSKA

*Instytut Hodowli Roślin i Nasiennictwa**Akademii Rolniczej w Lublinie*

INSTYTUT HODOWLI ROŚLIN W CAMBRIDGE *

Instytut Hodowli Roślin w Cambridge został założony w 1912 roku i od chwili powstania do 1947 roku był ściśle związany z Uniwersytetem w Cambridge. Od 1947 roku Instytut jest finansowany przez Agricultural Research Council (Rolnicza Rada Badawcza). W 1947 roku pracowało w Instytucie 13 pracowników, a obecnie 213. Skład osobowy Instytutu w latach 1971/72 kształtował się następująco:

Pracownicy naukowci

(głównie ze stopniem doktora, kierownicy sekcji lub laboratorium)

37 osób 18%

Pracownicy eksperymentalni

(odpowiedzialni za pracę w laboratorium)

31 osób 14%

Asystenci naukowci

78 osób 37%

Administracja, pracownicy polowi

67 osób 31%

Dyrektorem Instytutu od 1970 roku jest prof. dr Ralph Riley. Dr Riley jest powszechnie znanym badaczem zagadnień kontrolowanej koniugacji u pszenicy. Jest on członkiem Królewskiego Towarzystwa Naukowego, profesorem Uniwersytetu w Nottingham, prowadzi również cykl wykładów specjalistycznych z zakresu cytogenetyki pszenicy na Uniwersytecie w Cambridge.

Zakres prac naukowo-badawczych w Instytucie jest bardzo szeroki, dlatego są one prowadzone w następujących sekcjach: Cytogenetyki, Roślin Zbożowych, Ziemiaka i Roślin Oleistych, Roślin Pastewnych, Buraka Cukrowego, bardzo małej sekcji Entomologii i Fitopatologii oraz usługowym Laboratorium Chemicznym. Teraz omówię prace poszczególnych sekcji.

Sekcją Roślin Zbożowych kieruje dr Lupton, który zajmuje się głównie zagadnieniami fizjologii zbóż. Bierze on czynny udział w pracach sekcji fizjologicznej przy Eucarpii. Czołowym hodowcą jest natomiast pan Bingham. Trzeba zaznaczyć, że na liście odmian zbóż będących aktualnie w uprawie 6 pochodzi z Instytutu Hodowli Roślin w Cambridge. Na uwagę zasługuje między innymi bardzo popularna w Anglii odmiana jęczmienia ozimego Maris Otter, jęczmienia jarego Proctor, owsa ozimego Maris Quest, pszenicy ozimej Maris Ranger itp. W 1971 roku weszła do

* Sprawozdanie ze stażu naukowego w 1971 r.

uprawy nowa odmiana pszenicy ozimej Maris Nimord. Jest to obecnie najlepiej plonująca odmiana angielska, bardzo odporna na choroby, ma wyraźnie krótszą i bardziej odporną na wyleganie słomę niż popularna Cappelle. W hodowli pszenicy ozimej stosuje się różne metody krzyżowania ze szczególnym doбором komponentów rodzicielskich. Oprócz tego w Instytucie pracuje się nad wykorzystaniem metod statystycznych w hodowli roślin. Zastosowanie analizy kanonicznej w krzyżówkach diallelicznych u jęczmienia pozwala hodowcy przewidzieć efekty krzyżowania i ułatwia uzyskanie „zaprojektowanej“ odmiany. Dzięki metodom statystycznym można zademonstrować obecność nieallelicznej interakcji lub epistazy i wykazać, który z rodziców jest odpowiedzialny za tą interakcję. Tymi problemami zajmuje się w sekcji Roślin Zbożowych pan Whitehouse. W Instytucie zwrócono dużą uwagę na hodowlę odmian półkarłowych. Do krzyżowania używano japońskiej odmiany Norin-10. Obecnie Instytut posiada kilka rodów, z tym że najbardziej obiecujące to: TL 363 30 i TL 365a 34. W ostatnim roku wspomniane rody krzyżowano z odmianami miejscowymi w celu poprawienia odporności na pewne rasy rdzy żółtej.

