

LAURENCJA SZAŁA <sup>1</sup>  
ZYGMUNT KACZMAREK <sup>2</sup>  
ELŻBIETA ADAMSKA <sup>2</sup>  
TERESA CEGIELSKA-TARAS <sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, Poznań

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

## Wpływ kierunku krzyżowania na ekspresję barwy nasion i cech składowych plonu w populacjach linii DH rzepaku ozimego

### Influence of the direction of crossing on the expression of seed colour and yield components in DH line populations of winter oilseed rape

Celem prezentowanych badań było określenie wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję koloru nasion i cechy struktury plonu oraz wyselekcjonowanie jasnonasiennych linii DH o wyższych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w porównaniu do żółtonasiennej linii rodzicielskiej. Materiał do badań stanowiły dwie populacje linii DH otrzymane z mieszańców F<sub>1</sub> krzyżowania odwrotnego pomiędzy czarnonasienną linią DH H<sub>2</sub>-26 a żółtonasienną linią DH Z-114. Podwojone haploidy wysiano w doświadczeniu polowym w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami (obie linie rodzicielskie). Wykonano pomiary biometryczne dla cech struktury plonu, zmierzono zawartość tłuszczu i oceniono barwę nasion. Analiza wariancji przeprowadzona dla 6 cech, umożliwiła wyznaczenie charakterystyk statystycznych dla każdej z obu populacji linii DH i populacji rodzicielskich oraz zbadanie istotności różnic między nimi. Podział 4 badanych populacji na grupy jednorodne, istotnie różniące się między sobą, dla każdej omawianej cechy, pozwolił na dokonanie oceny wpływu kierunku krzyżowania. Dodatkowo przeprowadzona ocena kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z wzorców umożliwiła wyodrębnienie linii transgresyjnych. Na podstawie testowania porównań między jasnonasiennymi liniami DH a linią rodzicielską Z-114 wyróżniono dwie linie: DH HZ-6 i DH ZH-54 o istotnie wyższej liczbie tłuszczu na roślinie.

**Słowa kluczowe:** analiza wariancji, barwa nasion, cechy struktury plonu, linie DH, rzepak ozimy

The main goal of presented study was to determine the influence of the direction of the crossing on the expression of seed colour and yield components and as well as selection of DH lines with light colour seeds and with improved yield components as well as fat content compared to the parental yellow-seeded line. The material consisted of two populations of DH lines derived from F<sub>1</sub> hybrids obtained from reciprocal crosses between black seeded DH H<sub>2</sub>-26 and yellow seeded line DH Z-114. Doubled haploids were examined in an unreplicated field trial with a regularly distributed standards (both parental lines.) Biometric measurements were made for the components of seed yield, fat content was estimated and seed colour was evaluated. Analysis of variance carried out for 6 traits, has allowed

the designation of the statistical characteristics for each of the two populations of DH lines and parental populations and to investigate the significance of differences between them. Division of populations into four homogeneous groups, significantly different from each other, for each of the studied traits, allowed to assess the influence of the direction of crossing. In addition, the assessment of the contrast between given DH lines and the best parental line allowed the separation of transgressive DH lines. Based on testing comparisons between light seed colour DH lines and parental line DH Z-114, it was possible to distinguish two lines: DH HZ-6 and DH ZH-54 with significantly higher number of pods per plant.

**Key words:** analysis of variance, DH lines, seed colour, winter oilseed rape, yield components

## WSTĘP

W ostatnich latach wzrasta na świecie znaczenie rzepaku nie tylko jako rośliny oleistej, ale również jako rośliny białkowej. Białko zawarte w nasionach rzepaku charakteryzuje się korzystnym składem aminokwasów. Jednak wartość pokarmowa wytlóków z czarnonasiennych rzepaków lub śruty poekstrakcyjnej jest ograniczona przez wysoką zawartość włókna, powodującego niską strawność tej paszy. Dlatego też od pewnego czasu obserwuje się wzmożone zainteresowanie rzepakiem żółtonasiennym, o transparentnej okrywie nasiennej, który charakteryzuje się niską zawartością włókna. Obniżenie zawartości włókna w wytlókach lub śrucie poekstrakcyjnej zwiększa dostępność białka i ogólną strawność paszy.

