

## Wstęp

Przez wiele lat mutageneza była skutecznie wykorzystywana w hodowli roślin jako jedna z metod uzyskiwania zmian genetycznych. Stosując tę technikę uzyskano blisko 1000 nowych odmian roślin (1). Jednak możliwości hodowli mutacyjnej są ograniczone przez występowanie wysokiej liczby niekorzystnych mutacji, mozaikowatość oraz bardzo częste pojawienie się mutacji chromosomowych utrudniających ustabilizowanie linii hodowlanych.

Od kilku ostatnich lat szeroko bada się i dyskutuje na ile wykorzystanie zmienności somaklonalnej jako nowego źródła indukowania zmienności genetycznej może być przydatne w hodowli roślin. Na podstawie dotychczasowej wiedzy o tym zjawisku wydaje się, że możliwości uzyskania nowych wariantów genetycznych są duże. Może o tym świadczyć zarówno skala jego występowania jak i pojawienie się w kulturze *in vitro* nowych mechanizmów prowadzących do zmienności genetycznej. Z drugiej jednak strony liczby uzyskanych korzystnych wariantów nie są zbyt wysokie. W celu przybliżenia tej tematyki chciałabym przedstawić kolejno charakterystykę zmienności somaklonalnej, podłoże genetyczne indukowanych zmian, czynniki wpływające na jego powstawanie i częstotliwość występowania. Podsumowując, przedstawione zostaną korzyści i wady wykorzystania tego zjawiska jako źródła zmienności.

Problem zmienności somaklonalnej został w tym artykule ujęty pod kątem możliwości jego wykorzystania w hodowli roślin, natomiast dla wielu technik *in vitro* jest zjawiskiem bardzo niekorzystnym. W takim przypadku znajomość przyczyn jego powstawania pozwoli zmniejszyć lub uniknąć jego występowanie.

## 1. Definicja i częstotliwość występowania

Już wiele lat temu odnotowano, że część roślin zregenerowanych w kulturze *in vitro* wykazuje zmienność. W 1981 r. Larkin i Scowcroft (2) wprowadzili pojęcie zmienności somaklonalnej dla określenia zmienności genetycznej powstałej w trakcie prowadzenia kultury. W celu określenia czy uzyskane rośliny są mutantami (wariantami genetycznymi) należy dokonać analizy genetycznej następnych pokoleń bądź też innego typu analiz na poziomie komórki (cytologicznej) lub DNA (molekularnej). Analiza genetyczna umożliwia również ustalenie sposobu dziedziczenia określonej cechy.

Pojawienie się spontanicznych mutacji somatycznych u wyższych *Eucaryota*, jak wiemy, oceniane jest na poziomie od  $10^{-4}$  do  $10^{-7}$  na *locus genu* (3); pojawienie się natomiast wariantów somaklonalnych w kulturze osiąga wartość kilku procent na *locus*. Przykładem mogą być doświadczenia w których użyto roślin heterozygotycznych w określonym *loci* i określono stabilność tego fenotypu w kulturze – lub inaczej – liczbę mutacji występujących w znanym *loci*. Na przykład, używając do kultury protoplastów uzyskanych z żółtych liści, gdzie kolor uwarunkowany był allelem dominującym w heterozygotycie, 3,5% zregenerowanych roślin miało liście zielone. Mogło to być wynikiem rewersji lub delecji allelu dominującego (4).

## 2. Podłoże genetyczne

Podobnie jak obserwowano w hodowli mutacyjnej, zmienność wśród roślin zregenerowanych w kulturze może być epigenetyczna (*transzient*) lub genetyczna. Pierwszy rodzaj zmienności nie jest przekazywany potomstwu drogą generatywną w związku z czym jest nieprzydatny dla hodowli. Większość typów zmian genetycznych zachodzących w trakcie kultury jest w zasadzie podobna do typów zmian indukowanych lub spontanicznych. Mutacje mogą wystąpić zarówno w jądrze jak i cytoplazmie.

Wyróżniamy następujące typy zmienności genetycznej powstające w trakcie kultury *in vitro*:

a) **zmienność chromosomalna** – dotyczy liczby i struktury chromosomów. Jest to typ zmienności najwcześniej i najczęściej obserwowany w kulturze. Zmiany w liczbie chromosomów mogą powodować obniżenie płodności, a w potomstwie generatywnym dawać zmodyfikowany stosunek genetyczny segregujących cech. Niektórzy autorzy sugerują, że w gatunkach euploidalnych takich jak: trzcina cukrowa i ziemniak, gdzie już są obecne podwojone chromosomy, efekt dodania lub utraty pojedynczego chromosomu może być niezauważalny (5).

