

pieczętka

**SPRAWOZDANIE O STANIE REALIZACJI ZADANIA**  
z wykonania badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej  
w 2012 roku

1. Nr decyzji MRiRW: **HOR hn 801-3/12 zadanie nr 20**
2. Nazwa tematu: **Genetyczno-hodowlane aspekty wykorzystania cytoplazmy CMS-C w hodowli mieszańców żyta ozimego**
3. Podmiot realizujący temat: **Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie**
4. Wydział/Pracownia/ Pracownie: **Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin**
5. Kierownik tematu (zgodnie z kartą tematu): **dr hab. Stefan Stojalowski**  
Wykonawcy: **mgr inż. Monika Hanek, mgr inż. Aleksandra Bobrowska, dr Beata Myśków, mgr inż. Przemysław Tomczak, dr Marek Szklarczyk**
6. **Informacja o realizacji prac w roku 2012**
  - a) **Materiały i metody:**

Zadanie 1. Określenie lokalizacji chromosomowej pobocznych genów męskiej jałowości w systemie CMS-C.

W roku 2012 w badaniach wykorzystano populację mapującą wytworzoną na bazie pokolenia F<sub>2</sub> mieszańca między męskosterylną linią 544(C), a efektywnym restorerem Ot0-20. Wybór linii Ot0-20 jako formy ojcowskiej dla tworzonej populacji mapującej wynikał z wiedzy, że jest to linia posiadająca co najmniej dwa geny restorerowe. Jednym z tych genów jest *Rfc1*, silny restorer zlokalizowany na długim ramieniu chromosomu 4R. W celu wykrycia drugiego genu, lub być może większej ich liczby, podjęto próbę zidentyfikowania w obrębie populacji mapującej roślin, które są męskopłodne, ale nie posiadają genu *Rfc1*. W tym celu wczesną wiosną pobrano liście z 178 roślin wchodzących w skład populacji mapującej, wyizolowano z nich DNA i wykonano analizy przy użyciu siedmiu markerów molekularnych SCAR zlokalizowanych na chromosomie 4RL. Markery do analiz były wybrane tak, aby obejmowały obszar, w którym według aktualnej wiedzy powinien być zlokalizowany gen *Rfc1*.

Kłosa roślin populacji mapującej zaizolowano. W okresie kwitnienia roślin wykonano wzrokową ocenę płodności przy zastosowaniu skali Geigera i Morgensterna, a po zakończeniu wegetacji wyniki oceny wzrokowej zweryfikowano w oparciu o zawiązywanie ziaren pod izolatorami. W okresie kwitnienia pobrano też pyłek z wytypowanych na podstawie oceny

markerowej roślin i wykonano krzyżowania wsteczne z męskosterylną linią 544(C) w celu kontynuowania badań w kolejnym sezonie wegetacyjnym.

Wykonano też serię krzyżowań wstecznych z udziałem roślin wyselekcjonowanych na podstawie analiz PCR-SCAR wykonanych w roku 2011. W przypadku tych roślin męskosterylnym komponentem użytym do krzyżowań była linia 585/91-1-2(C). Kontynuowano też oceny płodności i reprodukcję męskopłodnych linii z cytoplazmą C otrzymanych po skrzyżowaniu linii męskosterylnej z dopełniaczem (zgodnie z założeniami, że linie te prawdopodobnie tworzą pyłek na skutek działania pobocznych genów restorerowych i po doprowadzeniu do stanu homozygotyczności mogą zpaść użyte do badań w ramach zadania 1).

Zadanie 2. Poszukiwanie nowych markerów molekularnych oraz ocena przydatności znanych markerów molekularnych do selekcjonowania genotypów dopełniających.

Kontynuując zainicjowane w 2011 roku badania efektywności znanych markerów molekularnych do selekcji genotypów dopełniających dokonano w 2012 roku oceny płodności mieszańców testowych z udziałem 134 linii. Mieszańce wysiewano na jednorzędkowych poletkach, a ocenę płodności wykonywano wzrokowo na podstawie skali bonitacyjnej Geigera i Morgensterna (1975). Poprawność oceny wzrokowej weryfikowano poprzez obserwacje zawiązywania ziaren w 2-4 zaizolowanych kłosach na każdym z poletek. Uzyskane wyniki zestawiono z danymi o segregacji markerów molekularnych analizowanych w roku 2011. Wykonano też serię kolejnych krzyżowań testowych w celu określenia w roku 2013 ich zdolności do dopełniania męskiej sterylności lub przywracania płodności.

Do poszukiwań nowych markerów sprzężonych z genami kontrolującymi sterylność/płodność w cytoplazmie C wykorzystano technologię DArT. Materiałem badawczym była populacja RIL mieszańca [544 x DS2], dla której komponent mateczny był dopełniaczem męskiej sterylności w cytoplazmie C. Obecność alleli sterylności/płodności identyfikowano na podstawie rezultatów krzyżowań testowych z męskosterylną wersją linii 544(C). Poza markerami DArT w obrębie badanej populacji wykonano też oznaczenia dziewięciu markerów SCAR zlokalizowanych na chromosomie 4RL. Zastosowano do identyfikacji markerów o największej przydatności w hodowli metodę opartą o analizę skrajnych segregantów (Bidirectional Genotyping Selection - BSG). Poszukiwano markerów, które występowały wyłącznie w grupie roślin dopełniających, a których obecności nie stwierdzano wśród restrerów i odwrotnie.

