

MARIA SURMA ¹
TADEUSZ ADAMSKI ¹
ANDRZEJ BICHONSKI ²
ZDZISŁAW BILIŃSKI ⁵
ZBIGNIEW BYSTRY ³
PIOTR JAROSZ ⁴
ZYGMUNT KARCZMAREK ¹
ANETTA KUCZYŃSKA ¹
KAROLINA KRYSTKOWIAK ¹
WOJCIECH MIKULSKI ⁴
JADWIGA NADZIAK ⁵
WANDA ORŁOWSKA-JOB ⁶
ZDZISŁAW PASZKIEWICZ ³
MICHAŁ RĘBARZ ¹
ANNA SYBILSKA ⁷

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

² Małopolska Hodowla Roślin, SHR Polanowice

³ Poznańska Hodowla Roślin, Sp. z o.o.

⁴ Hodowla Roślin Szelejewo, Sp. z o.o., SHR Modzurów

⁵ Hodowla Roślin Smolice, Sp. z o.o., ZD Bąków

⁶ Hodowla Roślin Strzelce, Sp. z o.o.

⁷ ZDHAR Radzików

Fenotypowe i genetyczne zróżnicowanie rodów jęczmienia jarego

Phenotypic and genetic divergence of spring barley breeding lines

Celem pracy była analiza zróżnicowania 42 rodów jęczmienia jarego badanych w doświadczeniach wstępnych w 2004 roku z punktu widzenia ich przydatności jako komponentów do krzyżowań. Określono ich odległość fenotypową oraz podobieństwo genetyczne. Zróżnicowanie fenotypowe pod względem badanych cech struktury płonu oraz wysokości roślin i terminu kłoszenia traktowanych łącznie oszacowano za pomocą wielozmiennej analizy wariancji oraz analizy zmiennych kanonicznych. Podobieństwo genetyczne określono na podstawie polimorfizmu losowo amplifikowanych fragmentów DNA. Stwierdzono niewielkie zróżnicowanie badanych rodów na poziomie molekularnym. Zróżnicowanie fenotypowe było znacznie większe, jednak nie obserwowano ścisłej zależności między odległością genetyczną a fenotypową. Ród STH363 znacznie różnił się od pozostałych rodów na poziomie molekularnym. Ród ten może stanowić interesujący materiał jako komponent do krzyżowań.

Słowa kluczowe: jęczmień, podobieństwo genetyczne, odległość fenotypowa, analiza wielozmienna

The aim of the studies was to determine diversity of 42 barley breeding lines, examined in 2004 in a pre-registered trial, in relation to their usefulness as parents in crossing programme. Phenotypic distance and genetic similarity were evaluated. Phenotypic divergence regarding yield-related traits, plant height and heading date treated simultaneously was estimated using multivariate analysis of variance and canonical variate analysis. Genetic similarity was calculated on the basis of randomly amplified polymorphic DNA markers. Narrow genetic diversity was found in the analysed barley lines. Phenotypic divergence was much higher, but no close relationship between genetic and phenotypic distances was observed. Line STH363 considerably differed from the other lines at a molecular level. This line could be used as a parent in crossing programme.

Key words: barley, genetic similarity, phenotypic distance, multivariate analysis

WSTĘP

Efektywność hodowli roślin zależy w dużym stopniu od trafności wyboru komponentów do krzyżowań. Od wielu lat zarówno genetycy jak i hodowcy starają się znaleźć prosty i szybki sposób oceny potencjału genetycznego par form wyjściowych. Proponowane w połowie ubiegłego wieku metody biometryczne, służące do oceny ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej, oparte były na analizie mieszańców wczesnych pokoleń i w związku z tym nie znalazły większego zastosowania w hodowli jęczmienia. Ponadto niewiele jest prac dotyczących zależności między efektami ogólnej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich a częstością korzystnych rekombinantów w potomstwie tych form (Surma, 1996). Jinks i Pooni (1976) stwierdzili, że prawdopodobieństwo wystąpienia form transgresyjnych jest tym większe, im mniejsza jest różnica fenotypowa między parą form rodzicielskich i im większe jest zróżnicowanie genetyczne między nimi. Stąd też informacja o zróżnicowaniu form, które mają być użyte do nowych krzyżowań, zarówno w odniesieniu do cech morfologicznych jak i polimorfizmu DNA, może być bardzo pomocna dla hodowców z punktu widzenia wyboru odpowiednich kombinacji krzyżówkowych.