Zmienność w strukturze chromosomów dotyczy wszelkiego rodzaju aberracji chromosomowych takich jak: delecje, inwersje, duplikacje i translokacje. Mogą one wpływać na zmiany w ekspresji genów oraz na stosunek genetyczny przekazywanych cech. Liczba tego typu zmian jest bardzo wysoka. Uważa się, że przyczyniają się do tego dwa mechanizmy: późna replikacja heterochromatyny obserwowana w jądrach komórek hodowanych *in vitro* oraz niezbalansowanie nukleotydów będące wynikiem składu pożywki (6);

b) **zmienność jednogenowa** (mendłowska) – stwierdzono występowanie mutacji dominujących, subdominujących i recesywnych. Przykłady powstałych w trakcie kultury zmian dziedziczonych jednogenowo oraz częstotliwość ich występowania przedstawiono w tab. 1;

Tabela 1

Przykłady typów i częstotliwości występowania mutantów jednogenowych wśród roślin zregenerowanych z kalusa ryżu i pomidora oraz protoplastów sałaty

Genotyp	Rodzaj kultury	Liczba analizowanych roślin – liczba mutantów	Typy mutacji
<i>Oryza sativa</i> dihaploidy (7)	kalus	1121 – w tym 44% mutantów jednogenowych i 28% mutantów w stosunku do 2 lub więcej cech	wysokość roślin, kłoszenie, liczba i ciężar nasion, długość i liczba wiech, tolerancja na zasolenie, pigmentacja
<i>Lycopersicon esculentum</i> dihaploidy (8)	kalus	230 – 13 mutacji mendlowskich w tym 8 recesywnych 3 dominujące i 1 homozygota recesywna	męskosterylność, bezszypułkowość owoców, zielona podstawa, <i>albinos</i> , <i>virescent</i> , pośredni typ wzrostu, plamkowaty
<i>Letuca sativa</i> linia wsobna (9)	protoplasty	99 – 13 mutacji jednogenowych	szybkość wzrostu, rozmiary, morfologia liści i liścieni, pigmentacja

c) **zmienność na poziomie cytoplazmy** czyli w DNA mitochondrialnym i chloroplastowym. Mutacje tego typu u większości mieszańców plciowych są dziedziczone matecznie, co uniemożliwia powstanie mieszanych lub zrekombinowanych genów cytoplazmatycznych, a w mutagenizie klasycznej są one sporadyczne. W związku z tym materiał dziedziczny znajdujący się w cytoplazmie jest bardzo stabilny.

W kulturze *in vitro* stwierdza się wysoką częstotliwość występowania wariantów cytoplazmatycznych. Pring i wsp. (10) wykazali, że cecha cytoplazmatycznej męskiej sterility typu T u kukurydzy, dziedziczona cytoplazmatycznie i bardzo stabilna w czasie rozmnażania generatywnego, wykazuje wysoką częstotliwość rewersji w kulturze rzędu 8/123 i 31/60. Te duże różnice w rewersji tłumaczone są przez Pringa użyciem różnych genotypów i warunków kultury.

Do innych mutacji dziedziczonych cytoplazmatycznie i obserwowanych wśród regenerantów należą między innymi: morfologia i wigor u sałaty (11), rozwój kwiatów (10), wrażliwość na toksynę z *Alternaria tennis* (12) oraz herbicydy triazynowe (13).

Za pomocą analiz molekularnych wykryto również szereg zmian w mitochondrialnym DNA, np. w sekwencji DNA, w duplikacji specyficznych regionów, a także pojawieniu się dodatkowych gatunków DNA o zmienionym ciężarze molekularnym. Zmiany tego typu stwierdzono między innymi u *Zea mays*, *Sorgum*, *Brassica*, trzciny cukrowej i *Vicia faba*.

Evans i Sharp (14) uważają, że wysoka liczba obserwowanych mutacji cytoplazmatycznych wynika z dużych możliwości ich ujawnienia w trakcie kultury. Rośliny w warunkach *in vitro* rozwijają się z komórek morfogenicznych zawierających bardzo małą liczbę organelli komórkowych. W takiej sytuacji pojawiające się w cytoplazmatycznym DNA mutacje, zwłaszcza dominujące, mające duże szanse selekcji podczas segregacji organelli.