Zadanie 3. Określenie frekwencji genotypów dopełniających dla cytoplazmy C w populacjach żyta.

Mieszańce między męskosterylnym źródłem cytoplazmy C jako formą mateczną, a czterema populacjami żyta uprawnego (Szk.26, Szk.84, Szk85 i Szk.89) zostały w sezonie 2011/12 wysiane punktowo (w rozstawie 20 x 25 cm) na terenie Hali Wegetacyjnej Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie. Męskosterylnym źródłem cytoplazmy C dla wszystkich czterech mieszańców był mieszaniec między siostrzanymi liniami wsobnymi: męskosterylną 585/92-1-2 i dopełniaczem 585/92-6-1. Nasiona do siewu pochodziły z izolowanych przestrzennie szkótek top-crossowych założonych w poprzednim sezonie wegetacyjnym w ramach współpracy z Hodowlą Roślin Danko Sp. z o.o. Każda z wysianych punktowo roślin dwunastu badanych mieszańców F<sub>1</sub> oceniana była wzrokowo pod kątem płodności pręcikowia przy zastosowaniu 9-stopniowej skali Geigera i Morgensterna (1975).

Zadanie 4. Ocena efektu heterozji u mieszańców żyta z cytoplazmą C.

Z uwagi na słabe zawiązywanie ziaren w szkółce top-crossowej w roku 2011, w doświadczeniach pozwalających wstępnie oszacować ogólną zdolność kombinacyjną znalazło się tylko pięć wyhodowanych w ZUT w Szczecinie męskosterylnych linii z cytoplazmą C: ZUT 091809, ZUT091796, ZUT091797, ZUT091734 i ZUT091737. Dodatkowe dwie linie męskosterylne badane w doświadczeniach na ogólną zdolność kombinacyjną (S232C/10B i S242C/10B) zostały wyhodowane w DANKO Hodowla Roślin Sp.z o.o. W doświadczeniach oceniano również cztery mieszańce uzyskane po zapyleniu męskosterylnego mieszańca prostego [585/92-1-2(C) x 585/92-6-1] pyłkiem czterech populacji żyta.

W zależności od ilości posiadanych nasion ocenę ogólnej zdolności kombinacyjnej przeprowadzono w doświadczeniach jednopowtórzeniowych prowadzonych w dwóch lub w czterech miejscowościach. Doświadczenia te założono na poletkach o powierzchni 5m<sup>2</sup> metodą wzorcową ze wzorcem systematycznym (odmiana Brassetto F1) co szóste poletko. W celach porównawczych w obu doświadczeniach ocenianych było (poza mieszańcami z cytoplazmą C) szereg zarejestrowanych odmian oraz eksperymentalnych mieszańców z cytoplazmą Pampa. W obu doświadczeniach badano po 45 obiektów. Doświadczenie dwupowtórzeniowe prowadzono w Choryni i Nagradowicach, czteropowtórzeniowe dodatkowo jeszcze w Laskach i Wierzenicy.

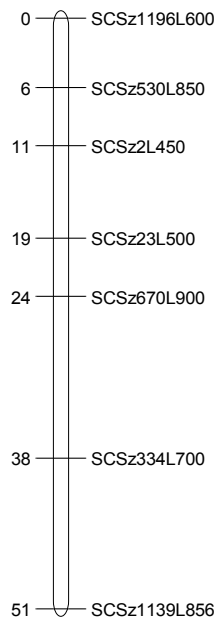
**b) Szczegółowe omówienie wykonanych prac i uzyskanych wyników (łącznie dla wszystkich pracowni realizujących temat).**

Zadanie 1. Określenie lokalizacji chromosomowej pobocznych genów męskiej jałowości w systemie CMS-C.

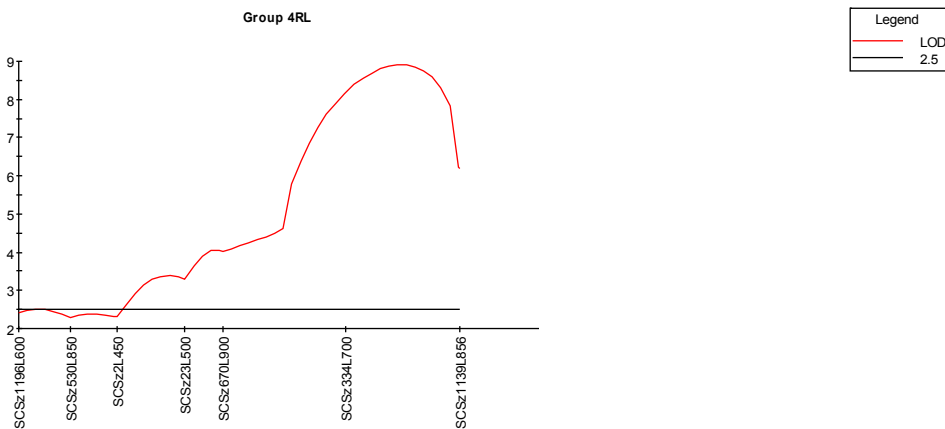
Polimorfizm w badanej populacji mapującej [544(C) x Ot0-20]F<sub>2</sub> ujawniło siedem markerów: SCSz2L450, SCSz23L500, SCSz334L700, SCSz530L850, SCSz670L900, SCSz1139L856, SCSz1196L600, a uzyskane segregacje pozwoliły na utworzenie mapy sprzężeń o łącznej długości 51cM (rys.1). Mapowanie interwałowe (rys.2) oraz test nieparametryczny Kruskala-Wallisa (dane pominięto w sprawozdaniu) potwierdziły istotny statystycznie związek markerów tworzących grupę sprzężeń z męską płodnością ocenianych roślin.