W ostatnich latach wiele prac poświęcono badaniu związków między zróżnicowaniem cech morfologicznych a stopniem pokrewieństwa i zróżnicowaniem ocenionym na podstawie markerów molekularnych u różnych gatunków roślin uprawnych. Uzyskane wyniki nie są jednoznaczne. Istotną zależność między odległością fenotypową i genetyczną, określoną za pomocą markerów RFLP lub RAPD, stwierdzono między innymi u linii wsobnych i populacji europejskich kukurydzy (Dillmann i in., 1997; Rebourg i in., 2001) oraz u rodów melona (Garcia i in., 1998). U jęczmienia natomiast związek ten nie jest wyraźny (Schut i in., 1997).

W charakteryzowaniu materiałów wyjściowych agronomiczne cechy dziedziczące się poligenicznie mają ograniczone znaczenie z powodu wpływu warunków środowiska na kształtowanie się ich wartości oraz ze względu na coraz bardziej zawężającą się zmienność fenotypową materiałów hodowlanych. W przeciwieństwie do cech morfologicznych markery molekularne oparte na polimorfizmie sekwencji DNA są niezależne od środowiska i zazwyczaj wykazują wysokie zróżnicowanie. Stąd też podejście łączące wyniki obserwacji morfologicznych z wynikami badań na poziomie molekularnym może

być pomocne przy wyborze par form rodzicielskich dających szansę uzyskania wartościowego potomstwa (Garcia i in., 1998).

Celem niniejszej pracy była ocena zróżnicowania fenotypowego wybranych rodów jęczmienia pod względem cech plonotwórczych oraz określenie stopnia ich zróżnicowania genetycznego na podstawie markerów molekularnych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły 42 rody jęczmienia jarego pastewnego: 7 z hodowli w Modzurowie (oznaczone jako MOB), 6 z Nagrałowic (NAD), 8 ze Strzelca (STH), 8 z Bąkowa (BKH), 5 z Radzikowa (RAH) i 6 z Polanowic (POB). Rody te wraz z odmianami wzorcowymi Blask, Stratus i Scarlett badane były w doświadczeniach wstępnych w 2004 r. w 6 miejscowościach: Nagrałowice, Strzelce, Bąków, Radzików, Modzurów i Polanowice.

Doświadczenia zakładano w blokach losowanych kompletnych w 4 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m². Analizowano następujące cechy: plon ziarna, wysokość roślin, długość kłosa, liczba i masa ziarna z kłosa, masa 1000 ziaren, termin kłoszenia. Przeprowadzono wielozmienną analizę wariancji dla doświadczeń czynnikowych (Ceranka i in., 1977). Testowanie hipotez w MANOVA przeprowadzono za pomocą algorytmu przedstawionego w pracy Calińskiego i wsp. (1976). Jako miarę podobieństwa fenotypowego rodów ze względu na wszystkie analizowane cechy przyjęto uogólnioną odległość Mahalanobisa, D, (Caliński, Karczmarek, 1973). W celu graficznego obrazowania rozmieszczenia rodów opisanych analizowanymi cechami na płaszczyźnie zastosowano analizę zmiennych kanonicznych (Caliński, Karczmarek, 1973).

