

**TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ**<sup>1</sup>**JERZY NAWRACAŁA**<sup>1</sup>**JAN BOCIANOWSKI**<sup>2</sup><sup>1</sup> Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu<sup>2</sup> Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

## Analiza genetyczna cech ilościowych pokolenia F<sub>1</sub> rzepaku jarego (*Brassica napus* L.)

### Genetic analysis of quantitative traits of F<sub>1</sub> generation of spring rape (*Brassica napus* L.)

Przeprowadzono krzyżowanie dialleliczne (typ II wg Griffinga, 1956) pomiędzy 8 liniami wsobnymi (S<sub>6</sub>) rzepaku jarego. Linie te wyselekcjonowano z 30 linii hodowlanych (SHR Borowo) w oparciu o wyniki wielozmiennej analizy wariancji. Doświadczenie polowe z genotypami rodzicielskimi oraz z mieszańcami F<sub>1</sub> przeprowadzono w latach 2002–2003. Wykonano analizę genetyczną dziewięciu cech ilościowych. Dla wszystkich badanych cech w obu latach doświadczenia istotne statystycznie (na poziomie  $\alpha = 0,01$ ) okazały się efekty związane z addytywnym działaniem genów. Istotność dominowania obserwowano prawie wyłącznie w pierwszym roku doświadczenia. Współczynniki odziedziczalności analizowanych cech różniły się znacznie w obu latach doświadczenia: w drugim roku były one zawsze niższe. Najwyższe wartości współczynników h<sup>2</sup> stwierdzono dla wysokości roślin (0,71 w 2003 r. i 0,30 w 2002 r.), natomiast najniższe dla liczby łuszczyń z rośliny (odpowiednio 0,19 i 0,05).

**Słowa kluczowe:** analiza genetyczna, diallel, rzepak jary

Diallel crosses (Griffing's type II) between 8 inbred lines of spring rape were made. The lines were selected from 30 breeding lines (SHR Borowo) based on the results of multivariate analysis of variance. Field experiments with parental genotypes and F<sub>1</sub> hybrids were carried out in the years 2002 and 2003. Genetic analysis of nine quantitative traits was done. Significant effects of additive genes were found for all of the evaluated traits and for both years of the experiment. Significant dominance effects were only observed in the first year of investigations. Coefficients of heritability differed greatly between years of the experiment. These were always lower in the second year. The highest values of heritability were found for plant height (0.71 in 2003 and 0.30 in 2002), whereas the lowest ones were recorded for the number of pods per plant (0.19 and 0.05, respectively).

**Key words:** diallel, genetic analysis, spring rape

#### WSTĘP

Rzepak jary (*Brassica napus* L.) jest najważniejszym w warunkach klimatycznych Polski jarym gatunkiem oleistym, szczególnie po ostrej zimie i wymarznieniu rzepaku

ozimego. Znaczenie gospodarcze rzepaku jarego w Polsce jest mniejsze niż rzepaku ozimego, głównie za sprawą niższego plonowania, dużej wrażliwości na suszę oraz podatność na choroby i szkodniki. Plantacje rzepaku jarego zlokalizowane są na ogół we wschodnich oraz południowych — podgórskich rejonach kraju, gdzie przebieg zimy stwarza znaczne ryzyko wymarzenia rzepaku ozimego. Nasiona rzepaku jarego użytkuje się, podobnie jak rzepaku ozimego, głównie jako surowiec dla przemysłu tłuszczowego i paszowego. W krajach Europy Zachodniej rzepak jary staje się coraz bardziej popularny, a i w Polsce zarejestrowano w ostatnich latach wiele interesujących odmian populacyjnych i mieszańcowych. Trudno spodziewać się, żeby rzepak jary stanowił w Polsce poważną konkurencję dla rzepaku ozimego, jednak jego uprawa na powierzchni kilkudziesięciu tysięcy hektarów stanowiłaby pewne zabezpieczenie surowcowe dla przemysłu olejarskiego (Wałkowski, 1997).