Ponadto podkreślić należy, że w kulturze *in vitro* zaobserwowano wystąpienie nowych rodzajów zmian genetycznych, nie obserwowanych w genetyce klasycznej lub konwencjonalnej mutageniezie. Zmiany te uwarunkowane są powstaniem mechanizmów specyficznych jedynie dla kultury *in vitro* jak mitotyczny *crossing over*, amplifikacja genów oraz aktywacja elementów transpozonowych.

### Mitotyczny *crossing over* (MCO)

Hipotezę o istnieniu mitotycznego *crossing over* wysunięto na podstawie występowania mutantów – homozygot recesywnych wśród zregenerowanych roślin tytoniu, kukurydzy i pszenicy. W celu udokumentowania MCO zregenerowano rośliny pomidora z linii posiadających pięć genów heterozygotycznych. *Crossing over* wystąpił u 19 z 61 zregenerowanych roślin (15).

### Liczba kopii (amplifikacja DNA)

Zmiany w liczbie kopii powtarzalnego DNA stwierdzono u wielu roślin (16). U Inu występowały one zarówno w kalusie jak i wśród regenerantów, a ich liczba była zależna od warunków kultury (17). Natomiast u lucerny amplifikacja określonego genu nastąpiła w odpowiedzi na czynnik selekcyjny. Linie wykazujące odporność na inhibitor syntetazy glutaminy zawierały 4–11-krotnie wyższą liczbę genów tej syntetazy (18).

### Aktywacja elementów transpozonowych

Transpozony, nazywane również ruchomymi elementami genetycznymi, są to odcinki DNA, które mogą zmieniać swoje położenie w obrębie genomu organizmu. Ich insercja lub delecja może powodować bardzo różnorodne efekty fenotypowe.

Dużą aktywność elementów transpozonowych w potomstwie roślin kukurydzy zregenerowanych w kulturze udowodniła Peschke i wsp. (19). W dziesięciu z 301 roślin występował aktywny element transpozonowy Ac. Sugeruje się również aktywację nie zidentyfikowanych, „śpiących” elementów w oparciu o odkrycie niestabilnych wariantów u ogórka (20,21) oraz różnych grup rewertantów u lucerny (22,23).

### 3. Czynniki wpływające na typy i stopień zmienności somaklonalnej

Znajomość tych czynników ułatwia poznanie mechanizmów powstawania zmienności somaklonalnej oraz dostarcza informacji na temat spodziewanej częstotliwości indukowania somaklonów. Na podstawie tych informacji możemy dążyć do zwiększenia częstotliwości jej występowania, gdy chcemy otrzymać nowe warianty genetyczne. Są jednak techniki, dla których występowanie tej zmienności jest szczególnie niekorzystne. Należą do nich: mikrorozmnażanie, otrzymywanie sztucznych nasion oraz zastosowanie technik rozmnażania *in vitro* w bankach genów i transformacji komórek roślinnych.

Do czynników wpływających na typy i stopień zmienności somaklonalnej związanych z materiałem roślinnym użytym do kultury *in vitro* należą:

- rodzaj i wiek eksplantatu,
- genotyp i różne poziomy ploidalności,

a w przypadku kultury *in vitro*:

- rodzaj pożywki (zwłaszcza regulatorów wzrostu),
- długość kultury i rodzaj regeneracji,
- typ zastosowanej techniki *in vitro*,
- częstość pasażu.

#### Rodzaj i wiek eksplantatu

Już w 1967 r. Murashige i Nakano (24) stwierdzili, że w starszych odcinkach łodyg tytoniu i kalusie z nich otrzymanym znajduje się więcej komórek poliploidalnych i aneuploidalnych niż w młodszych. Podobnie wszystkie regeneranty z haploidalnych liści były haploidalne, natomiast regeneranty ze środkowej części starych liści (3–4 tygodnie po rozwinięciu) były w dużej mierze podwojonymi haploidami (25).

U ziemniaka Wheeler i wsp. (26) otrzymali więcej roślin aneuploidalnych zregenerowanych z kawałków bulw niż liści. Podobnie Jones (27) uzyskał wyższą liczbę roślin oktoploidalnych i aneuploidalnych na poziomie oktoploidalnym z protoplastów z bulwy niż z protoplastów z mezofilu liści.