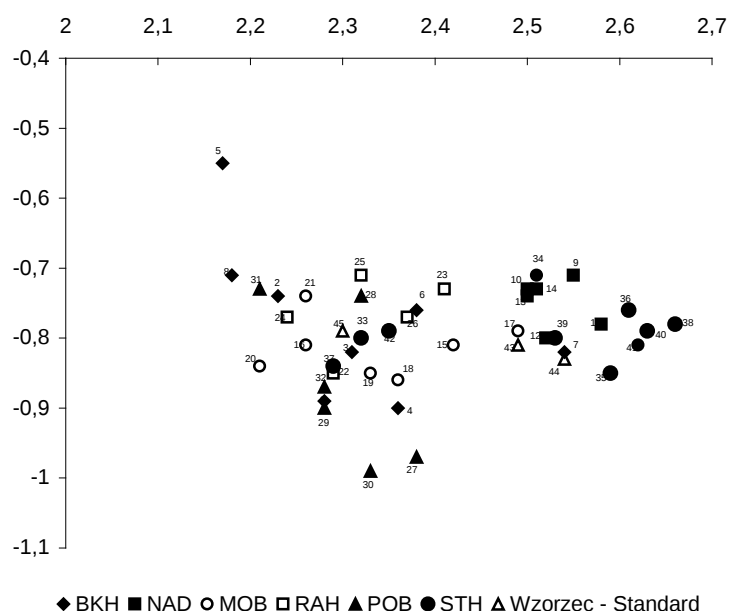
Zróżnicowanie rodów na poziomie molekularnym określono na podstawie polimorfizmu losowo amplifikowanych fragmentów DNA. Wybrano 20 starterów generujących powtarzalne, polimorficzne fragmenty DNA. Izolacja DNA oraz warunki reakcji PCR zastosowano takie same jak w pracy Kuczyńskiej i wsp. (2001). Podobieństwo genetyczne (GS) dla wszystkich par genotypów obliczono według wzoru Nei'a i Li (1979):

$$GS_{ij} = \frac{2N_{ij}}{(N_i + N_j)},$$

gdzie GS_{ij} jest miarą podobieństwa genotypów i oraz j , N_{ij} jest liczbą alleli obecnych zarówno w genotypie i , jak i w genotypie j , N_i oznacza liczbę alleli w genotypie i , N_j jest liczbą alleli w genotypie j . Uzyskane wyniki oceny podobieństwa genetycznego posłużyły do hierarchicznego grupowania rodów metodą średnich połączeń UPGMA. Rezultaty grupowania (macierz podobieństwa GS_{ij}) stanowiły podstawę do konstrukcji dendrogramu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych rodów pod względem wszystkich cech z wyjątkiem długości kłosa. Cechami najsilniej różnicującymi rody były termin kwitnienia i wysokość roślin (F_{obl} równe odpowiednio 30,64 oraz 14,95 wobec $F_{0,05} = 1,42$).



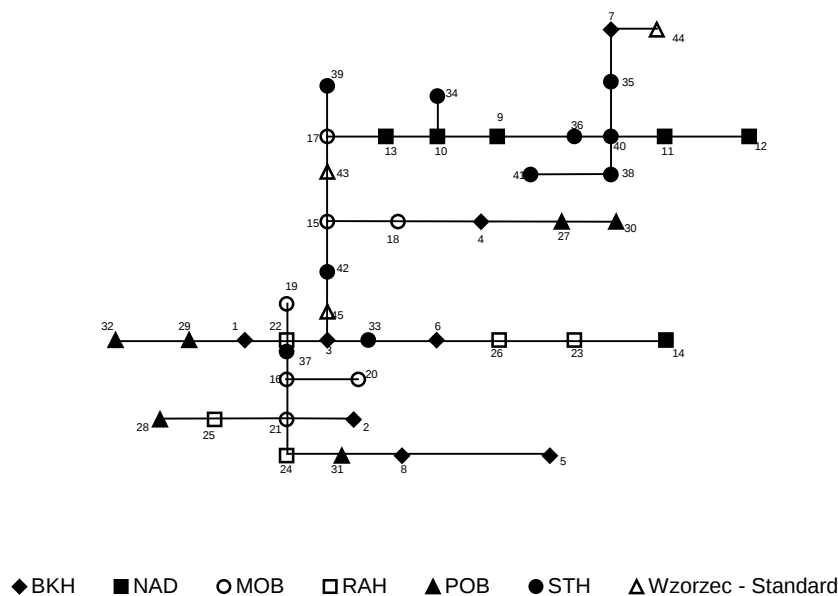
Rys. 1. Położenie rodów jęczmienia w układzie pierwszych dwóch zmiennych kanonicznych (numery rodów i odmian podano w tabeli 1)