Rzepak (zarówno ozimy jak i jary) charakteryzuje się niewielką zmiennością genetyczną a brak w naturze dzikich przodków tego gatunku utrudnia proces hodowli. Efektywność hodowli zależy przede wszystkim od właściwego doboru materiału wyjściowego, co wiąże się ze znajomością zmienności genetycznej (przede wszystkim cech ilościowych) i sposobów dziedziczenia interesujących hodowcę cech. Prac dotyczących tych zagadnień u rzepaku jarego było stosunkowo mało (Chay i Thurling, 1989), a analizy oparte na krzyżowaniu diallelicznym dotyczyły głównie ogólnej zdolności kombinacyjnej i heterozji (Łuczkiwicz i in., 2006) lub innych cech niż komponenty plonu (Dahanayake i Galwey, 1999).

Celem badań była charakterystyka zmienności cech linii wsobnych rzepaku jarego, którymi dysponuje polska hodowla tego gatunku oraz analiza genetyczna mieszańców  $F_1$ .

#### MATERIAŁ I METODY

Na podstawie obserwacji 30 linii wsobnych ( $S_6$ ) rzepaku jarego, otrzymanych z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o., Zakładu Doświadczalnego w Borowie, przeprowadzonych w 1999 i 2000 roku wybrano 8 linii najbardziej różniącymi się pod względem kilkunastu cech. Wyboru linii do doświadczenia polowego dokonano na podstawie wielozmiennej analizy wariancji (MANOVA). Pomiędzy wybranymi liniami wykonano w latach 2000 i 2001 (w szklarni) krzyżowanie dialleliczne (typ II wg Griffinga, 1956) — uzyskując łącznie 56 mieszańców.

Mieszańce  $F_1$  zostały wysiane w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Akademii Rolniczej w Dłoni w latach 2002 i 2003. Doświadczenia polowe zostały założone w układzie częściowo zrównoważonej kraty kwadratowej (Cochran i Cox, 1957) z 64 obiektami (8 linii rodzicielskich i 56 mieszańców  $F_1$ ) w czterech powtórzeniach. Każde doświadczenie składało się z 256 poletek jednorzędowych długości 1 m. Zastosowano rozstaw pomiędzy rzędami -0,5 m. W każdym rzędzie analizowano 15 roślin. Podczas wegetacji roślin i po zbiorze przeprowadzono pomiary biometryczne roślin: średnicy szyjki korzeniowej, wysokości rośliny, liczby rozgałęzień pierwszego rzędu, wysokości do pierwszego rozgałęzienia, liczby łuszczyń z rośliny, liczby nasion z rośliny, masy nasion z rośliny, masy 1000 nasion i liczby nasion w łuszczyźnie.

Wykorzystując program DGH2 (Kala i in., 1996) obliczono komponenty genetyczne, dziedziczalność oraz spodziewany postęp genetyczny.

## WYNIKI I DYSKUSJA

Zmienność fenotypowa rzepaku uwarunkowana jest głównie przez genotyp rośliny oraz efekty interakcji genotyp  $\times$  środowisko (Grami i Stefansson, 1977; Hu, 1987; Brandle i McVetty, 1988). Uwarunkowania genetyczne cech ilościowych są często trudne do ustalenia i dają niejednoznaczne wyniki. W przeprowadzonych doświadczeniach stwierdzono, że addytywne działanie genów było istotne w obu latach doświadczenia dla wszystkich badanych cech, a uwarunkowanie tych cech było zgodne z modelem addytywno – dominującym Mathera (tab. 1).

