

Mieczysław Rozmus

OSIĄGNIĘCIA CYTOGENETYKI W HODOWLI ZBÓŻ

Wielki postęp w cytogenetyce na przestrzeni ostatnich kilkudziesięciu lat, a zwłaszcza rozwój nowej jej gałęzi to jest cytogenetyki eksperymentalnej, dysponującej najnowszymi osiągnięciami z dziedziny fizyki i chemii otworzył nowe możliwości dla hodowli zbóż. Chodzi w tym przypadku o uszlachetnianie odmian już istniejących oraz tworzenie nowych, wartościowych odmian dla przyszłości.

Drogi otrzymywania nowych odmian są różne [3, 8, 27, 28, 29] jedną z nich jest krzyżowanie roślin. Krzyżowania prowadzone są bądź to pomiędzy odmianami w obrębie danego gatunku, bądź też międzygatunkowe, względnie międzyrodzajowe. Przed przystąpieniem do krzyżowań formy rodzicielskie winny być poddane gruntownej analizie cytologicznej [2, 28, 35, 38] Analiza ta ma na celu ustalenie liczby chromosomów, opracowanie ich morfologii, a ponadto zbadanie sposobu koniugacji chromosomów w mejozie, dla uchwycenia ewentualnych zmian strukturalnych chromosomów badanych kariotypów. Wiadomo bowiem z literatury naukowej [2, 3, 8, 28, 35, 36] i praktyki hodowlanej, że niezgodność w liczbie chromosomów prowadzi często do obumierania zarodków we wczesnych stadiach rozwojowych, a tym samym do obniżenia procentu zawiązaných ziarniaków. Przyczyny braku zawiązywania ziarniaków są różne [8, 27, 28, 29, 40, 41]; jedną z nich jest zahamowanie procesu kiełkowania ziarna pyłku na znamieniu słupka, w związku z tym nie tworzy się łagiewka pyłkowa i nie może dojść do zapłodnienia. Z takimi zjawiskami spotykamy się dość często gdy normalny stosunek liczby genomów ziarna pyłku do liczby genomów komórek słupka zostaje zakłócony. Prawidłowy stosunek wynosi 1 : 2. Natomiast przy krzyżowaniu form diploidalnych z tetraploidalnymi, gdy organizm żeński użyty jest jako komponent żeński, ziarna pyłku pochodzące od formy tetraploidalnej mają tę samą liczbę chromosomów co tkanka słupka, na której podłożu kiełkują. Występuje tu zatem stosunek 1 : 1. Taki stosunek stanowi niejednokrotnie

przeszkodę dla kiełkowania łagiewki. W przypadku krzyżowania przeciwnego ziarna pyłku są haploidalne zaś tkanka słupka tetraploidalna, co daje również anormalny stosunek 1 : 4. Jednakże to odchylenie od normalnego stosunku okazuje się według badań Watkinsa, Kihary, Nishyamy oraz Müntzinga mniejszą przeszkodą dla kiełkowania łagiewek niż zgodność liczby chromosomów. Przeprowadzone badania dotyczące swobodnego krzyżowania się żyta diploidalnego z tetraploidalnym wykazały również, że ziarniaki triploidalne powstawały tylko wtedy, kiedy matką była odmiana tetraploidalna. Na ogół jednak u zbóż zjawiska te odgrywają mniejszą rolę, bowiem stosunkowo często dochodzi do zapłodnienia, niezależnie od kierunku krzyżowania form o różnych liczbach kompleksów chromosomowych. Zdarza się natomiast, że spotkanie się w zygocie niezrównoważonych jakościowo i ilościowo zespołów chromosomów obu partnerów prowadzi do bardzo wczesnego obumierania zarodków [27, 28, 29]. W przypadkach niezrównoważenia ilościowego, dotyczącego liczby genomów zakłócony zostaje prawidłowy stosunek liczby genomów zarodka do liczby genomów endospermy, wynoszący 2:3 w przypadku krzyżowania form o jednakowym stopniu ploidalności. Gdy natomiast krzyżuje się formę diploidalną z tetraploidalną wynosi on 3 : 4, gdy komponentem żeńskim jest organizm diploidalny, a 3 : 5, gdy matką jest forma tetraploidalna. Przy krzyżowaniu organizmów hexaploidalnych z tetraploidalnymi stosunek ten wynosi 5 : 7, gdy matką jest tetraploid zaś 5 : 8 w przypadku gdy organizm męczyński jest hexaploidem. Oczywiście jest, że większe szanse otrzymania mieszańców są wtedy, kiedy stosunek ten jest bliższy stosunkowi charakterystycznemu dla organizmów o jednakowej liczbie genomów.