Żółtonasiennność nie występuje naturalnie w obrębie gatunku *B. napus*. Uzyskane w wyniku prac hodowlanych jasnonasienne formy powstały bądź na drodze mutacji, bądź poprzez przeniesienie tej cechy z innych gatunków z rodzaju *Brassica*, co wpłynęło negatywnie na ich plenność (Hernacki, 2007). Celem prezentowanych badań było określenie wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję barwy nasion i cechy struktury plonu oraz wyselekcjonowanie żółtonasiennych linii DH rzepaku o polepszonych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w stosunku do żółtonasiennej linii rodzicielskiej.

## MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły dwie populacje podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego otrzymanych metodą izolowanych mikrospor z mieszańców pokolenia F<sub>1</sub>: populacja HZ licząca 78 linii DH, otrzymana z mieszańca DH H<sub>2</sub>-26 × DH Z-114 i populacja ZH licząca 98 linii DH otrzymana z mieszańca DH Z-114 × DH H<sub>2</sub>-26. Linie rodzicielskie różniły się fenotypowo. Linia DH Z-114 o jednolitej jasnożółtej barwie nasion i niskiej liczbie rozgałęzień, była linią nisko plonującą a czarnonasienna linia DH H<sub>2</sub>-26, o korzystnym pokroju roślin, dobrze plonowała.

W sezonie 2007/2008 przeprowadzono doświadczenie polowe w celu wstępnej oceny otrzymanych populacji linii DH. Podwojone haploidy wysiano w doświadczeniu w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami co 8 obiektów, którymi były obie linie rodzicielskie. Utworzyły one dodatkowo dwie populacje (rodzicielskie), oznaczone odpowiednio symbolami Z i H, każda o liczebności 27. Wykonano pomiary biometryczne dla cech struktury plonu. Z poletka pobrano po pięć roślin do wyliczenia

średniej dla liczby rozgałęzień i liczby łuszczyń na roślinie dla każdego obiektu. Pobrano też losowo po 20 łuszczyń ze środkowej części pędów głównych, aby określić średnią liczbę nasion w łuszczyń. Natomiast masa tysiąca nasion powstała jako średnia z trzech oddzielnie ważonych prób. Zawartość tłuszczu oznaczono metodą pulsacyjnego NMR. Barwę nasion oceniono za pomocą spektrofotometru w skali od 0 (barwa czarna) do 5 (barwa żółta). Zebrane wyniki analizowano w oparciu o ogólną teorię analizy doświadczeń w układach o blokach niekompletnych (Ceranka i Chudzik, 1977; Kaczmarek i in., 1985). Analiza wariancji przeprowadzona dla 4 cech struktury plonu, zawartości tłuszczu i barwy nasion, umożliwiła wyznaczenie charakterystyk statystycznych dla każdej z obu populacji linii DH i populacji rodzicielskich oraz zbadanie istotności różnic między nimi. Podział 4 badanych populacji na grupy jednorodne, istotnie różniące się między sobą dla każdej omawianej cechy, pozwolił na dokonanie oceny wpływu kierunku krzyżowania. Dodatkowo przeprowadzona ocena kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z wzorców umożliwiła wyodrębnienie linii o dodatnich efektach transgresji dla badanych cech. Testowanie porównań między żółtonasiennymi liniami DH (o ocenie barwy >4) a żółtonasienną linią rodzicielską Z-114 dało odpowiedź na pytanie, czy udało się na drodze androgenezy *in vitro* uzyskać linie o jasnej barwie nasion i polepszonych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach.

#### WYNIKI

Wstępna ocena obu populacji linii DH, dokonana na podstawie doświadczenia przeprowadzonego w jednym sezonie, wykazała duże zróżnicowanie linii DH i linii rodzicielskich w wartościach analizowanych cech. Charakterystyki statystyczne populacji ZH, HZ i populacji rodzicielskich przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1

**Charakterystyki statystyczne populacji linii DH i populacji rodzicielskich *B. napus* dla badanych cech**  
**Statistical characteristics of DH line populations and parental populations of *B. napus* for studied traits**