Tabela 1

**Analiza wariancji komponentów genetycznych dziewięciu cech rzepaku jarego w pokoleniu F<sub>1</sub> (w latach 2002 i 2003)**

**Analysis of variance of genetic components for nine traits of spring rape in F<sub>1</sub> generation (years 2002 and 2003)**

Cecha Trait	Parametr Parameter	Rok Year	Dominowanie Dominance	Jeden kierunek One direction	Asymetria Asymmetry	Addytywność Additivity
Średnica szyjki korzeniowej Root neck diameter		2002	0,01**	0,11**	0,01*	0,09**
		2003	0,02	0,06	0,01	0,12**
Wysokość rośliny Plant height		2002	38,26**	317,53**	10,57	450,38**
		2003	54,26**	474,77**	75,30**	156,90**
Liczba rozgałęzień I rzędu Number of branches		2002	0,97**	7,41**	0,70*	4,79**
		2003	0,75	2,76	0,42	1,72*
Wysokość do I rozgałęzienia Height to the first branch		2002	14,76**	9,95	12,60*	97,15**
		2003	10,40**	37,62**	11,74*	28,77**
Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant		2002	517,11*	5054,28**	215,44	1046,07**
		2003	718,35*	5930,53**	876,33	737,70
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant		2002	2,76**	3,25**	6278,02	8,22**
		2003	5,44	4,59**	7,01	1,86**
Masa nasion z rośliny Seeds weight per plant		2002	1,36**	14,63**	0,29	5,37**
		2003	3,55	29,98**	4,49	11,17**
MTN 1000 seeds weight		2002	0,14**	0,29*	0,07	1,56**
		2003	0,23	1,21*	0,20	0,75**
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per pod		2002	1,22	3,59	0,46	4,41**
		2003	1,16	4,88*	1,94	6,99**

\* Istotne na poziomie  $\alpha = 0,05$ ; Significant at  $\alpha = 0.05$  level

\*\* Istotne na poziomie  $\alpha = 0,01$ ; Significant at  $\alpha = 0.01$  level

Wykazano również, że dominowanie, dominowanie jednokierunkowe, addytywność były statystycznie istotne w dziedziczeniu zdecydowanej większości cech w obu latach doświadczenia (szczególnie w pierwszym roku badań). Dominowanie nie było statystycznie istotne dla liczby nasion w łuszczyńce w obu latach badań, natomiast w 2003 roku istotności dominowania nie wykazano dla średnicy szyjki korzeniowej, liczby rozgałęzień I rzędu, liczby nasion z rośliny, masy nasion z rośliny oraz MTN.

Dominowanie jednokierunkowe było nieistotne jedynie dla wysokości do I rozgałęzienia i liczby nasion w łuszczynie w 2002 roku oraz średnicy szyjki korzeniowej i liczby rozgałęzień I rzędu w drugim roku badań. Asymetria w rozkładzie genów warunkujących analizowane cechy ilościowe u form rodzicielskich była istotna w 27% rozpatrywanych (cechy  $\times$  lata) przypadków. Ocena średniego stopnia dominowania wskazywała, że w zależności od badanej cechy stopień dominacji był różny: największy dla średnicy szyjki korzeniowej w pierwszym roku doświadczenia (1,88), najmniejszy dla liczby nasion w łuszczynie (0,34) (tab. 2).

Tabela 2

**Analiza komponentów genetycznych Mathera, odziedziczalność i spodziewany postęp genetyczny dla 9 cech rzepaku jarego w pokoleniu F<sub>1</sub> krzyżówek diallelicznych (2002 i 2003 r.)**  
**Analysis of Mather's genetic components, heritability and expected genetic gain for nine spring rape traits in F<sub>1</sub> generation of diallel crosses (years 2002 and 2003)**