Przyczyną anormalnego rozwoju organizmu mieszańcowego może być naruszenie stosunku pomiędzy liczbą genomów zarodka, endospermy i tkanką macierzystą, w której zarodek się rozwija [9, 35, 36, 38]. U diploidów stosunek ten wynosi 2 : 3 : 2, natomiast przy skrzyżowaniu organizmu diploidalnego z tetraploidalnym otrzymuje się stosunek 3 : 5 : 4, gdy roślina macierzysta jest tetraploidem i 3 : 4 : 2 gdy jest ona diploidem. Zakłócenia te nie wykluczają wprawdzie możliwości rozwojowych zarodka, jednakże w wielu przypadkach prowadzą do jego degeneracji. Z powyższego wynika, że zarówno znajomość liczby chromosomów partnerów rodzicielskich, jak i ich morfologii może wskazać hodowcy w jakim kierunku należy prowadzić krzyżowania i pozwoli przewidzieć, które krzyżówki dają szanse uzyskania potomstwa, a ponadto daje pewne informacje odnośnie płodności uzyskanych mieszańców. Zarówno w przypadku krzyżowań w obrębie gatunku, jak przy krzyżowaniach międzygatunkowych i międzyrodzajowych mamy do czynienia z powstaniem nowego typu kariologicznego, który w zależności od doboru komponentów rodzicielskich zawiera parzystą względnie nieparzystą liczbę ge-

nomów. W jednym i drugim przypadku powstałe osobniki mieszańcowe może cechować słaba płodność lub całkowita bezpłodność, wynikająca albo z nieprawidłowej koniugacji chromosomów w mejozie, lub też w przypadku krańcowej obecności kompleksów z asyndezy [2, 3, 26, 35]. Płodność mieszańców o parzystej liczbie genomów i znacznym powinowactwie chromosomów można niekiedy poprawić na drodze selekcji cytologicznej, prowadzonej w kierunku wyboru form o regularnej mejozie [2, 3, 27, 28]. Natomiast w przypadkach znacznej odrębności genomów i nieparzystej ich liczby, uzyskanie płodnych mieszańców jest możliwe na innej drodze, a mianowicie na drodze podwojenia liczby chromosomów. Prowadzi to do syntezy form allopoliploidalnych. Jeżeli odrębność genomów jest bardzo wyraźna powstaje typ poliploidów określanych jako tak zwane amfidiploidy; cechują się one regularną mejozą i wysoką płodnością. Natomiast przy mniejszej odrębności genomów powstać mogą allopoliploidy segmentalne [2, 3, 8, 27, 35].

W oparciu o badania cytologiczne i genetyczne syntetyzowane są obecnie liczne allopoliploidy zbóż. Cel tych prac jest wieloraki. Jedne z nich polegają na rekonstrukcji gatunków już istniejących w uprawie, chodzi tu o porównanie genomów domniemyanych, dzikich form rodzicielskich z genomami będącego w uprawie gatunku.

Przeprowadzona rekonstrukcja *Triticum aestivum*, z *Triticum monococcum* o genomie AA, *Aegilops speltoides* o genomie BB oraz *Aegilops squarrosa* o genomie DD ujawniła, że zawarte w naszych uprawnych pszenicach genomy A, B, D nie są identyczne z genomami zawartymi w dzikich gatunkach rodzicielskich. Różnice pomiędzy nimi mają charakter genowy; dotyczą one wielu cech, między innymi odporności na różne rasy rdzy, wartości przeziarnkowej i wypiekowej, oraz niektórych cech morfologicznych. Stwierdzenie takich różnic ma bardzo istotne znaczenie dla hodowli, wskazuje bowiem na źródła pewnych genów, niezbędnych dla wyprowadzenia odmian wartościowych [3, 26].