Zaledwie 12 spośród 178 badanych roślin było w pełni męskosterylnych (tab.1). Rośliny częściowo płodne również stanowiły niewielką część populacji. Udział roślin w pełni męskopłodnych (ocenionych na 7, 8 lub 9 w skali Geigera i Morgensterna i zawiązujących ziarna pod izolatorami na poziomie przekracającym 50%) wynosił ponad 78%. Udział roślin z genem *Rfc1* powinien teoretycznie wynosić około 75%. Wśród roślin męskopłodnych poszukiwano takich, których wysoka płodność mogła wynikać z działania genów innych niż *Rfc1*. Zidentyfikowano sześć takich roślin, z których cztery udało się skrzyżować wstecznie z męskosterylnym komponentem matecznym badanego mieszańca. Nasiona tych mieszańców wysiano jesienią 2012 roku w celu kontynuowania badań.

## 4RL



Rys. 1. Mapa sprzężeń markerów SCAR z długiego ramienia chromosomu 4R.



Rys.2. Krzywa LOD uzyskana w trakcie mapowania interwałowego genów determinujących przywracanie płodności roślin populacji [544(C) x Ot0-20]F2. Jako poziom istotności przyjęto wartość LOD=2,5.

Tabela 1.

Rozkład fenotypowy męskiej płodności w populacji mapującej [544(C) x Ot0-20]F<sub>2</sub>

Klasa fenotypowa	Ocena w skali Geigera i Morgensterna	Liczebność
Męskosterylne	1	5
	2	5
	3	2
Częściowo męskopłodne	4	3
	5	13
	6	10
Całkowicie męskopłodne	7	11
	8	50
	9	79
Razem		178

W 2011 roku na podstawie zbliżonych analiz PCR-SCAR wybrano 8 roślin mieszańca [585/92-1-2 x Ot0-20]F<sub>2</sub>, które były w pełni męskopłodne (ocena wzrokowa na poziomie 8-9, zawiązywanie ziaren powyżej 50%) na skutek działania innych niż *Rfc1* genów restorerowych. Potomstwo tych roślin zostało wysiane jesienią 2011 roku, a w roku 2012 wykonano (w celu prowadzenia badań w kolejnych latach) krzyżowania wsteczne tych genotypów z linią mateczną 585/92-1-2(C) i uzyskane mieszańce wysiano w polu.

W celu wytworzenia materiału do prowadzenia badań w kolejnych latach wykonano również ocenę płodności oraz zaizolowano rośliny linii S<sub>2</sub> wytworzonych z mieszańców między formami męskosterylnymi, a dopełniaczami: [585/92-1-2(C) x 585/92-6-1], [403/03-18(C) x 402/03-41], [404/03-3(C) x 404/03-66]. Uzyskane ziarna pięciu takich linii S<sub>3</sub> zostały wysiane.

Zadanie 2. Poszukiwanie nowych markerów molekularnych oraz ocena przydatności znanych markerów molekularnych do selekcjonowania genotypów dopełniających.

W hodowli mieszańców opartych o system CMS-C poważną trudnością sprawia tworzenie linii dopełniających w sposób stabilny męską sterility. Hodowla tych linii z oczywistych przyczyn musi być prowadzona początkowo przy wykorzystaniu cytoplazmy normalnej, a ocena zdolności do utrzymywania męskiej sterility musi być weryfikowana poprzez ocenę płodności mieszańców testowych. Identyfikacja markerów molekularnych efektywnie wspierających ten proces jest bardzo pożądana. W celu określenia, na ile markery SCAR zlokalizowane na długim ramieniu chromosomu 4R w sąsiedztwie genu *Rfc1* mogą być przydatne w praktyce hodowlanej, wykonano w 2011 roku analizy PCR-SCAR w obrębie 290 nowo tworzonych linii

