

## I. Streszczenie

Celem badań było przeprowadzenie charakterystyki zmienności nowej kolekcji linii RILs łubinu wąskolistnego (*L. angustifolius* L.) pod względem cech morfologicznych, wybranych elementów struktury plonu, a także parametrów jakościowych nasion (zawartość białka i tłuszczu). W niniejszej pracy wykorzystano 108 linii pochodzącej z kolekcji własnej Katedry Genetyki Hodowli Roślin i Nasiennictwa. Linie otrzymano przez skrzyżowanie linii Lae-1 z 'Emir', co stanowiło odwrotny układ krzyżowania w stosunku do istniejącej już populacji mapującej „ExL”. Doświadczenie prowadzono przez trzy sezony wegetacyjne w Stacji Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział Przebędowo. Otrzymane wyniki opracowano statystycznie, a dla poszczególnych cech obliczono wartości średnie, minimalne i maksymalne oraz współczynnik zmienności. Sporządzono histogramy rozkładu, a ponad to obliczono współczynnik korelacji między badanymi cechami. W pracy wykorzystano również metodę analizy składowych głównych PCA, w celu wyodrębnienia cech, które wnoszą największą zmienność.

Obliczone współczynniki korelacji wskazują na istotne zależności pomiędzy takimi cechami jak: długość kwiatostanu a liczba okółków, długość kwiatostanu a liczbą zawiązywanych strąków oraz pomiędzy wysokością pędu głównego a wysokością całej rośliny. U badanych obiektów stwierdzono dużą zmienność liczby okółków na pędzie głównym (50,5%), liczby zawiązanych strąków na pędzie głównym (48,1%) oraz liczby zawiązanych strąków na pędzie bocznym (49,1%). Z kolei niewielką zmienność zaobserwowano w zawartości białka (4,8%) i tłuszczu (5,3%), a także wysokości pędu głównego (4,5%) oraz wysokości całej rośliny (4,8%). Spośród wszystkich badanych linii RILs pochodzących z populacji Lae-1 x 'Emir' wytypowano linie - 332, 268, 324 i 333. Linie te mogą być przydatne jako materiał wyjściowy do hodowli z uwagi na wysoką zawartość białka i tłuszczu. Zebrane dane z niniejszych badań posłużą do dalszej selekcji, a w przyszłości ułatwią wykorzystanie tej nowej populacji mapującej do badań genetycznych.

Celem drugiej części pracy było zbadanie możliwości otrzymywania roślin haploidalnych na drodze androgenezy oraz wykorzystania pyłku obcego – *Lupinus luteus* L. do metody krzyżowania oddalonego. Ostatnim elementem było zbadanie możliwości otrzymania kilku pokoleń w ciągu jednego roku za pomocą techniki SSD (single seed descent). Do wszystkich doświadczeń użyto cztery genotypy łubinu wąskolistnego ('Emir', 'Graf', 'Karo' i Lae-1). Przed rozpoczęciem indukcji procesu androgenezy, oceniono stadium rozwojowe zebranych losowo pąków. Do indukcji rozwoju mikrospor wykorzystano podłoże

B5 oraz B5 + 0,5 mg·dm<sup>-1</sup> BA. Obserwacje wykonywano co 7 dni przez cztery tygodnie. Na podstawie analizy wyników badań stwierdzono, że genotyp, termin oraz pożywka wpłynęły znacząco na rozwój mikrospor. Ponadto najczęściej struktur wielokomórkowych odnotowano u ‘Graf’ na podłożu B5 oraz B5+0,5 mg dm<sup>-1</sup> BA i u ‘Karo’ na podłożu B5.

Jako donora pyłku do krzyżowania roślin wykorzystano trzy genotypy łubinu żółtego (500, 501 i Przebędowo). Uzyskane zalążki zostały wyłożone na trzy różne podłoża hodowlane (B5, NLN, ML6). Na podstawie zebranych wyników z obserwacji rozwoju zalążków przeprowadzono trójczynnikiową analizę wariancji. Zarówno ‘Emir’ jak i ‘Karo’ charakteryzowały się największą ilością zalążków z widocznymi zmianami po 30 dniach od założenia kultury.

Do techniki SSD pobrano strąki w dwóch terminach (14 i 28 dni), a następnie wyłożono na pożywce B5 i B5 +2,0 mg·dm<sup>-1</sup> BA + 0,1 mg·dm<sup>-1</sup> IBA. Zarodki zygotyczne zebrane po 28 dniach od kwitnienia podjęły regenerację, a następnie przekształciły się w rośliny. Zastosowana metoda SSD pozwoliła na otrzymanie trzech pokoleń łubinu wąskolistnego w ciągu jednego roku.