Osobną grupę stanowią badania dotyczące syntezy nowych, nie istniejących w naturze gatunków allopoliploidalnych. W badaniach tych chodzi o wykorzystanie źródeł genowych, tkwiących w gatunkach dzikich. Syntezy dokonuje się w oparciu o znajomość genomów gatunków rodzicielskich. Lista uzyskanych dotąd syntetycznych form zbóż jest bardzo duża; dla przykładu wymienić można *Triticum aegilopoides* X *Aegilops squarrosa*, *Triticum durum* X *Aegilops squarrosa*, *Triticum durum* X *Secale cereale*, *Triticum turgidum* X *Secale cereale*, *Triticum turgidum* X *Aegilops squarrosa*, *Haynaldia villosa* X *Triticum dicoccum*, *Triticum polonicum* X *Secale montanum* i wiele innych. Liczne spośród takich syntetycznych form a zwłaszcza różne typy *Triticale* wykazują cały szereg korzystnych z punktu widzenia hodowli cech; posiadają bowiem dorodne ziarno, wysoki plon, dobrą krzewistość, odpor-

ność na wyleganie, uwarunkowaną grubym źdźbłem i dobrze rozwiniętym systemem korzeniowym, a ponadto większą odporność na choroby grzybowe. Formy te są albo amfidiploidami o liczbie chromosomów $2n=42$, powstałymi przez krzyżowanie pszenic tetraploidalnych, a wśród nich *Triticum durum* z diploidalnym żytem, a następnie podwojenie liczby chromosomów, albo oktoploidami o liczbie chromosomów $2n=56$. Oktoploidy uzyskano na drodze krzyżowania pszenic hexaploidalnych, pszenic z żytem diploidalnym, a następnie podwojenia liczby chromosomów [3, 8, 35].

Badania nad przebiegiem mejozy u takich form syntetycznych wykazały, że nie zawsze przebiega ona prawidłowo; wynika to z częściowej niezgodności genomów ABR i prowadzi do powstania niezrównoważonych cytologicznie gamet, a następnie do zróżnicowania potomstwa na osobniki o różnym stosunku liczbowym chromosomów pszenicy do chromosomów żyta. Spośród potomstwa tych roślin zdołano wyodrębnić 7 grup osobników o jednej, w każdej grupie innej parze chromosomów żytnich obok dwudziestu par chromosomów pszenicy. Uzyskanie zestawu takich form oraz wyprowadzenie przez Searsa i Rileya [23, 24, 25, 26, 31, 32, 33, 34] 21 linii monosomicznych pszenicy stworzyło doskonałe podstawy do dalszych badań genetycznych zarówno pszenicy jak i żyta.

Rośliny monosomiczne zapylane wsobnie dają potomstwo disomiczne, monosomiczne i nullisomiczne, w stosunku nieco odmiennym od poszczególnych chromosomów. Widać więc, że seria linii monosomicznych stanowi materiał wyjściowy dla serii nullisomicznej. Takie linie nullisomiczne mają również zastosowanie w badaniach genetycznych, bowiem jeśli jakaś cecha uwarunkowana jest przez gen lub geny dominujące, zlokalizowane w określonym chromosomie, to nie ujawni się ona z rośliny nullisomicznej pod względem tej pary chromosomów. Przy użyciu tych linii stwierdzono, że chromosomy pary XVI pszenicy są nosicielami genów warunkujących czerwoną barwę ziarniaków, zaś chromosomy pary VIII i X są nosicielami dominujących inhibitorów rozwoju ości. Linie te wykorzystywane są do określenia położenia większości pojedynczych genów dominujących u różnych hexaploidalnych pszenic. Dokonuje się tego przez krzyżowanie badanej odmiany z każdą z 21 linii nullisomicznych. O lokalizacji genu wnosi się na podstawie analizy rozszczepienia zachodzącego w F_2 . W pokoleniu tym wystąpią osobniki disomiczne, monosomiczne i nullisomiczne. Jeżeli wszystkie rośliny nullisomiczne w pokoleniu F_2 danej kombinacji krzyżówkowej nie wykazują badanej cechy dominującej, wnosimy wówczas, że warunkujące ją geny zlokalizowane są w brakującej parze chromosomów. Na tej drodze udało się stwierdzić, że w chromosomach I pary zlokalizowane są geny warunkujące zbitość kłosa, zaś w parze X dominujące i dopełniające się geny odporności na 56 rasę rdzy źdźbłowej. Przykładów można by przytoczyć więcej [10, 11, 12, 23, 33, 34].