wsobnych (liście pobierano z roślin pokolenia F3 mieszańców między linią dopełniającą a roślinami odmiany Dańkowskie Diament). W bieżącym roku, 134 linie spośród ocenianych w 2011 roku, poddano ocenie w krzyżowaniach testowych. Badane linie podzielono na trzy główne kategorie: linie dopełniające, które dawały mieszańce testowe męskosterylne, linie segregujące, których mieszańce testowe rozszczepiały się na formy męskosterylne i męskopłodne oraz restorery przywracające płodność u mieszańców testowych. Do kategorii dopełniaczy zaliczono też linie, których mieszańce były męskosterylne, ale z niewielkim udziałem roślin częściowo płodnych (ocenionych na 4 w skali Geigera i Morgensterna). Linie takie nie nadają się do komercyjnej hodowli dopełniaczy, ale z punktu widzenia badań podstawowych można było założyć, że reprezentują genotypy, w których brakuje głównego genu przywracającego płodność oznaczanego jako Rfc1. W celu określenia potencjalnej przydatności poszczególnych markerów do selekcjonowania genotypów dopełniających, z grupy ocenianych linii wybrano na podstawie analiz PCR-SCAR formy reprezentujące linię mateczną (dopełniającą). Oceniano osiem markerów. W przypadku pięciu z nich wybierane były linie nie posiadające prążka markerowego (źródłowa linia mateczna także nie posiadała tych prążków), w pozostałych trzech przypadkach to linie z prążkiem powinny nieść w sobie allele sterylności.

Tabela 2

Liczebności linii poddanych analizom PCR-SCAR oraz ocenie fenotypowej płodności roślin w krzyżowaniach testowych ze źródłem CMS-C (wyłuszczone drukowaniem zaznaczono markery, które pozwalały na efektywne ograniczenie liczebności linii przywracających płodność).

Marker	Allel*	Dopełniające (MS)	Segregujące (MS + MP)	Restorery (MP)	Razem
SCSz2L450	0	39	29	56	124
<b>SCSz23L500</b>	0	37	13	17	67
<b>SCSz319L550F3R4</b>	1	22	10	2	34
SCSz319L550F4R3	0	37	18	54	109
<b>SCSz334L700</b>	1	39	27	21	87
<b>SCSz530L850</b>	0	30	9	9	48
<b>SCSz670L900</b>	0	23	5	6	34
<b>SCSz1139L856</b>	1	32	19	7	58
Ogółem		39	29	66	134

\* - allel typowy dla dopełniającej linii matecznej (0 – brak prążka, 1 – prążek obecny)

Ogólnie wśród badanych linii przeważały formy restorerowe – stanowiły prawie połowę badanych linii (tab. 2). Dość liczne były też linie segregujące, które były heterozygotyczne pod

względem alleli sterylności/płodności. W tabeli 2 zaprezentowano symulację zastosowania markerów do selekcjonowania linii: liczebności linii dla poszczególnych markerów obejmują tylko te formy, które zostałyby wybrane do dalszej hodowli, gdyby oceny markerowe z 2011 roku przyjąć jako podstawę do wyeliminowania części genotypów. Dwa spośród testowanych markerów (SCSz2L450 i SCSz319L550F4R3) tylko nieznacznie ograniczały liczebność zestawu badanych linii i jednocześnie nie zwiększały w sposób znaczący udziału genotypów dopełniających. Podstawową wadą obu powyższych markerów była niska rozdzielczość – w obrębie części badanych linii otrzymanych z tych samych wyjściowych kombinacji krzyżowań, markery te były monomorficzne i nie różnicowały w ogóle genotypów. Zastosowanie pozostałych markerów prowadziło do eliminacji w pierwszej kolejności genotypów restorerowych (tab.2). Co prawda żaden z badanych markerów nie pozwalał na wyeliminowanie wszystkich form przywracających płodność, ale możliwe było znaczące ograniczenie ich udziału w całej badanej populacji i pozostawienie w niej genotypów, wśród których większość stanowiły dopełniacze lub ewentualnie linie rozszczepiające się (również niosące allele sterylności). Uzyskanie w pełni satysfakcjonującej efektywności zastosowania markerów do selekcji genotypów dopełniających wymaga najprawdopodobniej znalezienia dodatkowych markerów, których poszukiwania prowadzone są w ramach zadania 1.

Kolejne linie zostały skrzyżowane testowo ze źródłem CMS-C i wysiane w celu zweryfikowania i rozszerzenia w 2013 roku badań objętych zadaniem 2.

W wyniku analiz DArT w obrębie populacji [544 x DS2]RIL uzyskano dane o 3359 markerach. W badaniach uwzględniono dodatkowo 9 markerów SCAR opartych na metodzie PCR. W badanej populacji wytypowano 21 genotypów w pełni dopełniających oraz 20 efektywnych restorerów. Pominięto w analizie formy heterozygotyczne wykryte w ramach krzyżowań testowych.

Zidentyfikowano 33 markery obecne tylko u form z dopełniających oraz 13 występujących wyłącznie u restorerów. Wśród nich znalazły się 2 markery SCAR, pozostałe to markery DArT. Większość z wytypowanych markerów była wcześniej lokalizowana na chromosomie 4R, część nie miała dotąd określonej lokalizacji chromosomowej (tab.3)



Tabela 3

Markery molekularne wykazujące silne sprzężenie z głównym genem kontrolującym przywracanie płodności w cytoplazmie C oraz ich lokalizacja chromosomowa.