Prace nad pszenicami półkarłowymi obejmują również bardzo obszerny program badań fizjologicznych. Dotyczą one między innymi porównania zdolności do fotosyntezy oraz badań systemu korzeniowego pszenic półkarłowych i o słomie normalnej. Obok prac hodowlanych w sekcji Roślin Zbożowych prowadzi się prace z zakresu agrotechniki zbóż. Ponadto w sekcji tej znajduje się olbrzymia bo ponad 900 odmian światowa kolekcja pszenicy. Odmiany w zależności od pochodzenia wysiewa się w trzech różnych terminach, a mianowicie: w październiku, w marcu i w maju.

Sekcją Ziemniaka i Roślin Oleistych kieruje dr Howard. Instytut ma poważne osiągnięcia szczególnie w hodowli nowych odmian ziemniaka. Pod względem powierzchni uprawy odmian Maris Peer pochodząca z Sekcji Ziemniaka po Majestic i King Edward znajduje się na trzecim miejscu. Obok Maris Peer na uwagę zasługuje Maris Page i Maris Piper. Odmiany te uzyskano w wyniku krzyżowania dzikich gatunków *Solanum demissum* z materiałami miejscowymi. Obecnie w doświadczeniach krajowych znajduje się kilka nowych klonów, z których najlepszy jest klon oznaczony numerem 12/3. Wejdzie on prawdopodobnie do uprawy jako odmiana Maris Anchor. Sekcja Ziemniaka współpracuje bardzo ściśle ze stosunkowo małą Sekcją Fitopatologii i Entomologii. W ostatnim roku za pomocą metody szczepienia badano u nowych klonów odporność polową na wirusa X. Na 320 klonów 184 było całkowicie odpornych. Podobne testy przeprowadzono również na dihaploidach. Przy krzyżowaniu dihaploidów immune \times immune stosunek roślin immunnych do nieimmunnych wynosił jak 3:1. W badaniach nad dihaploidami stwierdzono, że wykazują one wy-

rażną odporność na nematody. Ponadto dihaploidy mogą być pożyteczne przy identyfikacji genów produkujących antocjan u uprawnych odmian diploidalnych i tetraploidalnych.

Obok ziemniaka prowadzi się również prace hodowlano-badawcze nad kapustą, rzepakiem i rzepą. Na uwagę zasługują szczególnie badania nad genetycznym aspektem obcozapylenia i samozapylenia u roślin kapustnych. Jak wiadomo kapusta jest rośliną obcopylną. Wyhodowana w Instytucie nowa odmiana kapusty włoskiej — Maris Kestrel — jest podwójnym mieszańcem uzyskanym w wyniku krzyżowania linii wsobnych.

W Sekcji Roślin Pastewnych, którą kieruje pan Rogers prowadzi się prace hodowlano-badawcze nad trawami (głównie rajgrasem i tymotką), lucerną, koniczyną, grochem, fasolą, bobikiem i kukurydzą. Kukurydza jest najmłodsza rośliną, nad którą pracuje się w Cambridge. Kukurydzę na kiszonkę uprawia się głównie w środkowej i południowej Anglii oraz częściowo na północy, natomiast na ziarno udaje się najlepiej w zachodniej i wschodniej Anglii. Obecnie w uprawie na ziarno znajdują się trzy mieszańce: Kelvedon 59A, Inra 200 i Anjou 210. Mieszańce te są jednak stosunkowo późne. Dlatego też prace hodowlane prowadzone w Cambridge idą w kierunku wyhodowania odmian wczesnych o stosunkowo wysokim plonie nasion. Ostatnio uzyskane mieszańce w plonie nasion nie ustępują najbardziej popularnej odmianie Inra 200, są natomiast o trzy tygodnie wcześniejsze. Instytut realizuje międzynarodowy program badań zaproponowany przez sekcję kukurydzy i sorga przy Eucarpii. W związku z tym w ostatnim roku badano w uprawie na nasiona 70 mieszańców handlowych pochodzących między innymi z Francji, USA, NRF i Polski. Badane mieszańce porównywano z Inra 200. Okazało się, że w warunkach południowo-wschodniej Anglii tylko kilka mieszańców było wyraźnie wcześniejszych, dawały one jednak niski plon nasion lub były bardziej wrażliwe na choroby i wyleganie niż popularna Inra 200.