Zarówno linie nullisomiczne jak i linie monosomiczne wykorzystywane są również dla uzyskania form substytucyjnych, czyli form z podstawionym, określonym chromosomem. Chodzi tu z jednej strony o określenie efektu przenoszenia określonych chromosomów danej odmiany czy gatunku do określonego genotypu, z drugiej zaś strony o podstawienie chromosomu do jakiejś wartościowej skądinąd odmiany po stwierdzeniu, że chromosom ten jest nośnikiem jakiejś znanej wartościowej cechy, np. odporności na jakąś chorobę. Aby wprowadzić żądane chromosomy do jakiejś odmiany trzeba najpierw uzyskać całą serię linii monosomicznych tej odmiany. Osiąga się to drogą krzyżowań tej odmiany z każdą ze standartowych linii nullisomicznych [26]. Następnie, również drogą krzyżowań wprowadza się żądany chromosom w miejsce brakującego chromosomu. Jak chodzi o określenie efektów przenoszenia poszczególnych chromosomów danej odmiany czy gatunku do określonego genotypu, to cel ten osiąga się krzyżując daną odmianę czy gatunek z każdą z linii monosomicznych gatunku czy odmiany o znanym uprzednio genotypie.

Badania nad mejozą i żywotnością pyłku form monosomicznych wykazały, że pyłek pozbawiony jakiegos chromosomu jest na ogół mniej żywotny od pyłku o prawidłowej liczbie chromosomów i nie wytrzymuje jego konkurencji, stąd też do przenoszenia monosomiczności najlepiej używać linii monosomicznych jako komponentów żeńskich [3, 23, 26].

Z powyższego wynika, że przy użyciu omawianych linii możemy zbadać efekty genetyczne każdego z chromosomów jakiejś odmiany, a ponadto każdy z chromosomów tej odmiany może być zastąpiony chromosomem z innej odmiany czy gatunku dla wywołania określonych efektów genetycznych.

Inną grupę aneuploidów wykorzystywanych w praktyce hodowlanej dla celów genetycznych stanowią tak zwane linie trisomiczne o liczbie chromosomów $2n + 1$. Jeżeli w somatycznym kompleksie chromosomowym takiego organizmu występuje jeden chromosom nadliczbowy, homologiczny z chromosomami jednej z par, wówczas organizm taki nazywany trisomikiem pierwotnym. Jeżeli natomiast chromosom nadliczbowy jest izochromosomem o dwu identycznych ramionach, wtedy organizm ten określamy mianem trisomika wtórnego. Ponadto znane są trisomiki trzeciego rzędu, u których chromosom nadliczbowy utworzony jest z części dwóch niehomologicznych chromosomów [1, 16, 17, 22]. Linie trisomiczne uzyskuje się na ogół w wyniku segregacji niezrównoważonych zespołów chromosomów roślin triploidalnych. Jak dotąd pełny zestaw siedmiu linii trisomicznych opracowany został dla jęczmienia przez Takumi Tsuchiya [42, 43, 44]. Chromosom nadliczbowy tych linii przekazywany jest zarówno za pośrednictwem gamet męskich jak żeńskich. Z tym jednak, że pyłek z chromosomem nadliczbowym nie zawsze wytrzymuje konkurencję z pyłkiem o ściśle haploidalnej liczbie chromosomów; stąd też w praktyce linie te używane są przy krzyżowaniu jako formy mateczne.