Markery obecne u dopełniaczy			Markery obecne u restorerów		
Lp.	Nazwa markera	Lokalizacja chromosomowa	Lp.	Nazwa markera	Lokalizacja chromosomowa
1	SCSz319L550F3R4	4RL	1	SCP12M55	4RL
2	rPt-509353	4R	2	rPt-508693	4R
3	rPt-509448	4R	3	rPt-505828	4R
4	rPt-505229	4R	4	rPt-401048	4R
5	rPt-401491	4R	5	rPt-505373	4R
6	rPt-509365	NA	6	rPt-401544	4R
7	rPt-401955	4R	7	rPt-508800	4R
8	rPt-507026	4R	8	rPt-411095	4R
9	rPt-509243	4R	9	rPt-505550	NA
10	rPt-508466	4R	10	rPt-509706	4R
11	rPt-401353	NA	11	rPt-390526	4R
12	rPt-505672	4R	12	rPt-9258	4R
13	rPt-389599	4R	13	rPt-506089	4R
14	rPt-506134	4R			
15	rPt-401848	4R			
16	rPt-508878	NA			
17	rPt-399265	4R			
18	rPt-389455	4R			
19	rPt-389652	NA			
20	rPt-507628	4R			
21	rPt-390409	4R			

22	rPt-505810	NA			
23	rPt-508766	NA			
24	rPt-389935	NA			
25	rPt-401713	4R			
26	rPt-508131	NA			
27	rPt-398666	NA			
28	rPt-401450	NA			
29	rPt-400706	NA			
30	rPt-398695	NA			
31	rPt-509586	NA			
32	rPt-389507	NA			
33	rPt-411376	4R			

NA – nie przypisane do żadnego chromosomu

Zadanie 3. Określenie frekwencji genotypów dopełniających dla cytoplazmy C w populacjach żyta.

Ogółem w doświadczeniu polowym oceniono 795 pojedynków (tab.4). Najwyższą możliwą ocenę – 9 w skali bonitacyjnej, otrzymało 493 spośród nich (62% badanej grupy roślin). We wszystkich badanych populacjach udział roślin męskopłodnych pozostawał na zbliżonym poziomie około 80%. W obrębie klas roślin częściowo płodnych i męskosterylnych również nie obserwowano znacznego zróżnicowania między populacjami. Najmniej roślin męskosterylnych było u mieszańców z populacjami Szk.26 i Szk.84 (nieco poniżej 11%), najwięcej u mieszańca z populacją Szk.89 (około 13%). Żadna z ocenianych roślin nie została zaliczona do klasy o najgłębszych objawach męskiej sterylności (1 w skali bonitacyjnej Geigera i Morgensterna). Objawy głębokiej męskiej sterylności (2 w skali bonitacyjnej) zaobserwowano u zaledwie 7 roślin. Pozostałe rośliny męskosterylne miały pylniki niewytwarzające pyłku, ale względnie dobrze wykształcone. Wyniki uzyskane w 2012 roku są bardzo zbliżone do otrzymanych w poprzednim sezonie wegetacyjnym, co z jednej strony potwierdza poprawność ocen wykonanych

rok wcześniej, a jednocześnie wskazuje na względną stabilność objawów fenotypowych męskiej sterility u roślin żyta z cytoplazmą C.

Tabela 4

Płodność mieszańców między męskosterylnym źródłem CMS-C, a hodowlanymi populacjami żyta ozimego (liczebność roślin w poszczególnych klasach fenotypowych).

Populacja	Męskosterylne			Częściowo płodne			Męskopłodne			Suma
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
Szk.26	0	1	8	2	1	7	6	11	60	96
Szk.84	0	1	29	4	7	14	12	31	195	293
Szk.85	0	1	25	12	8	11	11	17	135	220
Szk.89	0	4	20	12	6	4	13	24	103	186
<b>Ogółem</b>	<b>0</b>	<b>7</b>	<b>82</b>	<b>30</b>	<b>22</b>	<b>36</b>	<b>42</b>	<b>83</b>	<b>493</b>	<b>795</b>

W badaniach polowych tego rodzaju zalecana jest weryfikacja objawów fenotypowych w co najmniej trzech środowiskach. Analiza tych samych genotypów jest niemożliwa, ale kolejną serię roślin trzech kombinacji mieszańców (spośród czterech badanych w latach 2011 i 2012) przewidziano do oceny w sezonie wegetacyjnym 2012/13 (czwarty mieszaniec nie będzie mógł być oceniony z powodu braku odpowiedniej ilości nasion).

#### Zadanie 4. Ocena efektu heterozji u mieszańców żyta z cytoplazmą C.

Żaden z mieszańców badanych w doświadczeniu jednopowtórzeniowym w czterech miejscowościach nie dorównywał odmianie wzorcowej pod względem poziomu plonowania (tab.5). Mieszaniec z udziałem linii S242C/10B posiadającej cytoplazmę C plonował na przeciętnym poziomie, lepiej od badanych w doświadczeniu odmian populacyjnych, ale gorzej od dwóch odmian mieszańcowych i kilkunastu mieszańców eksperymentalnych opartych o linie z cytoplazmą P. Pozostałe badane cechy agronomiczne mieszańca linii S242C/10B też nie odbiegały znacząco od średnich dla całego doświadczenia. Jedynie odporność na rdzę brunatną była nieco lepsza niż u większości badanych mieszańców i odmian. W doświadczeniu badano też mieszańce z udziałem tego samego męskosterylnego mieszańca między siostrzanymi liniami [585/92-1-2(C) x 585/92-6-1]F1 oznaczonego w tabeli 5 jako Z092258. Został on zapyłony pyłkiem trzech populacji żyta, a uzyskane w ten sposób mieszańce były najslabiej plonującymi obiektami doświadczenia wykazującymi słabą odporność na rdzę brunatną (tab.5).