Największą sekcją w Instytucie jest Sekcja Cytogenetyki. Kierownikiem jej jest obecnie dr C. N. Law. Z uwagi na szeroki zakres badań wyróżnia się w sekcji Cytogenetyki cztery laboratoria, a mianowicie: cytochemii, cytologii, genetyki i biochemii. Laboratorium cytochemii kieruje dr Bennett. Zajmuje się on między innymi badaniami nad długością podziałów redukcyjnych i somatycznych głównie u zbóż. Na uwagę zasługują prace dotyczące długości poszczególnych stadiów mejozy u żyta, pszenicy i *Triticale*. Opiszę krótko metody badań. Rośliny przeznaczone do badań rosły w szklarni w temperaturze około 20°C. Przy pobieraniu materiału stosowano trzy różne sposoby.

Przy założeniu synchronizacji podziałów pobierano z każdego kwiatka w kłosie po jednym pręciku i oznaczano stadium podziałowe. Następnie w pewnych odstępach czasu u 700 genotypów z każdego gatunku

utrwalano dwa następne pręciki. Pierwsze utrwalanie nazwano próbnym a drugie ostatecznym. Z różnicy czasu między utrwalaniem próbnym i ostatecznym określono całkowitą długość mejozy i jej poszczególnych stadiów. W metodzie drugiej w czasie utrwalania próbnego pobierano z każdego kwiatka szczytowe części trzech pręcików, następnie w odstępach czasu utrwalano pozostałe części badanych uprzednio pręcików. Długość poszczególnych stadiów oznaczano podobnie jak w metodzie 1. W metodzie 3 podczas utrwalania próbnego pobierano wszystkie kwiatki wzdłuż jednej strony kłosa, następnie w określonych odstępach czasu kwiatki z drugiej strony kłosa. Przy użyciu powyższych metod określono długość poszczególnych stadiów mejozy jak również całkowity czas trwania podziałów redukcyjnych.

Z badań tych wynika, że długość podziałów redukcyjnych u żyta $2x = 51,2$ godz., żyta $4x = 38$ godz., *Triticum aestivum* ($6x$) = 24 godz. i *Triticale* $8x = 20,8$ godz. U wszystkich omawianych zbóż najdłużej trwa profaza, w tym na pierwszym miejscu znajduje się leptoten, u żyta $2x$ np. 20 godz., a u *Triticale* $8x$ 7,5 godz. Najkrótsza jest diakineza — około 0,5 godz.

Analizując długość poszczególnych stadiów w profazie zwrócono szczególną uwagę na zygoten. Jak wiadomo w zygotenie odbywa się koniugacja chromosomów homologicznych. Stwierdzono istotne różnice w okresie trwania tego stadium. I tak np. u żyta zygoten trwa 11,4 godz., u pszenicy 3,4 a u *Triticale* 3 godz. W oparciu o te badania dr Bennett wyjaśnia w pewnym stopniu brak stabilności cytogenetycznej u *Triticale*. Prawdopodobnie u *Triticale* czynnik czasu ogranicza koniugację chromosomów żyta i dlatego obserwuje się je w metafazie jako uniwalenty. Przypuszczenia te w pewnym stopniu potwierdzają wcześniejsze badania Dárlingtona, z których wynika, iż różnice w liczbie i rozkładzie chiazm mogą być uwarunkowane różnicą czasu potrzebnego na koniugację i tworzenie chiazm. Dr Bennett bada również zależność pomiędzy zawartością DNA oznaczoną w picogramach a długością mejozy i mitozy. Autor uważa, że u diploidów istnieje wyraźna zależność pomiędzy długością mejozy i zawartością DNA, natomiast u poliploidów wraz ze wzrostem DNA maleje czas trwania podziałów redukcyjnych.