Linie trisomiczne znalazły zastosowanie w praktyce hodowlanej do prac na lokalizację genów. Dla uzyskania informacji co do lokalizacji danego genu prowadzi się krzyżowania roślin homozygotycznych pod względem badanej cechy z każdą z linii trisomicznych. Uzyskane rośliny trisomiczne pokolenia F_1 zapyła się wsobnie, zaś w pokoleniu F_2 analizuje się rozszczepienia. W przypadku znacznych odchyień od spodziewanych stosunków 3:1 i 1:1 wnioskuje się, że badany gen związany jest z trisomicznym chromosomem [1, 16, 17, 22, 42, 43, 44]. Przy użyciu tych linii prowadzone są obecnie badania nad lokalizacją genu odporności na *Ustilago nuda*. Z przedstawionych danych wynika, że różne typy aneuploidów, a więc nullisomiki, monosomiki i trisomiki pomagają bardzo wydatnie w rozwiązywaniu istotnych problemów genetycznych w hodowli zbóż. Trzeba jednak dodać, że zastosowanie aneuploidów dla rozwiązywania zagadnień genetycznych nastęrcza szeregu trudności. Aneuploidy są niestabilizowane cytologicznie i w związku z tym wymagają stałej kontroli cytologicznej. Kontrola taka jest bardzo czasochłonna, stąd też zbadać można tylko ograniczoną liczbę roślin. Wiadomo również, że efekty genetyczne są bardzo często uzależnione od złożonych współdziałań wielu loci w zespole chromosomowym, stąd też podstawienie danego chromosomu nie zawsze wywołać może te same skutki u różnych genotypów. Podstawienie chromosomów i analiza aneuploidów uwydatniają indywidualne oddziaływanie genów i chromosomów, stąd też byłoby ryzykownym interpretować wyniki uzyskane za pomocą tych metod tam gdzie mamy do czynienia ze współdziałaniem złożonym.

Dalszy postęp w badaniach nad lokalizacją genów stwarza możliwość wykorzystania do tego celu linii translokowanych. Linie takie zostały opracowane przez badaczy amerykańskich Burnhama i Ramage oraz innych dla odmian jęczmienia, a zwłaszcza dla odmiany Bonus i Mars [4, 19, 20, 21, 39]. Translokacje indukowano działaniem promieni X oraz neutronami. Praktyka dysponuje już dużym zestawem takich linii, lecz nie jest on jeszcze kompletny. Wykorzystanie tych linii do badań genetycznych jest wygodniejsze aniżeli stosowanie aneuploidów, bowiem daje możliwość rozróżnienia form heterozygotycznych pod względem translokacji od form homozygotycznych. Formy heterozygotyczne pod względem translokacji są w około 25% sterylne. Ponadto w odróżnieniu od aneuploidów, krzyżowania z liniami translokowanymi mogą być prowadzone w obu kierunkach, ponieważ chromosomy translokowane przenoszone są w tym samym stopniu przez oba typy gamet. Fakt ten ma bardzo istotne znaczenie, zwłaszcza przy wprowadzeniu do programu badań linii męskosterylnych, które rzecz jasna służyć mogą tylko jako matki.

Dostępny obecnie zestaw linii translokowanych wprowadzono już do programu badań nad lokalizacją genu odporności jęczmienia na *Ustilago nuda*. Dla osiągnięcia zamierzonego celu przyjęto następujący kierunek postępo-