Parametr Parameter	Cecha Trait	Średnica szyjki korze- niowej Root Neck diameter	Wysokość Rośliny Plant height	Liczba rozgałęzień I rzędu Number of branches	Wysokość do I rozgałęzie- nia Height to the first branch	Liczba łuszczyn z rośliny Number of pods per plant	Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	Masa nasion z rośliny Seeds weight per plant	MTN 1000 seeds weight	Liczba nasion w łuszczynie Number of seeds per plant
D		0,01	123,12	0,53	14,04	244	7919	0,51	0,23	1,01
	X		147,22	X	8,81	324	21500	1,22	X	X
F		-0,01	14,82	-0,27	-3,44	1,44	-14710	-0,95	-0,15	-0,23
	X		152,55	X	7,84	564	6186	0,42	X	X
H <sub>1</sub>		0,02	64,40	1,76	24,42	412	22640	1,15	0,13	0,12
	X		99,41	X	15,39	810	44070	2,91	X	X
H <sub>2</sub>		0,02	61,94	1,43	18,94	464	28100	1,42	0,13	0,50
	X		60,82	X	10,47	503	23500	1,60	X	X
H <sup>2</sup>		0,05	138,92	3,24	4,35	2211	142200	6,40	0,13	1,57
	X		207,71	X	16,46	2595	201000	13,11	X	X
Średni stopień dominacji Mean dominance		1,88	0,72	1,82	1,32	1,30	1,69	1,50	0,74	0,34
	X		0,82	X	1,32	1,58	1,43	1,55	X	X
Odziedziczalność w wąskim sensie Heritability in narrow sense		0,51	0,71	0,48	0,53	0,19	0,29	0,37	0,64	0,28
	X		0,30	X	0,27	0,05	0,27	0,25	X	X
Odziedziczalność w szerokim sensie Heritability in broad sense		0,73	0,91	0,78	0,75	0,43	0,54	0,59	0,75	0,36
	X		0,57	X	0,52	0,25	0,36	0,35	X	X
Spodziewany postęp genetyczny (20%) Expected genetic gain (20%)		0,1	14,5	1,0	4,6	13,7	109,8	0,9	0,6	0,7
	X		10,5	X	2,7	10,0	127,0	1,0	X	X

X — Brak możliwości wyznaczenia charakterystyk genetycznych; zmienność związana z błędem jest większa od zmienności rodziców; No possibilities to calculate genetic characteristics; variability of error is higher than variability of parents

D — Komponent addytywny; Additivity  
H<sub>2</sub> — Dominacja; Domination

F — Komponent nieaddytywny; Nonadditivity  
H<sup>2</sup> — Dominacja jednokierunkowa; One directional dominatio

Średni stopień dominacji w dziedziczeniu dziewięciu cech był w obu latach zbliżony. W 2003 roku oszacowanie średniego stopnia dominacji nie było możliwe dla 4 cech ponieważ średni kwadrat dla błędu był większy od średniego kwadratu dla linii rodzicielskich. Naddominacja ( $H_1 > 0$ ) wystąpiła w dziedziczeniu wszystkich badanych cech w pierwszym roku doświadczenia oraz w drugim roku doświadczenia (dla cech, dla których istniała możliwość wyznaczenia charakterystyk genetycznych). Wykonane obliczenia wykazały, że cechy: wysokość rośliny (2002 i 2003), masa tysiąca nasion i liczba nasion w łuszczyńce (2002 r.) uwarunkowane są przez geny addytywne i geny wykazujące częściową dominację ( $H_2 < D$ ). Zhang i wsp. (1996) stwierdzili, że masa 1000 nasion oraz plon nasion rzepaku były kontrolowane zarówno przez genotyp nasion (tj. efekty addytywne i związane z dominowaniem) oraz efekty mateczne.

Oszacowanie współczynników odziedziczalności dla wszystkich analizowanych cech było możliwe w pierwszym roku doświadczenia. W drugim roku doświadczenia dla czterech (z 9) cech średni kwadrat dla błędu był większy od średniego kwadratu dla linii rodzicielskich, co uniemożliwiło obliczenia  $h^2$ . Współczynniki odziedziczalności (zarówno w szerokim, jak i wąskim sensie) oszacowane w pierwszym roku doświadczenia były zawsze wyższe aniżeli w drugim roku doświadczenia (tab. 2). Najwyższe wartości odziedziczalności w wąskim sensie stwierdzono dla wysokości roślin i masy 1000 nasion (w 2002 roku). Najniższe wartości współczynnika odziedziczalności stwierdzono dla liczby łuszczyń i liczby nasion z rośliny (w obu latach doświadczenia).