W laboratorium cytologii większość prowadzonych prac dotyczy systemu 5B. Jak wiadomo dr Riley niezależnie od Japończyka Okamoto odkrył zjawisko kontrolowanej koniugacji u pszenicy *Triticum aestivum*. Z badań dr Riley nad nullihaploidami wynika, iż przy braku chromosomu 5B u pszenicy w mejozie łączą się chromosomy homeologiczne i tworzą multivalenty. Natomiast obecność tego chromosomu warunkuje homologiczną, bivalentną koniugację. Obecność chromosomu 5B hamuje więc koniugację homeologów i prowadzi do disomicznej segregacji

cech, co jak wiadomo, zapewnia dużą stabilność genetyczną oraz wysoką plenność i płodność u *Triticum aestivum*. Dalsze badania wykazały, że u niektórych gatunków *Aegilops*, a szczególnie *A. speltoides* i *A. mutica* znajdują się allele, które hamują działanie genu na chromosomie 5B. W mieszańcach *T. aestivum* × *A. speltoides* niezależnie od obecności chromosomu 5B obserwowano homeologiczną koniugację. Na podstawie tych badań dr Riley przypuszcza, że gen oznaczony Ph na długim ramieniu chromosomu 5B *T. aestivum* powstał na skutek mutacji dominującego allelu u *A. speltoides*. Badania nad ewolucją pszenicy wykazały, iż genom B pochodzi właśnie od *A. speltoides*. Z najnowszych, jeszcze nie zakończonych prac nad systemem 5B, które prowadzi w Cambridge G. A. Dover wynika, że zjawisko kontrolowanej koniugacji związane jest z chromosomami dodatkowymi *A. Speltoides* lub *mutica*, a nie jak to sugeruje dr Riley, z chromosomami typu A, a szczególnie chromosomem 5 z *A. speltoides*. Z dalszych badań nad systemem 5B wynika, że locus Ph nie jest homozygotyczny. Dla lepszego wyjaśnienia tego zjawiska przystąpiono do indukowania sztucznych mutantów. W tym celu próbki nasion roślin ditelocentrycznych dla chromosomu 5B traktowano EMS. Dla stwierdzenia mutacji Ph locus, traktowane rośliny krzyżowatno z kolei z żytem *Secale cereale*. Jak wiadomo w normalnych warunkach u takich mieszańców obserwuje się w mejozie uniwalenty. Tylko przy braku chromosomu 5B ma miejsce homeologiczna koniugacja. Wśród przebadanych 2935 mieszańców wyselekcjonowano kilka mutantów. U tych roślin mimo obecności długiego ramienia chromosomu 5B w mejozie obserwowano multiwalenty. Z tego wynika, że można uzyskać mutację, która pozwala na koniugację chromosomów homeologicznych u pszenicy *T. aestivum*. Wstępne badania wykazały, że taki mutant może oddać duże usługi w hodowli *Triticale*, zwłaszcza w świetle ostatnich badań Later i Shigenagi nad identyfikacją uniwalentów u *Triticale*. Nowe kreacje *Triticale* różniące się tylko locusem Ph mogłyby być bardzo cenne. Ze wstępnych badań wynika, że u *Triticale* ze zmutowanym locus Ph mejoza przebiega regularniej niż u normalnych roślin.

Ponadto w laboratorium cytologii analizuje się wzajemny wpływ genomów żyta i pszenicy na przebieg regularnej koniugacji u *Triticale*. Stwierdzono, że w mieszańcach *Secale cereale* × *Secale montanum* proces synapsis przebiega normalnie, natomiast w mieszańcach pomiędzy *Triticale cereale* × *Triticale montanum* obserwuje się dużo uniwalentów głównie żyta. Wynika z tego, że koniugacja pomiędzy chromosomami *S. montanum* i *S. cereale* w *Triticale* jest regulowana przez genotyp pszenicy. Te obserwacje wykazują również, że u *Triticale* jest bardzo małe prawdopodobieństwo rekombinacji pomiędzy chromosomami różnych gatunków żyta. Przeprowadzono również krzyżówki pomiędzy *Tri-*