Wytłumaczeniem wpływu rodzaju, a zwłaszcza wieku eksplantatu na częstotliwość pojawienia się somaklonów może być występowanie zjawiska endoploidyzacji i amplifikacji odcinków DNA w czasie różnicowania tkanek. W tym wypadku duży wpływ ma zmienność już istniejąca w tkankach roślinnych.

Na szczególne podkreślenie zasługuje fakt występowania mutacji tkankowo-specyficznych. Są to określone mutacje pojawiające się z wysoką częstotliwością po użyciu do kultury tych samych eksplantatów. Na przykład wśród regenerantów otrzymanych w trakcie prowadzenia kultury pylników *Lycopersicon peruvianum* otrzymano wysoką liczbę mutantów w *Si loci* (28). Podobnie wysoką liczbę zmian w morfologii kwiatów stwierdzono wśród roślin zregenerowanych z pylników *Populus* (29).

#### Genotyp i różne poziomy ploidalności

Stwierdzono, że u niektórych odmian występuje znacznie więcej wariantów somaklonalnych niż u innych. Na przykład u jednej z odmian *Begoni haemalis* uzyskano 43% wariantów, a u innej 7% (30). Różnice w genetycznej stabilności wykazano również wśród genotypów ziemniaka na tym samym poziomie ploidalności (31). Jeżeli natomiast do kultury *in vitro* użyto eksplantatów z roślin ziemniaka o różnych poziomach ploidalności, częstotliwości otrzymanych mutacji liczby chromosomów różniły się znacznie. Wśród regenerantów z eksplantatów roślin mono-

lub dihaploidalnych znacznie więcej miało podwyższoną liczbę chromosomów niż wśród regenerantów z tkanki tetraploidalnej (26,32).

## Rodzaj pożywki

W niektórych pracach stwierdzono wpływ różnych cytokinin lub stosunku kinetyny do NAA na częstotliwość występowania komórek poliploidalnych w kulturze (33). Mógł on wynikać z promowania podziałów komórkowych na określonym poziomie ploidalności. Natomiast Doleżelowa i Nowak (34) przeprowadzili doświadczenie w którym, ich zdaniem, wykazali brak mutagenicznego charakteru regulatorów wzrostu. Testowali oni system nitek pręcikowych u *Tradescantia* (jest to system bardzo wrażliwy na mutageny chemiczne). Moczyli kwiatostany w pożywce i w MNU (3 stężenia) i obserwowali występowanie różnych mutacji, które pojawiają się w układzie homozygoty recesywnej; do badań używa się heterozygot o niebieskim kolorze nitek pręcikowych (allel dominujący). Autorzy nie obserwowali zmian w częstotliwości mutacji somatycznych po bezpośrednim podaniu pożywki z różnymi hormonami kwiatostanów *Tradescantii* (niezależnie od składu hormonalnego).

## Czas trwania kultury i rodzaj regeneracji

Czas trwania kultury odgrywa istotną rolę w generowaniu zmienności genetycznej. Wprost proporcjonalne narastanie zmian wraz z czasem kultury obserwuje się głównie w komórkach nie zróżnicowanych (kalusa i zawiesiny) oraz wśród zregenerowanych roślin. U pewnych jednak gatunków (zboża i trawy) występuje silna presja selekcyjna, faworyzująca regenerację roślin z komórek cytogenetycznie nie zmienionych. Dzięki temu, niezależnie od czasu kultury, zregenerowane rośliny pozostają nie zmienione genetycznie (35).

Regeneracja roślin w kulturze *in vitro* może odbywać się drogą organogenezy, tj. wytwarzania pąków, z których rozwijają się pędy lub somatycznej embriogenezy poprzez wytwarzanie zarodków somatycznych. W wypadku organogenezy pąk z którego rozwinię się roślina tworzony jest z dużej grupy komórek. W związku z tym istnieje duże prawdopodobieństwo otrzymania roślin mozaikowych i chimerycznych, zwłaszcza z kalusa po długim okresie kultury. W takim przypadku prowadzenie analizy genetycznej, a także szybkie otrzymanie określonych wariantów genetycznych jest znacznie utrudnione. Rozpatrując występowanie zmienności pod tym kątem, regeneracja roślin drogą somatycznej embriogenezy jest wygodniejsza i bardziej efektywna ponieważ zarodki somatyczne powstają najczęściej z pojedynczych komórek lub ich małych grup.

## Podsumowanie

Na podstawie przedstawionych danych można wyszczególnić korzyści i wady występującego w kulturze *in vitro* zjawiska zmienności somaklonalnej, jako metody uzyskiwania pozytywnych wariantów genetycznych dla hodowli roślin.