Cecha Trait	Populacja Population	Liczebność Number	Średnia Mean	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variation (%)	Min. Min.	Maks. Max.
1	2	3	4	5	6	7	8
Liczba rozgałęzień Number of branches	ZH	98	7,14	1,75	24,45	2,3	11,0
	HZ	78	6,92	1,50	21,68	3,3	10,1
	H	27	8,12	1,24	15,21	5,3	10,3
	Z	27	5,54	1,09	19,68	4,0	9,3
Liczba łuszczyń na roślinie Number of siliques per plant	ZH	98	244,01	91,56	37,52	35,0	559,0
	HZ	78	230,46	96,57	41,90	60,0	685,0
	H	27	311,26	91,95	29,54	195,0	509,0
	Z	27	172,37	47,94	27,81	117,0	317,0
Liczba nasion w łuszczyń Number of seeds per silique	ZH	98	19,58	3,26	16,63	9,7	28,0
	HZ	78	20,87	3,62	17,33	11,2	27,5
	H	27	21,35	1,72	8,06	18,5	24,4
	Z	27	21,00	2,86	13,64	15,1	25,3

c. d. Tabela 1

1	2	3	4	5	6	7	8
Masa tysiąca nasion (g)	ZH	98	4,08	0,48	11,68	3,0	5,8
Thousand seeds weight (g)	HZ	78	4,10	0,49	11,89	3,3	5,7
	H	27	4,04	0,24	6,07	3,7	4,9
	Z	27	4,20	0,20	4,72	3,7	4,5
Zawartość tłuszczu (%)	ZH	98	46,82	2,73	5,82	36,1	51,4
Fat content (%)	HZ	78	46,92	2,61	5,57	38,1	51,9
	H	27	49,35	1,30	2,63	46,2	52,4
	Z	27	44,35	1,30	2,92	42,2	48,0
Barwa nasion (skala 0-5)	ZH	98	1,46	1,32	90,48	0,13	4,55
Seeds colour (scale 0-5)	HZ	78	1,81	1,59	87,48	0,01	5,21
	H	27	0,44	0,07	15,49	0,26	0,58
	Z	27	5,13	0,26	5,07	4,37	5,55

ZH — populacja linii DH z mieszańca DH Z-114 × DH H<sub>2</sub>-26; population of DH lines from hybrid DH Z-114 × DH H<sub>2</sub>-26

HZ — populacja linii DH z mieszańca DH H<sub>2</sub>-26 × DH Z-114; population of DH lines from hybrid DH H<sub>2</sub>-26 × DH Z-114

H, Z — populacje linii rodzicielskich: DH H<sub>2</sub>-26, DH Z-114; populations of parental lines: DH H<sub>2</sub>-26, DH Z-114

Zakres zmienności linii DH przekraczał zakres zmienności populacji rodzicielskich w liczbie łuszczyń na roślinie, liczbie nasion w łuszczyńce i masie tysiąca nasion. Wyliczone odchylenia standardowe dla poszczególnych cech były wyższe dla populacji linii DH niż dla populacji rodzicielskich, z wyjątkiem liczby łuszczyń na roślinie, gdzie odchylenie standardowe dla populacji H było nieznacznie wyższe niż dla populacji ZH, natomiast współczynniki zmienności we wszystkich cechach były wyższe dla populacji linii DH niż dla populacji rodzicielskich.

Największą zmienność zaobserwowano dla barwy nasion — CV = 90,48% i CV = 87,48% odpowiednio dla populacji ZH i HZ, a najmniejszą dla zawartości tłuszczu w nasionach — CV = 5,82% i CV = 5,57%.

Podział czterech populacji na grupy jednorodne wykazał brak wpływu efektów matecznych na badane cechy (tab. 2).

Tabela 2

**Podział populacji na grupy jednorodne**  
**Division of populations in to homogenous groups**

Cecha — Trait	Grupa — Group	Populacje — Populations	Średnia — Mean
Liczba rozgałęzień Number of branches	1	H,	8,12
	2	HZ, ZH	7,05
	3	Z	5,54
Liczba łuszczyń na roślinie Number of siliques per plant	1	H	311,26
	2	HZ, ZH	238,00
	3	Z	172,37
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per silique	1	Z, H, HZ	21,00
	2	ZH	19,58
Masa tysiąca nasion (g) Thousand seeds weight (g)	1	H, Z, ZH, HZ	4,10
Zawartość tłuszczu (%) Fat content (%)	1	H	49,35
	2	HZ, ZH,	46,86
	3	Z	44,35
Barwa nasion (skala 0-5) Seeds colour (scale 0-5)	1	Z	5,12
	2	HZ, ZH	1,62
	3	H	0,44