ticale (*Triticum aestivum* × *S. cereale*) × *S. montanum* oraz (*Triticum aestivum* × *S. montanum*) × *S. cereale*. W mieszańcach, które miały haploidalny zestaw chromosomów pszenicy i dwa różne genomy żyta — koniugacja chromosomów żyta przebiegała regularnie. Z tego wynika, że podwójna dawka genomów pszenicy w mieszańcach powoduje ograniczenie koniugacji pomiędzy chromosomami *S. cereale* i *S. montanum*. Badano również wpływ genomów żyta na przebieg regularnej koniugacji u *Triticale*. W tym celu krzyżowano pszenicę Chinese Spring z żytem Petkus i uzyskano *Triticale* z różną liczbą genomów żyta. Z nie zakończonych jeszcze badań cytologicznych wynika, że chromosomy żyta u *Triticale* mają wpływ na synapsis chromosomów pszenicy. Wraz ze wzrostem liczby genomów żyta obserwuje się większą tendencję do łączenia się homeologów pszenicy między sobą lub z chromosomami żyta.

W laboratorium cytologii pracuje się również nad problemami substytucji międzyrodzajowej. Chodzi o to, aby przy wykorzystaniu systemu 5B wprowadzić do pszenicy pożądane chromosomy lub ich fragmenty od innych gatunków. Jak wiadomo w *Triticale* do pełnego zestawu chromosomów pszenicy dodano genomy żyta. Wydaje się, iż bardzo rozsądne byłoby dodawanie pojedynczych tylko par chromosomów żyta o korzystnych genach i wyprowadzenie linii pszenicy z dodatkowymi chromosomami żyta. Uzyskanie takich linii jest pierwszym krokiem w międzyrodzajowej substytucji. Żeby uzyskać linie z dodatkowymi chromosomami, w Instytucie krzyżowano odmianę pszenicy Holdfast z żytem King II. Mieszańce F_1 traktowano kolchicyną w celu uzyskania amfidiploidów, które z kolei krzyżowano wstecznie z pszenicą. W wyniku kilku b-crossów uzyskano linie, w których było 21 par chromosomów pszenicy i jeden nieskonjugowany chromosom żyta. Z kolei 43-chromosomowe rośliny zapyłano i w ten sposób uzyskiwano disomiczne linie pszenicy z dodatkowymi chromosomami żyta. Fenotypowo każda linia różniła się mniej lub więcej od normalnej pszenicy. I tak np. linia, w której dodano dwa chromosomy żyta oznaczone II (wg Riley chromosomy trabantowe) charakteryzowała się szybszym wzrostem niż odmiana Holdfast. Rośliny miały szersze, intensywniej zabarwione liście, dłuższą słomę oraz wykazywały zwiększoną odporność na rdzę zbożową i mączniak.

W Cambridge przy identyfikacji poszczególnych chromosomów żyta w liniach pszenicy najczęściej posługuje się badaniem fenotypu lub wzajemnym krzyżowaniem poszczególnych linii. Mając linie z dodatkowymi chromosomami można przystąpić do substytucji. Przy substytucji międzyrodzajowej zasadniczym problemem jest homeologia chromosomów dwóch różnych gatunków. Podobieństwo to można ustalić przez: 1) krzyżówki linii pszenicy z dodatkowymi chromosomami żyta z nullisomicznymi lub tetrasomicznymi roślinami pszenicy, 2) obserwację koniugacji pomiędzy