Fig. 1. Configuration of barley genotypes in the space of two first canonical variables (numbers of breeding lines and cultivars are given in Table 1)

Na rysunku 1 przedstawiono wzajemne położenie badanych rodów w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych, uwzględniające wszystkie obserwowane cechy traktowane łącznie. Można zauważyć, że rody skupione są w dwóch grupach, przy czym w jednej z nich znajdują się głównie rody STH i MOB oraz wzorce (43 — Blask i 44 — Scarlett) i ród BKH75, w drugiej, mniej zwartej, większość pozostałych form. Od obu skupień wyraźnie odbiegają rody: BKH73 (5), BKH76 (8), MOB5697/00 (20), POB4192/00 (30) i POB8058/99 (27). Przedstawiony na rysunku 1. obraz zawiera pewną stratę informacji wynikającą z przekształcenia przestrzeni wielowymiarowej do płaszczyzny (procent zachowanej informacji wynosi dla pierwszej i drugiej zmiennej kanonicznej odpowiednio 66,36 i 19,94%). W związku z tym na dendrycie (rys. 2) pokazano, które z badanych form są najbardziej do siebie zbliżone (w tabelach i na wykresach zastosowano takie same numeryczne oznaczenia rodów). Do odmiany wzorcowej Scarlett (44) najbardziej podobny pod względem analizowanych cech okazał się ród BKH75 (7) ($D = 0,97$), do odm. Blask (43) rody MOB 5618/00 (15) ($D = 1,50$) i MOB5320/00 (17) ($D = 1,07$), natomiast do odm. Stratus (45) rody STH8586 (42) i BKH68 (3) (D odpowiednio 1,19 i 0,86).