Wykonana analiza wariancji dla 6 badanych cech pozwoliła dokonać oceny kontrastu pomiędzy daną linią DH a średnią „lepszego” z rodziców, będącej jednocześnie oceną efektów transgresji tej linii. Dla wszystkich badanych cech poszukiwano linii o pozytywnych dodatnich efektach transgresji. Najwięcej linii transgresyjnych znaleziono w odniesieniu do masy tysiąca nasion (tab. 3). W populacji ZH, liczącej 98 linii, dodatnie efekty transgresji wykazało 11 linii DH (11,2%), a w populacji HZ liczącej 78 linii zaobserwowano 7 transgresyjnych linii DH (9,0%). Pozytywne efekty transgresji wykazało również 6 linii DH w odniesieniu do liczby nasion w łuszczyńce: 2 linie w populacji ZH (2,0%) i 4 linie w populacji HZ (5,1%). Najmniej przypadków transgresji zanotowano dla liczby łuszczyń na roślinie — 3 linie w obu populacjach łącznie. Odnośnie pozostałych cech, nie znaleziono żadnej linii DH przewyższającej istotnie w swych wartościach „lepszego” z rodziców.

Tabela 3

**Linie DH o pozytywnych efektach transgresji w populacjach ZH i HZ**  
**DH lines with positive transgression effects in the populations ZH and HZ**

Linia DH DH line	Średnia Mean	Efekt transgresji Effect of transgression		Linia DH DH line	Średnia Mean	Efekt transgresji Effect of transgression	
		ocena score	test F F-test			ocena score	test F F-test
Liczba łuszczyń na roślinie — Number of siliques per plant							
ZH-41	482,4	170,6	6,08*	HZ-71	621,1	309,3	19,96**
ZH-91	495,1	183,3	7,01*				
Liczba nasion w łuszczyńce — Number of seeds per silique							
ZH-7	26,61	5,26	4,46*	HZ-51	27,08	5,73	5,31*
ZH-83	27,17	5,81	5,46*	HZ-59	26,68	5,33	4,59*
				HZ-60	26,48	5,13	4,25*
				HZ-62	27,38	6,03	5,88*
Masa tysiąca nasion — Thousand seeds weight							
ZH-12	4,77	0,57	6,26*	HZ-5	5,49	1,29	32,10**
ZH-40	5,83	1,63	51,59**	HZ-10	5,23	1,03	20,46**
ZH-44	4,82	0,62	7,52**	HZ-34	4,87	0,67	8,78**
ZH-57	4,91	0,72	9,92**	HZ-37	5,71	1,51	44,29**
ZH-58	4,71	0,52	5,16*	HZ-54	5,28	1,09	22,81**
ZH-60	4,87	0,68	8,84**	HZ-57	4,94	0,75	10,77**
ZH-62	5,32	1,13	24,52**	HZ-79	5,37	1,17	26,59**
ZH-91	5,12	0,92	16,47**				
ZH-107	5,00	0,80	11,42**				
ZH-109	5,28	1,08	20,85**				
ZH-115	5,44	1,24	27,50**				

\* Istotność na poziomie  $\alpha = 0.05$ ; \* Significant at  $\alpha = 0.05$  level

\*\* Istotność na poziomie  $\alpha = 0.01$ ; \*\* Significant at  $\alpha = 0.01$  level

Pośród wszystkich otrzymanych linii DH 16 linii charakteryzowało się jasnym zabarwieniem nasion (4 linie w populacji ZH i 12 linii w populacji HZ). Linie te poddano analizie porównawczej z żółtonasienną formą rodzicielską Z-114 w celu wyselekcjonowania genotypów o poprawionych parametrach cech struktury płonu i zawartości tłuszczu w stosunku do linii rodzicielskiej (tab. 4). Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała, że tylko 3 linie nie odbiegały istotnie swym zabarwieniem od linii Z-114. Jednak żadna z nich nie przekraczała w swych wartościach dla cech struktury płonu i zawartości

tłuszczu żółtonasiennej linii rodzicielskiej, z wyjątkiem linii DH HZ-10 charakteryzującej się istotnie wyższą masą tysiąca nasion. Wśród pozostałych 9 linii DH, o barwie nasion istotnie gorszej od linii rodzicielskiej Z-114, ale jednak o ocenie powyżej 4, dwie linie zasługują na szczególną uwagę: DH HZ-6 i DH HZ-54. Obie linie wyróżniły się istotnie wyższą liczbą łuszczyń na roślinie. Dodatkowo linia DH HZ-6 miała istotnie wyższą liczbę rozgałęzień, a linia DH HZ-54 charakteryzowała się istotnie wyższą masą tysiąca nasion i istotnie zwiększoną zawartością tłuszczu w nasionach.