chromosomami żyta i pszenicy w liniach przy braku chromosomu 5B. 3) obserwację transmisji gamet nullisomicznych, tzn. 20^{II} — pszenicy, normalnych gamet (21^{II} pszenicy) oraz gamet typu (20^I pszenicy + 1^I żyta) i (21^I pszenicy + 1^I univ. żyta). Po ustaleniu podobieństwa chromosomów dwóch różnych gatunków przystępujemy do krzyżowania określonych monosomów pszenicy z określonymi liniami z dodatkowymi chromosomami. Dr Riley ustalił, że II chromosom żyta można podstawić na miejsce chromosomów pszenicy z szóstej grupy homeologicznej. W tym celu monosomiki dla chromosomów 6A, 6B i 6D krzyżuje się z linią pszenicy, do której dodano chromosom II. W pokoleniu F_1 wybieramy osobniki, które mają 20^{II} pszenicy oraz uniwalent żyta i pszenicy. Takie rośliny możemy jeszcze krzyżować wstecznie z określoną linią lub w F_1 selekcjonuje się formy posiadające 40 chromosomów pszenicy i jeden chromosom żyta. Okazuje się jednak, że do pszenicy można podstawiać nie tylko pary chromosomów, ale także pewne ich odcinki. Świetnym przykładem takich manipulacji chromosomowych było uzyskanie przez dr Riley i pana Chapmana odmiany „reproduktora”, którą nazwano „Compair”. Odmiana „Compair” jest przykładem wprowadzenia do pszenicy odporności na różne rasy rdzy żółtej od *A. comosa* ($2n = 14$) przy wykorzystaniu chromosomu 5B. Pierwszym etapem było uzyskanie linii pszenicy z dodatkowymi chromosomami *A. comosa*. Okazało się, że wyraźną odpornością odznaczała się linia oznaczona jako 2M (przez M oznacza się genomy u *A. comosa*). Chromosom z *A. comosa* w obecności chromosomu 5B nie mógł jednak koniugować z homeologami pszenicy w wyżej wspomianej linii. Nie mogło być więc mowy o rekombinacji.

Dla indukowania homeologicznej koniugacji monosomiczną linię 2M skrzyżowano z *A. speltoides*, który jak wspomniałem wcześniej zawiera inhibitor *Ph locus*. Uzyskanego mieszańca oznaczono jako CS/2M — *speltoides*. Następnie krzyżowano go wstecznie z Chinese Spring i uzyskano kilka roślin, u których w mejozie obserwowano 21 biwalentów oraz były one wyraźnie odporne na rdzę. Rośliny te były heterozygotyczne i posiadały dominujący gen odporności. W potomstwie heterozygot uzyskano osobniki homozygotyczne, które w krzyżówkach z Chinese Spring albo innymi odmianami dawały mieszańce odporne na rdzę. Jednocześnie były w wysokim stopniu stabilne genetycznie. W metafazie mejozy obserwowano tylko biwalenty. W F_2 natomiast obserwowano rozszczepienie 3 : 1. Na 3 osobniki odporne 1 był wrażliwy. Badania nad homeologią chromosomów wykazały, że chromosom 2M można podstawić na miejsce II grupy homeologicznej. Najlepsze wyniki uzyskano jednak przy substytucji chromosomu 2M na miejsce 2D *T. aestivum*. Z tego wynika, że chromosom 2M *A. comosa* i 2D *T. aestivum* są w dużym stopniu podobne. Odmiana „Compair” jest zatem homozygotą uzyskaną w wy-

niku rekombinacji chromosomów 2M *A. comosa* i 2D *T. aestivum*. Zrekombinowany chromosom oznaczono 2M/2D. Z badań nad mieszańcami linii 2M z odmianą „Compair“ wynika, że u Compair istotnie znajduje się materiał genetyczny *A. comosa*. W mejozie obserwowano 20 biwalentów i 1 triwalent, który jest dowodem wcześniejszej rekombinacji pomiędzy chromosomami 2M, 2D.

W laboratorium genetyki, gdzie odbywałam swój staż prowadzone są prace nad aneuploidami u pszenicy. Jak wiadomo badania aneuploidów pszenicy zapoczątkowały pionierskie prace Searsa, który pierwszy uzyskał pełną serię monosomów u odmiany Chinese Spring. Seria monosomików Chinese Spring została bardzo szybko wykorzystana przy wprowadzaniu monosomiczności do innych odmian, a następnie międzyodmianowej i międzyrodzajowej substytucji. Prace Searsa zapoczątkowały zatem nowy etap w genetyce i hodowli pszenicy. Na praktyczny aspekt pracy Searsa zwróciło uwagę wielu genetyków. W Europie na szczególną uwagę zasługuje Laboratorium Genetyki w Instytucie Hodowli Roślin w Cambridge. Kierownikiem tego laboratorium jest dr C. N. Law. Z inicjatywy dr Law utworzono w 1966 roku na V Sympozjum Genetyki Pszenicy w Jugosławii Europejski Związek Aneuploidów Pszenicy w skrócie EWAC. Celem utworzenia EWAC było:

- a) wzajemna wymiana doświadczeń i informacji naukowej pracowników zajmujących się problemami aneuploidów,
- b) zapobieganie w dublowaniu prac badawczych,
- c) koordynacja prac badawczych,
- d) wymiana uzyskanych serii monosomicznych i linii substytucyjnych w celu badania ich w różnych warunkach klimatycznych,
- e) organizowanie spotkań naukowych pracowników interesujących się aneuploidami.