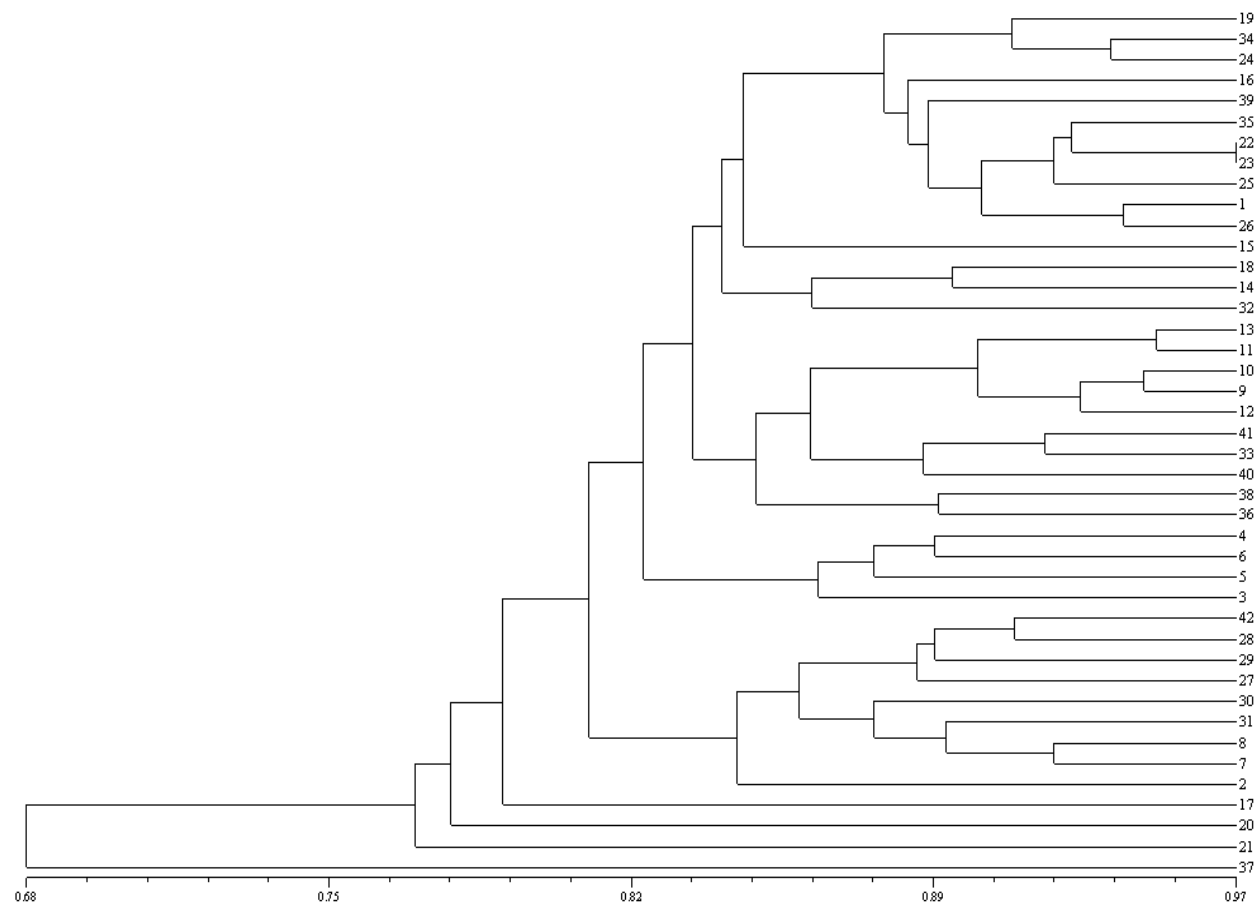
Nie stwierdzono wyraźnej zależności między odległością fenotypową a pochodzeniem rodów. I tak na przykład wywodzące się z tej samej kombinacji krzyżówkowej rody BKH68 (3) i BKH73 (5) pod względem fenotypowym znacznie się różnią ($D = 4,95$), podobnie rody BKH74 i BKH75 ($D = 3,33$). Ciekawą pod tym względem grupę stanowią rody NAD (nr 9–13) wywodzące się od tej samej pary form rodzicielskich. Z rysunku 1 wynika, że trzy z nich (NAD8402 (9), NAD8502 (10) oraz NAD8902 (13)) są do siebie fenotypowo zbliżone (D od 1,09 do 1,80), podczas gdy dwa pozostałe z tej grupy: NAD8602 (11) i NAD8702 (12) są wyraźnie różne (odległość fenotypowa między tymi formami a innymi rodami NAD wynosi od 1,80 do 2,96).

W pracy do określenia podobieństwa genetycznego analizowanych form zastosowano markery RAPD. Metoda wykrywania polimorfizmu losowo zamplikowanych fragmentów DNA jest prosta w wykonaniu, pozwala na szybkie wykrycie różnic w sekwencji DNA na obszarze całego genomu (Devos, Gale, 1992).