Wyniki spodziewanego postępu genetycznego wskazują że w badanej populacji rzepaku jarego możliwa jest zmiana takich cech, jak: wysokość roślin, wysokość do pierwszego rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny oraz masa nasion z rośliny (przy założeniu selekcji 20% roślin wykazujących najwyższe wartości cechy).

Postęp genetyczny dla wymienionych cech był podobny w obydwu latach doświadczenia.

#### WNIOSKI

1. Analiza wariancji umożliwiła wyznaczenie charakterystyk genetycznych dla wszystkich badanych cech w pierwszym roku doświadczenia i dla 5 (z 9) cech w drugim roku doświadczenia.
2. Stwierdzono addytywne działanie genów w dziedziczeniu badanych cech w obu latach doświadczenia.
3. Dominowanie było statystycznie istotne w dziedziczeniu wszystkich cech ilościowych w pierwszym roku doświadczenia (poza liczbą nasion w łuszczyńce). Było to najczęściej dominowanie jednokierunkowe.
4. Współczynniki odziedziczalności różniły się w zależności od roku doświadczenia i analizowanej cechy. Najwyższe współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie otrzymano dla wysokości rośliny ( $h^2 = 0,71$  i  $0,30$ ) i wysokości do I rozgałęzienia ( $0,53$  i  $0,27$ ) — (odpowiednio w roku 2002 i 2003).

5. Spodziewany postęp genetyczny (przy 20% wyselekcjonowanych roślin) jest możliwy przy selekcji takich cech, jak: wysokość roślin, wysokość do I rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny oraz masa nasion z rośliny.

#### LITERATURA

- Chay P., Thurling N. 1989. Identification of genes controlling pod length in spring rapeseed, *Brassica napus* L., and their utilization for yield improvement. *Plant Breeding* 103 (1): 54 — 62.
- Cochran W. G., Cox G. M. 1957. *Experimental design*. John Wiley Inc. New York.
- Dahanayake S. R., Galwey N. W. 1999. Diallel analysis of vernalisation responses in spring rape (*Brassica napus* L.): a basis for adaptation to a Mediterranean environment. *Australian J. Agric. Research* 50 (8):1417 — 1424.
- Brandle J. E., McVetty P. B .E. 1988. Effects of inbreeding and estimates of additive genetic variance within seven summer oilseed rape cultivars. *Genome* 32: 115 — 119.
- Grami B., Stefansson B. R. 1977. Paternal and maternal effects on protein and oil content in summer rape. *Canadian Journal of Plant Science* 57: 945 — 949.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463 — 492.
- Hayman B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789 — 809.
- Hu Z. L. 1987. Genetic analysis on several quality traits in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Oil Crops of China* 1: 19—22.
- Łuczkiwicz T., Nawracała J., Dyba S., Bączkiewicz B., Bocianowski J. 2006. Ocena efektów GCA, SCA i heterozji kilku cech linii hodowlanych rzepaku jarego. *Prace z zakresu nauk rolniczych PTPN.* 100: 191 — 199.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1996. DGH2 — system analiz statystycznych dla potrzeb Doświadczeń Genetyczno-Hodowlanych wersja 2.0.
- Wałkowski T. 1997. *Rzepak jary*. IHAR Poznań.
- Zhang S. F., Song W. G., Ren L. J, Tian B. M., Wen Y. C., Liu J. M., Wang J. P. 1996. Studies on hereditary capacity of quantitative characters and gene effects of CMS double low *Brassica napus*. *Oil Crops of China* 3: 1 — 3.