Do zjawisk korzystnych należą:

1. Wysoka częstotliwość występowania mutacji.
2. Pojawienie się nowych klas zmienności genetycznej nie występujących w konwencjonalnej mutageniezie lub występujące w bardzo ograniczonym zakresie. Są to:
  - zwiększona liczba powtarzalnych kopii DNA,
  - aktywacja elementów transpozonowych,
  - mitotyczny *crossing-over*,
  - zmiany w cytoplazmatycznym DNA,
  - zmienność tkankowo-specyficzna.
3. Możliwość szybkiego uzyskania linii hodowlanej. Jak wiemy działając mutagenem na nasiona powodujemy powstanie mozaicyzmu w setkach jego komórek. W kulturze *in vitro*

zwłaszcza jeżeli otrzymujemy rośliny drogą somatycznej embriogenezy, a więc głównie z pojedynczych komórek, ustalenie linii hodowlanych może nastąpić bardzo szybko. Jest ono szczególnie łatwe w wypadku otrzymania mutantów cytoplazmatycznych lub mutantów powstałych w wyniku MCO.

4. Selekcja pozytywna wariantów. W trakcie kultury można zastosować czynnik selekcyjny i w ten sposób już na poziomie komórki „wybrać” odpowiednie warianty. Selekcję można przeprowadzać tylko dla niektórych cech jakościowych, takich jak: odporność na herbicydy, fungicydy, insektycydy i toksyny patogenów oraz zasolenie.

5. Wykorzystanie zmian w metabolizmie wtórnym. Wiele zmian genetycznych zachodzących w czasie kultury wpływa na zmiany w metabolizmie wtórnym komórek. Wykorzystując ten fakt, można wyizolować linię komórkową z podniesioną zawartością metabolitów wtórnych, takich jak: skopolamina, kwas rozmarynowy, shikonina, ajmalicyna i inne.

Spośród dotąd otrzymanych w trakcie kultury *in vitro* mutacji, które mogą być przydatne dla hodowli należą między innymi: męska sterylność (pomidor, ryż), wczesność (kukurydza), zwiększona produktywność (ryż), tolerancja na przemarzanie (pszenica), odporność na choroby (pszenica, trzcina cukrowa, ziemniak, pomidor, seler, tytoń, kukurydza), typ wzrostu i kolor owoców (pomidor, ogórek), bardzo mała ilość nasion w owocu (papyrka), zmieniona morfologia liści i kwiatów oraz ich kolor u roślin ozdobnych.

Do istotnych wad utrudniających wykorzystanie tego zjawiska należą:

1. Przypadkowość, mimo że liczba i różnorodność otrzymanych wariantów może być bardzo wysoka, jednak zdecydowana większość jest niekorzystna. Dlatego, żeby znaleźć mutację korzystną, należy preselekcjonować wiele roślin.

2. Reproduktywność – genotypy różnią się znacznie zarówno w zdolności do regeneracji jak i częstotliwości pojawienia się wariantów genetycznych. Wiele z ważnych agronomicznie gatunków roślin uprawnych, jak rośliny zbożowe czy motylkowe grubonasienne, nadal pozostają gatunkami trudnymi do regeneracji.

Biorąc pod uwagę powyższe informacje wydaje się, że poszukiwanie wariantów genetycznych wśród roślin pochodzących z kultur *in vitro* jest celowe, zwłaszcza przy uwzględnieniu odpowiedniego gatunku oraz techniki regeneracji. W najbliższych kilku latach nadal przewidywane jest szerokie i powszechne wykorzystanie tego zjawiska jako źródła zmienności dla hodowli roślin na świecie. Metody otrzymywania i oceny wariantów genetycznych są stosunkowo proste, a podłoże genetyczne ich powstawania bardzo bogate. W celu uzyskania nowych, korzystnych mutantów należy włączyć do prac najnowsze i najlepsze odmiany hodowlane oraz uzupełnić je nowymi, korzystnymi cechami, jak np. odporność na choroby, herbicydy czy też niektóre cechy morfologiczne.