Rys. 2. Dendryt najkrótszych połączeń między parami rodów jęczmienia wykreślony na podstawie odległości Mahalanobisa (numery rodów i odmian podano w tabeli 1)

Fig. 2. Dendrite presenting the shortest distances between pairs of barley genotypes constructed on Mahalanobis distances (numbers of breeding lines and cultivars are given in Table 1)



Rys. 3. Dendrogram obrazujący podobieństwo genetyczne badanych rodów jęczmienia (numery rodów i odmian podano w tabeli 1)
Fig. 3. Dendrogram presenting genetic similarity between barley breeding lines (numbers of breeding lines and cultivars are given in Table 1)

Startery o losowej sekwencji generują polimorfizm, który jest wykorzystywany do charakteryzowania podobieństw/różnic między analizowanymi formami, do identyfikacji odmian oraz ich wewnętrznego wyrównania, konstrukcji map genetycznych, czy też do badań taksonomicznych (Dahleen i in., 1997; de Bustos i in., 1998; Wolko i in., 2000; Bednarek i in., 2003). W prezentowanych badaniach zastosowanie reakcji RAPD-PCR z 20 starterami o losowej sekwencji pozwoliło na uzyskanie 87 (64%) polimorficznych fragmentów DNA. Na ich podstawie obliczono współczynniki podobieństwa genetycznego między badanymi rodami. Były one stosunkowo wysokie, szczególnie między rodami pochodzącymi z tej samej stacji. Wynik hierarchicznego grupowania metodą średnich połączeń przedstawiono w postaci dendrogramu (rys. 3).

Można zauważyć, że najbardziej podobne pod względem genetycznym były rody NAD (nr 9–13), pochodzące z tej samej kombinacji krzyżówkowej — wartość współczynnika GS między nimi kształtowała się w granicach od 0,889 do 0,947 — oraz niespokrewnione ze sobą rody BKH63 (1) i RAH 612/99 (26), dla których współczynnik podobieństwa genetycznego wynosił 0,940. W grupie rodów STH (nr 36–39) będących półrodzeństwem (wspólną formą rodzicielską była odm. Stratus) współczynnik podobieństwa genetycznego kształtował się w granicach od 0,658 do 0,895. Wyraźnie wyróżniał się ród STH363 (37), który okazał się odległy genetycznie nie tylko od pozostałych rodów STH, ale także od wszystkich innych badanych form. Należy podkreślić, że również fenotypowa odległość tego rodu od pozostałych była najczęściej duża, szczególnie dla rodów BKH, NAD i STH (tab. 1). Najmniejsze różnice fenotypowe ($D < 1$) stwierdzono między STH363 a rodami RAH946/01, MOB5363/00, BKH382/ 2000 i BKH68. Podobieństwo genetyczne rodu STH363 do pozostałych badanych w doświadczeniu było stosunkowo mało zróżnicowane i kształtowało się w granicach od 0,608 (POB3572/00) do 0,756 (MOB5363/00).

Zależność między podobieństwem genetycznym rodów, wyznaczonym za pomocą markerów RAPD a odległością fenotypową określoną za pomocą odległości Mahalanobisa okazała się stosunkowo niewielka. Współczynnik korelacji ($r = -0,198$) był wprawdzie statystycznie istotny, lecz jego wartość wskazuje na raczej słaby związek między tymi wielkościami. Podobne wyniki dla jęczmienia uzyskali Schut i wsp. (1997). Powodem może być zarówno stosunkowo mała liczba analizowanych cech morfologicznych, jak i markerów molekularnych zastosowanych do oszacowania podobieństwa genetycznego.