Cechy rolnicze oceniane w doświadczeniach polowych były ze sobą słabo skorelowane, ale najwyższy (istotny statystycznie) współczynnik korelacji odnotowano dla zależności między plonem ziarna i odpornością na rdzę brunatną (tab.6). Nieco słabszy związek występował między odpornością na rdzę brunatną, a wyleganiem. Pozostałe współczynniki korelacji były nieistotne statystycznie.

W drugim z przeprowadzonych doświadczeń polowych na ocenę ogólnej zdolności kombinacyjnej badano sześć linii wsobnych z cytoplazmą C oraz czwartego mieszańca, do otrzymania którego wykorzystano obiekt Z092258 i kolejną populację żyta (tab.7). Z uwagi na ograniczoną ilość posiadanych nasion doświadczenie przeprowadzono w dwóch miejscowościach. Podobnie jak w przypadku poprzedniego doświadczenia, najslabiej plonującym obiektem w całym doświadczeniu okazał się mieszaniec z udziałem linii 585/92-1-2(C) i 585/92-6-1. Obie badane linie zostały wyhodowane około 20 lat temu, więc różnice między nimi, a innymi badanymi w doświadczeniach liniami z cytoplazmą C, w pewnym stopniu odzwierciedlają postęp, jaki uzyskano w hodowli opartej o system CMS-C w ostatnich kilkunastu latach. Sześć pozostałych obiektów doświadczalanych z cytoplazmą C plonowało na zróżnicowanym poziomie. Linie ZUT 091809, ZUT091796 i S232C/10B plonowały słabo, obiekty ZUT091797 i ZUT091734 były przeciętne, a ZUT091737 należał do najlepiej plonujących w doświadczeniu – lepiej od większości mieszańców liniowo-populacyjnych (poza mieszańcami trójliniowymi tylko trzy mieszańce liniowo-populacyjne były plenniejsze).

Wszystkie linie z cytoplazmą C, które zostały wychodowane w Zachodniopomorskim Uniwersytecie Technologicznym charakteryzowały się słabą odpornością na rdzę brunatną. Wydaje się jednak, że nie jest to efekt obecności cytoplazmy C, a źródeł genetycznych wykorzystywanych w hodowli. Dwie z badanych linii z cytoplazmą C, które zostały wyhodowane w Hodowli roślin DANKO Sp. z o.o. dawały mieszańce o mniejszej podatności na porażenie przez rdzę brunatną (tab.5 i 7).

Tabela 5

Plon ziarna oraz inne cechy użytkowe mieszańców F<sub>1</sub> zaobserwowane w doświadczeniu z mieszańcami żyta założonym metodą wzorcową w czterech miejscowościach. Pogrubioną czcionką zaznaczono mieszańce z CMS-C.

Lp.	Nazwa mieszańca	Plon	Plon [% wz.]	Termin kłoszenia [dni od 1 maja]	Wysokość [cm]	Wyleganie	Rdza brunatna	Mączniak
1	MINELLO_D	97,65	95,49	11	132,67	5,75	6,33	7
2	MINELLO_OB..	92,3	95,09	10,67	130	4	5,33	6
3	NS_12P/10A	87,3	89,83	9,67	136,67	5,5	5	5,5
4	S_265P/10A	89,7	88,92	8	127	6,5	5	6,5
5	CSIN_90*SZK.75	87,6	87,22	9,33	126	7	5,33	8
6	CSIN_90*SZK.91	88,35	87,06	9,67	127,67	7,5	4,67	7,5
7	CSIN_90*SZK.73	84,25	87,02	8,33	127,33	6	5	6,5
8	S_391/10A	83,15	85,75	8	128,33	6,5	5	6
9	CSIN_90*SZK.63	85,35	85,29	8,67	130	6,5	4,67	7,5
10	S_402P/10A	84	85,09	8,33	124,33	6,5	6,67	5
11	LS_144P/10B	85,45	84,57	8	133,67	6,25	4,33	6,5
12	NS_50P/10A	85,65	83,99	10	131,33	7	4	7
13	S_400P/10A	82,55	83,74	8	128,33	5,75	6	6
14	S_454P/10A	82	83,54	10	129,67	7,75	6	7,5
15	NS_102P/10A	85,15	83,1	9,33	129,33	7,75	3,67	8
16	NS_32P/10A	82,15	82,07	9	129,67	6,5	3,67	6,5
17	GRADAN_HOD	82,9	81,86	9,67	127,67	7,75	4,33	7,5
18	NS_93P/10A	79,85	81,4	8,67	131,67	6,25	5,67	7,5
19	<b>S242C/10B</b>	<b>83</b>	<b>81,32</b>	<b>9,67</b>	<b>133,67</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>7</b>
20	D.AGAT	81,45	81,27	8,33	134	5,75	4,67	6,5
21	S_354P/10A	81,6	81,15	9,67	128,67	7	4,67	6
22	LS_165P/10B	81,65	81,05	9,33	128,67	4,75	5,33	7
23	NS_09P/10A	82,5	80,89	9,33	136,33	6,5	3	6,5
24	NS_17P/10A	83,6	80,83	9,33	133,67	6,25	3	7
25	LS_206P/10A	77,45	80,78	8,67	127	5,75	3,33	6,5
26	NS_84P/10A	79,75	80,54	8	122,67	6,5	2,67	6,5
27	NS_88P/10A	78,85	80,29	7,67	127,33	6	3,67	6
28	NS_92P/10B	80,9	80,25	10,67	126	6,5	4,33	6,5
29	GRADAN_PROD	81,2	80	9,33	127,33	6,75	3,33	6
30	NS_85P/10A	79,15	79,96	8,33	125	7,75	3,33	7,5
31	D. DIAMENT	78,65	78,75	9,33	132,33	5,5	5	7,5
32	NS_55P/10B	76,8	78,31	8,67	132,67	5	5	7,5
33	NS_42P/10A	78,15	78,31	9,67	129	6,25	3,33	7
34	LS_176P/10B	79,65	77,81	9,67	129,33	4,75	5	6,5
35	NS_95P/10A	76,85	77,75	8,33	128	6,75	4	6
36	NS_83P/10A	77,4	76,92	7,67	123,67	6	3,33	5,5

