**Zadanie 51.**

**Wprowadzanie nowych alleli z pul genowych różnych gatunków z rodzaju *Brassica* do bazy genowej rzepaku ozimego**

Kierownik zadania: prof. dr hab. Teresa Cegielska-Taras,

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB, Oddział w Poznaniu, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych

**Celem badań** jest otrzymanie roślin mieszańcowych z krzyżowań międzygatunkowych *Brassica oleracea* i *Brassica rapa*, uzyskanie nasion z roślin rzepaku resyntetyzowanego, krzyżowanie rzepaku RS z rzepakiem podwójnie ulepszonym oraz analiza genotypowa i fenotypowa „nowego” rzepaku.

Dla wprowadzenia linii rzepaku resyntetyzowanego (RS) do linii CMS *ogura* wykonano krzyżowania linii CMS z podwójnie ulepszonymi liniami DH semi-RS rzepaku: CMS 896 × semi-RS 25/4 oraz CMS 430 × semi-RS 27/25. W wyniku wprowadzenia rzepaku resyntetyzowanego do linii męskosterylnych uzyskany zostanie nowy komponent do tworzenia rzepaku mieszańcowego. Linia CMS *ogura* już po trzecim krzyżowaniu wstecznym z wybraną linią podwójnie ulepszoną może być użyta do tworzenia mieszańców F1.

Jednym ze sposobów ulepszania rzepaku RS jest krzyżowanie tych genotypów z rzepakiem naturalnym podwójnie ulepszonym i przeprowadzenie androgenezy *in vitro* z uzyskanych mieszańców, czyli wytworzenie populacji linii DH semi-RS, spośród których można wyselekcjonować genotypy podwójnie ulepszone. Z dawcy oznaczonego D33, stosując opracowaną standardową metodę otrzymywania linii DH w kulturze izolowanych mikrospor, uzyskano 306 roślin z pięciu izolacji. Natomiast z dawcy 34 mimo wielokrotnych izolacji i stosowania wielu wariantów do stymulacji mikrospor do rozwoju sporofitowego uzyskano łącznie 30 zarodków rozwijających się bardzo powoli zarówno w fazie wzrostu embrionalnego, jak i różnicowania w tkanki i organy. Ta sytuacja jest potwierdzeniem, że zdolność do stymulacji podziałów mikrospor w procesie androgenezy *in vitro* i regeneracji roślin ma podłoże genetyczne, co jest od dawna podkreślane przez wielu autorów.

Wśród badanych 40 linii DH semi-RS nie wyselekcjonowano żadnej linii o jakości rzepaku podwójnie ulepszonego. Jednak kilka linii zeroerukowych i jedna linia o dopuszczalnej zawartości glukozynolanów (poniżej 15 μM·g-1) będą mogły być komponentami do dalszych krzyżowań w celu uzyskania linii semi-RS spełniającej kryteria rzepaku podwójnie ulepszonego.

Nowe techniki analizy wysokoprzepustowych danych genotypowych, szczególnie w połączeniu z nowo dostępną referencyjną sekwencją genomu, służą do badania skali różnorodności genetycznej niezbędnej w predykcji celowości krzyżowań np. w hodowli mieszańcowej. Na podstawie analizy mikromacierzy Illumina Infinium Brassica 60K SNP zbadano zmiany genomowe linii rzepaku resyntetyzowanego. Analizowane linie rzepaku nowego typu wykazały różnorodność i liczne zmiany genomowe. Dalsza szczegółowa analiza będzie prowadzona w układzie z danymi fenotypowymi badanych genotypów. Założono doświadczenie z genotypami *Brassica* ssp. będącymi komponentami linii RS. Obecnie rośliny rozwijają się w warunkach naturalnych, dzięki czemu będzie możliwa prawidłowa ocena badanych genotypów pod względem wybranych cech fenotypowych.

Zał 1. Plakat

Laurencja Szała, Katarzyna Sosnowska, Alina Liersch, Wiesława Popławska, Teresa Cegielska-Taras. **„Selection for double low quality semi-resynthesized DH lines of oilseed rape (*Brassica napus* L.)”,** 15th International Rapeseed Congress 2019 Berlin, Niemcy, czerwiec16-19, 2019