Przeprowadzone badania wykazały, że genetyczne i fenotypowe zróżnicowanie badanych rodów jęczmienia tylko do pewnego stopnia zależne było od ich pokrewieństwa; jedynie w przypadku rodów pochodzących od tej samej pary form rodzicielskich obserwowano, choć nie zawsze, ich duże podobieństwo, zarówno pod względem kompleksu analizowanych cech morfologicznych, jak i polimorfizmu losowo amplifikowanych fragmentów DNA. Rody wywodzące się z kombinacji krzyżówkowych posiadających jedną wspólną formę rodzicielską wykazywały na ogół duże zróżnicowanie na poziomie genotypowym i fenotypowym. Badanie zależności między stopniem pokrewieństwa a odległością genetyczną była przedmiotem prac także innych autorów. Uzyskane rezultaty nie są jednak jednoznaczne. Schut i wsp. (1997) wykazali słaby związek między podobieństwem genetycznym określonym na podstawie markerów AFLP a pochodzeniem 25 dwurzędowych europejskich odmian jęczmienia, natomiast Tinker i wsp. (1993)

wykorzystując markery RAPD stwierdzili korelację między odległością genetyczną a pochodzeniem u 25 kanadyjskich linii jęczmienia.

Tabela 1

Podobieństwo genetyczne i odległości fenotypowe między rodem STH363 (37) a pozostałymi rodami jęczmienia badanymi w doświadczeniu wstępnym w 2004 roku
Genetic similarity and phenotypic distance between line STH363 (37) and other barley breeding lines examined in pre-registration experiment in 2004

Nr No.	Ród Breeding line	Pochodzenie Origin	Podobieństwo genetyczne Genetic similarity	Odległość Mahalanobisa Mahalanobis distance
1	BKH 382/2000	(BKH 92103 × NSL 93-2890) × Magda	0,683	0,93
2	BKH 63	Atol × Cooper	0,640	2,41
3	BKH 68	Atol × Melta	0,685	0,98
4	BKH 69	(Ekol × RAH 792) × BOSS	0,700	2,32
5	BKH 73	Meltan × Atol	0,684	5,26
6	BKH 74	B.91-96/58 × Krona	0,703	2,48
7	BKH 75	B.92-97/55 × Krona	0,658	4,38
8	BKH 76	BKH 9586 × Eivor	0,675	2,81
9	NAD 28402	(MOB 3155/88 × Grosso) × N 531/89	0,676	4,83
10	NAD 28502	(MOB 3155/88 × Grosso) × N 531/89	0,684	4,13
11	NAD 28602	(MOB 3155/88 × Grosso) × N 531/89	0,631	4,93
12	NAD 28702	(MOB 3155/88 × Grosso) × N 531/89	0,703	4,29
13	NAD 28902	(MOB 3155/88 × Grosso) × N 531/89	0,667	4,21
14	NAD 97424	Fr.116.11786 × Ns 82 11712	0,691	4,46
15	MOB 5618/00	Mobek × NS 84160.11.4	0,683	2,79
16	MOB 5363/00	MOB 1193 × HVS 4.26306	0,756	0,84
17	MOB 5320/00	MOB 1193 × HVS 4.26306	0,676	3,60
18	MOB 8874/99	Ceb 8857 × Raisa	0,674	1,87
19	MOB 8192/99	MOB 991 × NS 84160.11.2	0,645	1,11
20	MOB 5697/00	MOB 1776/90 × STH 3859/90	0,649	1,67
21	MOB 5301/00	MOB 2095/91 × Boss	0,716	1,83
22	RAH 946/01	Refren × Orthegea	0,699	0,35
23	RAH 43/01	Krona × POA 1132NS	0,738	2,96
24	RAH 780/99	Start × VDH 4084	0,700	1,76
25	RAH 227/99	POB 2295 × Maresi	0,740	2,52
26	RAH 612/99	Scarlett × Rasbet	0,732	2,39
27	POB 8058/99	POB 23654/91 × Boss	0,641	2,79
28	POB 26897/99	POB 14637/88 × Magda	0,642	2,38
29	POB 3572/00	Heron × POB 14025/92	0,608	1,21
30	POB 4192/00	Heron × POB 26088/92	0,615	2,60
31	POB 5898/00	Lotus × RAH 488/93	0,667	2,47
32	POB 7569/00	Nomad × MOB 1872/93	0,650	1,72
33	STH 244	Polygena × START	0,641	1,45
34	STH 283	STH 2196 × MOB 1193	0,675	4,67
35	STH 330	NSG 962298 × NSG 1749	0,714	5,10
36	STH 334	Stratus × NSG 1749	0,703	5,56
38	STH 367	Stratus × NSG 96708	0,676	6,34
39	STH 368	Stratus × NSG 96708	0,658	4,52
40	STH 432	STH 3246/96 × Thuringia	0,720	5,63
41	STH 434	STH 3245/96 × PROSA	0,710	5,84
42	STH 8586	Rataj × Elisa	0,615	2,21
43	Blask			4,31
44	Scarlett			4,32