Tabela 4

**Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH o jasnej barwie nasion a żółto nasienną linią rodzicielską Z-114**

**Scores and results of comparisons between light-seeded DH lines and yellow-seeded parental line Z-114**

Linia DH DH line	Liczba rozgałęzień Number of branches	Liczba łuszczyń na roślinie Number of siliques per plant	Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per silique	Masa tysiąca nasion Thousand seeds weight	Zawartość tłuszczu Fat content (%)	Barwa nasion (skala 0-5) Seeds colour (scale 0-5)
ZH-68	-0,68	-36,39	-2,81	-0,35	0,78	-1,04**
ZH-70	0,32	38,61	0,49	-0,62**	4,18**	-0,78**
ZH-76	1,62	49,61	0,49	-0,96**	4,78**	-0,65**
ZH-81	-0,84	-13,47	-1,63	-0,37	2,41	-0,91**
HZ-6	4,05**	257,19**	-8,29**	0,08	1,42	-0,64**
HZ-10	0,35	14,19	1,81	1,03**	-3,38**	0,12
HZ-24	0,56	-31,47	-5,11*	-0,15	-1,21	-0,13
HZ-41	0,26	66,53	2,89	0,18	3,28**	-0,68**
HZ-47	3,32**	130,61	3,69	0,00	3,58**	-0,63**
HZ-48	4,02	141,61	0,59	-0,10	0,58	-1,09**
HZ-49	2,02	95,61	3,09	0,20	2,68**	-0,57**
HZ-54	3,62	226,61**	-5,31*	1,07**	5,28**	-0,51**
HZ-58	1,02	86,61	4,49	-0,89**	-5,42**	-0,40**
HZ-66	0,86	27,53	2,17	-0,37	3,81**	-1,06**
HZ-68	1,16	-19,47	-0,43	-0,64**	0,01	-0,85**
HZ-78	-0,14	-99,47	-4,43	0,31	1,41	-0,10
Z-114	5,54	172,92	21,00	4,20	44,36	5,13

\* Istotność na poziomie  $\alpha = 0.05$ ; \* Significant at  $\alpha = 0.05$  level

\*\* Istotność na poziomie  $\alpha = 0.01$ ; \*\* Significant at  $\alpha = 0.01$  level

## DYSKUSJA

W celu zbadania wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję koloru nasion i cech struktury plonu wyprowadzono dwie populacje linii DH metodą izolowanych mikrospor z mieszańców pokolenia  $F_1$  otrzymanych z krzyżowania odwrotnego pomiędzy żółtonasienną i czarnonasienną linią DH. Podwojone haploidy są w pełni homozygotyczne, a przez to stabilne genetycznie, co jest szczególnie ważne w badaniach nad formami żółtonasiennymi, gdyż jasnożółty kolor nasion jest warunkowany obecnością trzech recesywnych alleli genów w stanie homozygotycznym (Rahman i in., 2007). Ze względu na dużą liczebność otrzymanych populacji (łącznie 176 obiektów), oceny linii DH dokonano na podstawie doświadczenia w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami (linie rodzicielskie).

Wyliczone współczynniki zmienności dla badanych cech dla populacji ZH i HZ uwzględniały ogólną zmienność, zarówno dziedziczną, w tym wypadku rekombinacyjną, jak i niedziedziczną, natomiast współczynniki zmienności populacji rodzicielskich (na podstawie 27 replikacji rodzicielskich linii DH) były wyznacznikiem zmienności niedziedzicznej. Stosunkowo wysokie współczynniki zmienności dla cech struktury plonu dla populacji Z i H mogły być spowodowane silnym wpływem czynników niegenetycznych takich jak środowisko, brak reprezentatywności próby, błąd pomiaru (Allard, 1968). Jednak dla wszystkich badanych cech zmienność populacji ZH i HZ była wyższa niż populacji rodzicielskich, co świadczy o pojawieniu się licznych i zróżnicowanych rekombinantów.