Konferencja inauguracyjna odbyła się w 1967 roku w Cambridge. Wybrano wtedy cztery europejskie odmiany jako tzw. „key variety“, do których należy wprowadzać monosomiczność i podstawiać wzajemnie chromosomy. Były to następujące odmiany:

1. Dr A. Bozzini (Włochy) — odmiana Mara.
2. Dr G. Chavdarov (Bułgaria) — Bezostaja I.
3. C. N. Law (Anglia) — Capelle-Desprez.
4. D. Mettin (NRD) — Fanal, Poros.

Na inauguracyjnej konferencji przedstawiciele 14 państw europejskich komunikowali o rozpoczętych już pracach przy wyprowadzaniu serii monosomicznych. Minęło od tego czasu już 5 lat. Z ostatniego sympozjum EWAC, które odbyło się w Monachium wynika, iż obecnie liczą się w Europie tylko 3 państwa tj. Anglia, Włochy i NRD. Dr Bozzini ma już 6-b-cross u odmiany Mara, ponadto zajmuje się lokalizacją ge-

nów u tetraploidalnej odmiany Capetti. W tym celu krzyżuje monosomy Chinese Spring z odmianą Capetti i analizuje pokolenie F_1 i F_2 .

W Cambridge wprowadzono monosomiczność do odmiany Cappelle-Desprez, Bersee i Koga. Monosomiczność wprowadza się poprzez krzyżowanie monotelocentryków Chinese Spring z wyżej wspomnianymi odmianami i selekcję roślin o 41 chromosomach. Monosomiczność można wprowadzać również poprzez krzyżowanie monotelocentryków i izosomików Chinese Spring z daną odmianą i selekcję roślin o 42 chromosomach. 42-chromosomowe rośliny mają $20^{II} + Het^{II}$. Po określonej liczbie b-crossów wybiera się linie monosomików, monotelocentryków lub monoizosomików. Przy wprowadzaniu monosomiczności trzeba zwracać uwagę na stabilność cytogenetyczną danej odmiany. Im odmiana mniej stabilna tym trudniej wprowadzić monosomiczność, tym większe prawdopodobieństwo „univalent-shift“. Dla lepszej kontroli występowania univalent-shift należy prowadzić oddzielnie podwójne linie monosomiczne, tzn. np. u monosomu 1D prowadzi się linię A i B. Przy wyprowadzeniu nowych serii monosomicznych stosunkowo dużą trudność stanowią translokacje.

Obecność translokacji można wykryć poprzez oznaczenie multivalentów a szczególnie triwaleńców w metafazie monosomów F_1 . I tak np. w Cambridge w odmianie Bersee u linii monosomicznej 7B i 5B obserwowano bardzo wysoką liczbę triwaleńców. Na 1 komórkę przypadał 1,00 triwaleńce. Z tego wyciągnięto wniosek, że u odmiany Bersee chromosomy 5B i 7B objęte są wzajemną translokacją.

Z badań tych wynika również, że odmiana Bersee różni się od wyjściowej odmiany Chinese Spring tylko jedną translokacją. Im są mniejsze różnice pomiędzy Chinese Spring i drugą odmianą tym łatwiej jest wprowadzić monosomiczność. Przy badaniu monosomów u odmiany Bersee zastosowano analizę kanoniczną. U poszczególnych linii monosomicznych badano 8 parametrów takich jak: liczba pędów, długość i szerokość liścia flagowego, długość kłosa, liczbę kłosków, ciężar i liczbę ziarn w kłosie oraz płodność. Porównując badane parametry stwierdzono, że 1 grupie homeologicznej chromosom 1B genetycznie wyraźnie różni się od chromosomu 1A i 1D. Te dwa ostatnie wykazują duże podobieństwo genetyczne. Podobna sytuacja występuje w 3 grupie homeologicznej, gdzie chromosom 3B genetycznie wyraźnie różni się od pozostałych homeologów.