wania: przeprowadzenie krzyżowań linii translokowanych, wrażliwych na badaną rasę patogena z odmianą odporną, zawierającą dominujący gen odporności "Jet". Pokolenie F_1 będzie wówczas heterozygotyczne pod względem translokacji, i odporne na badaną rasę patogena. Osobniki tego pokolenia są w 25 procentach sterylne. Natomiast w pokoleniu F_2 w przypadku gdy nie ma sprzężenia, a więc badany gen nie leży na części translokowanej chromosomu winno nastąpić rozszczepienie, wyrażone następującymi stosunkami: stosunek roślin częściowo sterylnych do fertylnych winien wynosić 1 : 1, wśród roślin częściowo sterylnych wystąpią osobniki odporne i wrażliwe również w stosunku 1 : 1, zaś wśród roślin fertylnych stosunek osobników wrażliwych do odpornych ma się jak 3 : 1. W przypadku pełnego sprzężenia, a więc wtedy kiedy badany gen znajduje się na translokowanej części chromosomu wystąpi w F_2 rozszczepienie roślin na częściowo sterylne i fertylne w stosunku 1 : 1, przy czym wszystkie rośliny częściowo sterylne będą odporne, zaś wśród roślin fertylnych wystąpią osobniki wrażliwe i odporne w stosunku 1 : 1. Linie takie mogą być również wykorzystane do lokalizacji innych genów.

Odmiany o określonym, zlokalizowanym genie odporności wykorzystywane są w hodowli jako źródła odporności. Należy dodać, że formy odporne na choroby znajduje się na ogół w pobliżu pierwotnych ośrodków formotwórczych wśród odmian prymitywnych. Odporność form dzikich na choroby, spokrewnionych z uprawnymi jest często związana z gorszymi, dziedziczącymi się w kompleksowy sposób cechami jakościowymi. Fakt ten nie sprzyja szybkiemu wyprowadzeniu do uprawy odmian odpornych na choroby przy równoczesnym zachowaniu wysokich parametrów technologicznych omawianych odmian.

Rolnictwo wiąże również duże nadzieje z wykorzystaniem dla celów hodowli indukowanych mutacji [1, 3, 29]. Nawet już na obecnym etapie istnieje dostatecznie dużo dowodów indukowania wartościowych mutacji i ich wykorzystania w hodowli roślin. Problem ten jest jednak zbyt obszerny, stąd też stanowił będzie treść oddzielnego artykułu.

Jak widać z powyższych danych niektóre problemy cytogenetyki teoretycznej mają szczególne znaczenie w hodowli zbóż; cytogenetyka jest więc jedną z dyscyplin biologicznych najściślej związanych z praktyką rolniczą.

LITERATURA

- [1] Chang-Sheng Shih and Shebeski H.L., 1961. *Canad. J. Genet. and Cytol.* 3: 1-16.
- [2] Darlington C. D., 1965. *Cytology*. London.
- [3] Elliott F. C., 1964. *Hodowla roślin i cytogenetyka*. PWR i L. Warszawa.
- [4] Kasha K. J. and Burnham C. R., 1965. *Canad. J. Genet. and Cytol.* 7: 62-77.
- [5] McGinnis R. C., 1962. *Canad. J. Genet. and Cytol.* 4: 296-301.
- [6] McGinnis R. C., and Andrews G. Y., 1962. *Canad. J. Genet. and Cytol.* 4: 1-5.
- [7] Morrison J. W., 1953. *Heredity* 7: 203-217.
- [8] Muntzing A., 1967. *Genetics Basic and Applied*. Stockholm, Sweden.
- [9] Nishiyama J., 1933. *Jap. J. Genet.* 8: 107-124.
- [10] Okamoto M., 1957. *Wheat Infor. Service* 5-6.
- [11] Okamoto M., 1962. *Canad. J. Genet. Cytol.* 4: 31-37.
- [12] Okamoto M. and Sears E. R., 1962. *Canad. J. Genet. Cytol.* 4: 24-30.
- [13] Rajhathy T., 1963. *Canad. J. Genet. Cytol.* 5: 127-132.
- [14] Rajhathy T. and Dyck P. L., 1964. *Canad. J. Genet. Cytol.* 6: 215-220.
- [15] Ramage R. T. and Suneson C. A., 1958. *Agron J.* 50: 52-53.
- [16] Ramage R. T., 1960. *Agron. J.* 52: 156-159.
- [17] Ramage R. T. and Day A. D. 1960. *Agron. J.* 52: 590-591.
- [18] Ramage R. T., 1960. *Agron. J.* 52: 156-159.
- [19] Ramage R. T. and Suneson C. A., 1961. *Crop Science* 1: 319-320.
- [20] Ramage R. T., Burnham C. R. and Hagberg A., 1961. *Crop Science* 1: 277-279.
- [21] Ramage R. T. and Humphrey D. F., 1964. *Crop Science* 4: 539-540.
- [22] Ramage R. T., 1965. *Crop Science* 5: 177-178.
- [23] Riley R., 1958. *Proc. 10th. Int. Congr. Genet.* 2: 234-235.
- [24] Riley R. and Chapman V., 1960. *Wheat Infor. Service* 11: 18-19.
- [25] Riley R. and Kempanna C., 1963. *Heredity* 18: 287-306.
- [26] Riley R. and Lewis K. R., 1966. *Chromosome manipulations and Plant Genetics*. Edingurgh and London.