Przeprowadzony podział czterech populacji na grupy jednorodne wykazał brak wpływu kierunku krzyżowania na średnie wartości cech struktury plonu i zawartości tłuszczu. Podobne wyniki otrzymano we wcześniejszych badaniach nad populacjami podwojonych haploidów (Szała i in., 2009). Jak podają Henderson i Pauls (1991) barwa okrywy nasiennej jest determinowana przez genotyp mateczny. Tymczasem kierunek krzyżowania nie miał wpływu na ekspresję barwy nasion u linii podwojonych haploidów. Wpływał on tylko istotnie na barwę nasion mieszańców pokolenia  $F_1$ : nasiona mieszańca  $DH H_2-26 \times DH Z-114$  były czarne, a mieszańca  $DH Z-114 \times DH H_2-26$  — żółte. Jednak średnie oceny barwy nasion populacji ZH i HZ nie różniły się istotnie między sobą, przy czym w populacji HZ linii DH o jasnym zabarwieniu nasion (o ocenie  $> 4$ ) było dwanaście, a w populacji ZH — tylko cztery.

Największą liczbę linii DH o dodatnich efektach transgresji zaobserwowano dla masy tysiąca nasion. Natomiast odnośnie liczby rozgałęzień, zawartości tłuszczu i koloru nasion nie odnotowano przypadków dodatniej transgresji. Zebrane wyniki potwierdzają tezę Riesenberga (1999), że częstotliwość występowania linii transgresyjnych zależy od zróżnicowania genetycznego i podobieństwa fenotypowego form rodzicielskich.

Wśród 12 linii DH, o jasnej barwie nasion, wyodrębniono dwie linie: DH HZ-6 i DH HZ-54, wyróżniające się istotnie wyższą liczbą tłuszczyn na roślinie niż żółtonasienna linia rodzicielska. Stwarza to możliwość wyselekcjonowania istotnie wyżej plonujących linii żółtonasiennych, gdyż spośród wszystkich elementów struktury plonu właśnie ta cecha w największym stopniu decyduje o plonie nasion (Diepenbrock, 2000).

#### WNIOSKI

- Na podstawie przeprowadzonego doświadczenia stwierdzono, że:
- kierunek krzyżowania nie miał wpływu na barwę nasion; nie wykazano także wpływu efektów matecznych na badane cechy struktury plonu.
  - metoda izolowanych mikrospor stwarza możliwość uzyskania wartościowych, stabilnych genetycznie rekombinantów. Wyselekcjonowano transgresyjne linie DH oraz żółtonasienne linie DH o istotnie wyższych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach w porównaniu do żółtonasiennej linii rodzicielskiej DH Z-114.

LITERATURA

- Allard R. W. 1968. Podstawy hodowli roślin. PWRiL, Warszawa.
- Ceranka B., Chudzik H. 1977. Doświadczenia jednopowtórzeniowe z wzorcem. Siódme Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii. PAN, Warszawa: 318 — 331.
- Diepenbrock W. 2000. Yield analysis of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Field Crops Research 67 (1): 35 — 49.
- Henderson C. A. P., Pauls K. P. 1992: The use of haploidy to develop plants that express several recessive traits using light-seeded canola (*Brassica napus*) as an example. Theor. Appl. Genet. 83: 476 — 479.
- Hernacki B. 2007. Rzepak żółtonasienny — aktualny stan badań w skali światowej, problem I zagadnienia. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXVIII (2): 125 — 150.
- Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiwicz T. 1985. Analiza statystyczno-genetyczna doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem na przykładzie doświadczenia z rodami pszenicy jarej. Piętnaste Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii. PAN, Warszawa: 183 — 194.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. American Naturalist 106: 283 — 292.
- Rahman M., McVetty P. B. E., Li G. 2007. Inheritance of seed color genes of *Brassica napus* (L.) and tagging the genes using SRAP molecular markers. Proceedings of the 10<sup>th</sup> International Rapeseed Congress, Canberra, Australia 4: 1154 — 1156.
- Rieseberg L. H., Archer M. A., Wayne R. K. 1999. Transgressive segregation, adaptation and speciation. Heredity 83: 363 — 372.
- Szała L., Kaczmarek Z., Adamska E., Cegielska-Taras T. 2009. Efekty transgresji w populacjach linii DH rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) uzyskanych z mieszańców F<sub>1</sub> z krzyżowania odwrotnego odm. Californium i DH W-15. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXX (2): 185 — 196.