W Cambridge ponadto prowadzone są na dużą skalę prace związane z substytucją międzyodmianową. Do odmiany Chinese Spring podstawia się Poros, Cappelle, Mare, Bezostną, Vilmorin, Ciano, Lutescens, *T. spelta*. Dla pełniejszej analizy genetycznej odmian prowadzi się wzajemną substytucję, która polega na tym, że np. chromosom 2A z odmiany X jest podstawiany do odmiany Y a chromosom 2A z odmiany Y jest podstawiany do odmiany X. Mając do dyspozycji pełną serię linii substytucyjnych

można przystępować do lokalizacji genów na chromosomach. I tak analiza genetyczna linii substytucyjnych wykazała, że u odmiany Cappelle-Desprez geny kontrolujące odporność na mróz znajdują się na chromosomach 4D, 5D i 7A. Poprzez krzyżowanie linii substytucyjnych Chinese (Hope Spring \times Chinese Spring) ustalono, że na chromosomie 7B u odmiany Hope znajdują się geny kontrolujące odporność na mącznik oraz termin kłoszenia się. Wykreślono mapę genetyczną chromosomu 7B z dokładnym uwzględnieniem położenia genów kontrolujących wyżej wymienione cechy jakościowe. Istotny wpływ na termin kłoszenia się mają jednak chromosomy z piątej grupy homeologicznej. Na uwagę zasługuje chromosom 5D i 5A. Geny kontrolujące termin kłoszenia się znajdują się na długim ramieniu wyżej wspomnianych chromosomów i są w dużym stopniu homeologiczne. Linie substytucyjne 5D i 5A miały wyraźnie wydłużony termin kłoszenia. Ponadto w laboratorium genetyki prowadzone są studia genetyczne nad pszenicami półkarłowymi. Stwierdzono, że monosomy drugiej grupy homeologicznej są wyraźnie niższe od pozostałych. Za pomocą EMS starano się uzyskać mutanty w obrębie tej grupy. Stwierdzono również, że monosomiki drugiej grupy homeologicznej mają wyższą zawartość kwasów gibberelinowych niż pozostałe aneuploidy. Prace te nie są jednak zakończone. Przypuszczać należy, że w najbliższej przyszłości wyjaśnią one problemy genetyczne pszenic półkarłowych.

W czasie odbywania stażu odwiedziłam kilka placówek naukowych między innymi Katedrę Botaniki na Uniwersytecie w Nottingham i Katedrę Botaniki Rolniczej Uniwersytetu w Aberystwyth. Na Uniwersytecie w Nottingham zapoznałam się z pracami prof. E. Cocking dotyczącymi somatycznej hybrydyzacji. Okazuje się, że za pomocą enzymu cellulazy można uzyskać „nagie“, tj. pozbawione błony komórki, które z kolei za pomocą jonów Na^+ mogą ulec fuzji. W ten sposób uzyskano w Nottingham heterokarion ziemniak-pomidor. Poprzez podział i fuzję jąder heterokarionu można uzyskać mieszańce ziemniak-pomidor. Zdaniem prof. Cocking somatyczne mieszańce będą miały bardzo duże znaczenie w genetyce i hodowli roślin.

W Aberystwyth zapoznałem się z pracami prof. Ressa nad chromosomami typu B u żyta i rajgrasu. Z ostatnich badań nad mieszańcami *Lolium temulentum* \times *Lolium perenne* wynika, że B-chromosomy zapobiegają homeologicznej koniugacji. U mieszańca diploidalnego z dwoma chromosomami B wyraźnie zmniejsza się frekwencja biwalentów, co jest dowodem braku homeologicznej koniugacji pomiędzy chromosomami dwóch różnych gatunków. Prof. Ress uważa, że to odkrycie jest bardzo ważne dla hodowli roślin. Może być całkiem realne użycie B-chromosomów dla uzyskania regularnej mejozy w syntetycznych allopoliploidach. Prace te są bardzo interesujące i rokują duże nadzieje.