37	NS_106P/10A	77,75	75,27	9,33	131,33	6,75	3	5,5
38	NS_109P/10A	74,95	74,89	9,33	124,67	7	4	6,5
39	NS_105P/10A	76,25	74,8	9	125,67	7,75	3	6
40	D.AMBER	73,9	73,67	8	135	6,25	5,33	6,5
41	S_259P/10A	71	72,79	9	132,33	7,75	3,67	6
42	S_292P/10A	73	72,15	9,67	126,67	6,5	4,67	6
43	<b>Z092258*SZK.75</b>	<b>71,65</b>	<b>70,96</b>	<b>10,67</b>	<b>136</b>	<b>6,75</b>	<b>3,67</b>	<b>8</b>
44	<b>Z092258*SZK.91</b>	<b>70,4</b>	<b>69,82</b>	<b>9,33</b>	<b>137,33</b>	<b>7,25</b>	<b>3,33</b>	<b>6,5</b>
45	<b>Z092258*SZK.73</b>	<b>70,75</b>	<b>69,65</b>	<b>9</b>	<b>131,33</b>	<b>6,5</b>	<b>4,33</b>	<b>8</b>
Średnia ogólna		80,97		9,1	129,71	6,42	4,41	6,67
Średnia dla wzorca Brasetto F1		100,32		9,83	128,58	5,38	4,75	6,42

Tabela 6

Współczynniki korelacji między plonem ziarna i innymi cechami użytkowymi ocenianymi w doświadczeniu polowym prowadzonym w czterech miejscowościach.

CECHA	Plon	Kłoszenie	Wysokość	Wyleganie	Rdza brunatna
<b>Kłoszenie</b>	0,0632				
<b>Wysokość</b>	-0,1568	0,2904			
<b>Wyleganie</b>	-0,2738	0,1159	-0,1447		
<b>Rdza brun.</b>	0,4164**	0,1055	0,2019	-0,3946**	
<b>Mączniak</b>	-0,0947	0,2194	0,1468	0,2155	-0,1778

\*\* - statystycznie istotne przy  $P < 0,01$

Tabela 7

Cechy użytkowe mieszańców F<sub>1</sub> oceniane w 2-powtórzeniowym doświadczeniu z mieszańcami żyta założonym w trzech miejscowościach.