- [27] Rozmus M., 1965. Acta Biol. Crac. 8: 113-121.
- [28] Rozmus M., 1967. HRA i N. T.11. Z. 4: 409-453.
- [29] Ruebenbauer T., Rozmus M., 1965. HRA i N. T.9. Z. 4: 339-352.
- [30] Sears E.R., 1944. Genetics 29: 232-246.
- [31] Sears E.R., 1952. Genetics 37: 624.
- [32] Sears E.R., 1954. Res.Bull. Mo. Agr. Exp. Stn.572,59 pp.
- [33] Sears E.R. and Okamoto M., 1956. Cytologia Suppl. Vol 332-335.
- [34] Sears E.R., 1958. Proc.Inst.Int.Wheat. Genet.Symp. 221-228.
- [35] Skalińska M., 1939. Podręcznik Eugeniki, T.I. Genetyka. Warszawa.
- [36] Skalińska M., Zeszyty Probl. Post. Nauk. Rol. 1: 2-18.
- [37] Skalińska M., 1958. Biologia w Szkole 2/58: 1-9.
- [38] Skalińska M., 1958. Zeszyty Probl. "Kosmosu" 8: 115-137.
- [39] Suneson C. A., Ramage R. T. and Hoyle B. J., 1963. Euphytica 12: 90-92.
- [40] Swanson C. P., 1958. Cytology and Cytogenetics. London.
- [41] Swanson C. P., Merz T., Young W. J., 1967. Cytogenetics. New Jersey.
- [42] Tsuchiya T., Hayashi J. and Takahashi R., 1960. Jap. J. Genet. 35: 153-160.
- [43] Tsuchiya T., 1960. Jap. J. Genet. 35: 337-343.
- [44] Tsuchiya T., 1962. Zeiken Ziho 14: 21-34.

Mieczysław Rozmus

THE ACHIEVEMENTS OF CYTOGENETICS IN CORN CULTIVATION

The first part of the article presents the ways by which presumably the different species and varieties of corn have originated in nature. An essential part in the evolution of corn crops was performed by cross-fertilization, both within the species, inter-species and inter-variety ones, as well as gene mutations.

The article then proceeds to examine the karyological relations in hybrids and synthetic species, previously non-existent in nature; and, further, to discuss the way of utilizing aneuploidal lines for obtaining substitute forms and for cytogenetic investigations into gene localisation. In the final part of the article the author has concerned himself with the application of barley translocation lines to research conducted on the localisation of genes in the chromosomes of this species.

Мечислав Р о з м у с

ДОСТИЖЕНИЯ ЦИТОГЕНЕТИКИ В РАЗВЕДЕНИИ ХЛЕБОВ

Первая часть статьи посвящена предполагаемым путям образования в природе разных видов и разновидностей хлебов. Решающую роль в эволюции хлебных злаков сыграли скрещивания в пределах отдельных видов, между отдельными видами и родами, а кроме этого - геновые мутации. Во второй части обсуждаются вопросы кариологии у гибридов и синтетических видов, до сих пор не существовавших в природе, а также возможность использования анеуплоидных линий для получения субституционных форм и для цитогенетических исследований локализации генов. Заключительная глава посвящена использованию транслокационных линий ячменя для исследований над локализацией генов в хромосомах этого вида.