## Literatura

1. Micke A., Donini B., Małuszyński M., (1987), *Trup. Agric.*, 64, 259.
2. Larkin P. J., Scowcroft W. R., (1981), *Theor. Appl. Genet.*, 60, 197.
3. Bhatia C. R., Joshua D. C., Mathews H., (1985), *Trends. Pl. Res.*, 317.
4. Barbier M., Dulieu H. L., (1980), *Ann. Amelior. Plant.*, 30, 321.
5. Evans D. A. (1989), *TIG*, 5, 46.
6. Kemble R. J., Shepard J. F., (1984), *Theor. Appl. Genet.*, 69, 211.
7. Oono K., (1981), *Plant Tissue Culture*, Ed. Thorpe T. A., New York; Academic Press, 273–298.
8. Evans D. A., Sharp W. R., (1983), *Science*, 221, 949.
9. Engler D. E., Grogan R. G., (1983), *Plant Sci. Lett.*, 28, 223.
10. Pring D. R., Conode M. F., Gengenbach B. G., (1981), *Env. Exptl. Bot.*, 21, 369.
11. Sibi M., (1976), *Ann. Amelior. Plant*, 26, 523.

12. Steele J. A., Uchytíl T. F., Durbin R. D., Bhatnagar P., Rich D. H., (1976), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 73, 2245.
13. Arntzen C. J., Pfister K., Steinback K. E., (1982), *Herbicide Resistance in Plants*, Ed. LeBaron H. M., Gressel J., John Wiley Sons, New York, 185–214.
14. Evans D. A., Sharp W. R., (1988), *IAPTC Newsletter*, 54, 2.
15. Loh W. H.-T., Kut S. A., Evans D. A., (1987), *Molecular strategies for crop protection*, Ed. Arntzen C. J., Ryan C., A. R. Liss, 367–373.
16. Lapitan N. L. V., Sears R. G., Gill B. S., (1988), *Theor. Appl. Genet.*, 75, 381.
17. Cullis C. A., Cleary W., (1986), *Can. J. Genet. Cytol.*, 28, 247.
18. Donn G., Tischer E., Smith J. A., Goodman H. M., (1984), *J. Molec. Appl. Genet.*, 2, 621.
19. Peschke V. M., Phillips R. L., Gengenbach B. G., (1987), *Science*, 238, 804.
20. Malepszy S., Nadolska-Orczyk A., (1989), *Plant Breed.*, 102, 66.
21. Nadolska-Orczyk A., Malepszy S., Belz S., (1989), XII Eucarpia Congress, 26, 1.
22. Groose R. W., Bingham E. T., (1986a), *Plant Cell Rep.*, 5, 104.
23. Groose R. W., Bingham E. T., (1986b), *Plant Cell Rep.*, 5, 108.
24. Murashige T., Nakano R., (1967), *Am. J. Bot.*, 54, 963.
25. Kasperbauer M. J., Collins G. B., (1972), *Crop Sci.*, 12, 98.
26. Wheeler V. A., Evans N. E., Foulger D., Webb K. J., Karp A., Franklin J., Bright S. W. J., (1985), *Ann. Bot.*, 55, 309.
27. Jones H., Karp A., Jones M. G. K., (1989), *Plant Cell Rep.*, 8, 307.
28. Sree Ramulu K., (1982), *Heredity*, 9, 319.
29. Stoehr M. U., Zsuffa L., Eckenwalder J. E., (1988), *Am. J. Bot.*, 75, 594.
30. Roest S., van Berkel M., Bokelmann G. S., Broertjes C., (1981), *Euphytica*, 30, 381.
31. Sree Ramulu K., Dijkhuis P., Hanisch ten Cate Ch. H., De Groot B., (1985), *Plant Sci.*, 41, 69.
32. Fish N., Karp A., (1986), *Theor. Genet.*, 72, 405.
33. Bennici A., Buiatti M., De Amato F., Pagliai M., (1971), *Colloq. Internation. CNRS*, 193, 245.
34. Doležel J., Novak F. J., (1984), *Z. Pflanzenphysiol.*, 114, 51.
35. Swedland B., Vasil I. K., (1985), *Theor. Appl. Genet.*, 69, 575.

## Somaclonal variation as a source of genetic variability

### Summary

Genetic variability of plants regenerated from tissue culture was called somaclonal variation by Larkin and Scowcroft (2). This variation has occurred very commonly in different types of cultures and species and the frequency of mutations could reach several percent of a locus.

This article concerns information about characterization, genetic basis and factors which generate somaclonal variation. It also shows that some of genetic phenomena occurred only as a consequence of tissue culture. The knowledge about somaclonal variation is presented in terms of its implications for breeding.

### *Adres dla korespondencji:*

Anna Nadolska-Orczyk, Zakład Kultur Tkankowych, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików, 05-870 Blonie.