Lp.	Nazwa mieszańca	Plon	Plon [% wz.]	Termin kłoszenia [dni od 1 maja]	Wysokość [cm]	Wyleganie	Rdza brunatna	Mączniak
1	MINELLO_D.	107,7	112,78	9	138	3,5	6	8
2	S_415P/10A	100,6	109,74	6	144	5	7	8
3	NS_01P/10A	97,4	95,69	7	145	8	2	6
4	MINELLO_OB..	97	94,57	8	140	2,5	6	6
5	S_406P/10A	94,8	90,31	5	142	5	5	8
6	<b>ZUT091737</b>	<b>86,3</b>	<b>90,09</b>	<b>6</b>	<b>147</b>	<b>6,5</b>	<b>3</b>	<b>8</b>
7	NS_31P/10A	88,9	87,46	7	138	5	1	6
8	NS_05P/10A	84,4	86,66	7	140	7,5	2	7
9	S_139P_/10B	88,5	85,47	6	140	3,5	3	8
10	NS_68P/10A	90,4	85,46	6	130	3,5	4	6
11	GRADAN_PROD	86,6	85,17	6	141	5	3	7
12	NS_52P/10B	88,8	84,6	8	144	4	3	8
13	NS_02P/10A	91,2	84,54	6	130	5	2	7
14	NS_49P/10A	85,7	83,97	6	142	4,5	2	7
15	NS_67P/10A	87,6	83,81	8	142	5,5	1	6
16	NS_94P/10A	86,8	83,75	5	140	5,5	6	6
17	NS_41P/10A	79,6	83,53	5	144	8,5	1	8
18	NS_97P/10A	85,3	83,24	5	142	5,5	2	6
19	NS_16P/10A	77,9	83,15	6	140	5	2	7
20	NS_04P/10A	86,2	82,84	6	140	6	3	6
21	NS_27P/10A	79,1	82,46	6	138	5	2	7
22	NS_45P/10A	86	81,91	7	146	4,5	3	5
23	NS_03P/10A	91,4	81,36	6	138	8	1	6
24	S_394P/10A	85,8	80,18	8	140	5	6	5
25	<b>ZUT091797</b>	<b>81,2</b>	<b>79,71</b>	<b>7</b>	<b>145</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>8</b>
26	S_468P/10A	80,5	79,2	7	136	5,5	5	7
27	<b>ZUT091734</b>	<b>80,6</b>	<b>78,98</b>	<b>7</b>	<b>146</b>	<b>5,5</b>	<b>3</b>	<b>7</b>
28	NS_96P/10A	86,1	78,41	6	146	6	3	6
29	NS_46P/10A	83,3	78,34	5	140	5	3	7
30	NS_61P/10A	79,1	78,26	6	133	8,5	3	5
31	NS_36P/10A	82,1	77,64	7	135	5,5	1	8
32	NS_108P/10A	83,3	77,6	6	135	5,5	4	8
33	GRADAN_HOD	77,5	77,42	7	138	5	2	8
34	LS_235P/10B	81,7	76,88	7	138	4,5	2	8
35	NS_06P/10A	79,2	76,77	6	138	6	2	6
36	<b>S_232C_/10B</b>	<b>82,9</b>	<b>76,72</b>	<b>7</b>	<b>138</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>7</b>
37	NS_37P/10A	80,7	76,72	5	138	5,5	2	7
38	S_384P/10A	79,4	76,05	7	140	4,5	4	7
39	<b>ZUT091796</b>	<b>78,2</b>	<b>75,91</b>	<b>8</b>	<b>144</b>	<b>5,5</b>	<b>2</b>	<b>7</b>
40	NS_82P/10A	81,1	74,85	5	136	6,5	2	7
41	LS_239P/10A	81,2	74,44	7	145	5,5	1	6
42	NS_23P/10A	80,7	73,3	6	142	5,5	2	7
43	<b>ZUT091809</b>	<b>75,4</b>	<b>73,03</b>	<b>6</b>	<b>144</b>	<b>6,5</b>	<b>2</b>	<b>8</b>
44	NS_62P/10A	75,5	71,91	7	128	7,5	2	5
45	<b>Z092258*SZK.63</b>	<b>72,7</b>	<b>71,27</b>	<b>7</b>	<b>142</b>	<b>6,5</b>	<b>2</b>	<b>8</b>
	Średnia ogólna	84,81		6,47	139,96	5,54	2,89	6,87
	Średnia wzorca (Brasetto F1)	101,66		8,33	138,58	3,54	3,83	7,08

W celu kontynuowania badań w kolejnych sezonach wegetacyjnych założono w sezonie 2011/2012 izolowaną szkółkę top-crossową z odmianą Walet jako testerem, w której formami matecznymi było 16 linii męskosterylnych z cytoplazmą C. Ilości zebranych ziaren pozwoliły na założenie w sezonie 2012/2013 doświadczeń polowych z 13 mieszańcami w trzech lokalizacjach oraz dodatkowymi dwoma mieszańcami w dwóch lokalizacjach.

Ziarno 28 męskosterylnych linii z cytoplazmą C wysiano jesienią 2012 roku w izolowanej szkółce typu top-cross w celu wytworzenia nasion mieszańcowych niezbędnych do założenia doświadczeń polowych sprawdzających ogólną zdolność kombinacyjną w kolejnym sezonie wegetacyjnym.

**Celem badań jest** opracowanie bazy teoretycznej pozwalającej na szersze niż dotąd wykorzystanie cytoplazmy CMS-C w hodowli odmian mieszańcowych żyta ze szczególnym uwzględnieniem aspektów mających bezpośrednie znaczenie w pracach hodowlanych.

Zatwierdzony harmonogram na rok 2012 przewidywał wykonanie prac badawczych w ramach następujących długookresowych zadań:

Zadanie 1. Określenie lokalizacji chromosomowej pobocznych genów męskiej jałowości w systemie CMS-C.

Zadanie 2. Poszukiwanie nowych markerów molekularnych oraz ocena przydatności znanych markerów molekularnych do selekcjonowania genotypów dopełniających.

Zadanie 3. Określenie frekwencji genotypów dopełniających dla cytoplazmy C w populacjach żyta.

Zadanie 4. Ocena efektu heterozji u mieszańców żyta z cytoplazmą C.

**Harmonogram prac w bieżącym roku sprawozdawczym był** realizowany zgodnie z planem