D_{0,05} = 1,68

U pszenicy Parker i wsp. (2002) wykazali istnienie związku między odległością genetyczną oszacowaną na podstawie markerów RFLP i SSR a współczynnikiem pokrewieństwa, natomiast Marić i wsp. (2004) na podstawie markerów RAPD nie stwierdzili takiego związku.

WNIOSKI

1. Informacje o pochodzeniu rodów/odmian jęczmienia mogą być niewystarczające z punktu widzenia wnioskowania o ich zróżnicowaniu genetycznym i fenotypowym. Rody będące półrodzeństwem mogą wykazywać duże zróżnicowanie, zarówno pod względem cech morfologicznych, jak i polimorfizmu DNA.
2. Badane w doświadczeniu wstępnym w 2004 roku rody jęczmienia pastewnego wykazały wysoki stopień podobieństwa genetycznego, określonego na podstawie polimorfizmu markerów RAPD. Wyróżniał się jedynie ród STH363, znacznie odległy od pozostałych form, który może być interesujący jako komponent do krzyżowań, szczególnie w kombinacjach z formami odległymi genetycznie, ale zbliżonymi fenotypowo pod względem wybranych cech ilościowych.

LITERATURA

- Bednarek P. T., Masojć P., Lewandowska R., Myśków B. 2003. Saturating rye genetic map with amplified fragment length polymorphism (AFLP) and random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *J. Appl. Genet.* 44 (1): 21 — 33.
- de Bustos A., Casanova C., Soler C., Jouve N. 1998. RAPD variation in wild population of four species of the genus *Hordeum*. *Theor. Appl. Genet.* 96: 101 — 111.
- Caliniński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego. Trzecie Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN, Warszawa-Wrocław: 258 — 320.
- Caliniński T., Dyczkowski A., Kaczmarek Z. 1976. Testowanie hipotez w wielozmiennej analizie wariancji i kowariancji. *Algorytmy Biometryczne i Statystyczne* 5: 77 — 113.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1977. Wielozmienna analiza wariancji dla doświadczeń czynnikowych. *Algorytmy Biometryczne i Statystyczne* 6: 51 — 79.
- Dahleen L. S., Hoffman D. L., Dohrmann J., Gruber R., Franckowiak J. 1997. Use of a subset of doubled-haploid lines for RAPD interval mapping in barley. *Genome* 40: 626 — 632.
- Devos K. M., Gale M. D. 1992. The use of random amplified polymorphic DNA markers in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 84: 567 — 572.
- Dillmann C., Bar-Hen A., Guérin D., Charcosset A., Murigneux A. 1997. Comparison of RFLP and morphological distances between maize (*Zea mays* L.) inbred lines. Consequences for germplasm protection purposes. *Theor. Appl. Genet.* 95: 92 — 102.
- García E., Jamilena M., Alvarez J.I., Arnedo T., Oliver J.L., Lozano R. 1998. Genetic relationships among melon breeding lines revealed by RAPD markers and agronomic traits. *Theor. Appl. Genet.* 96: 878 — 885.
- Jinks J. L., Pooni H. S. 1976. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. *Heredity* 36: 253 — 266.
- Kuczyńska A., Milczarski P., Surma M., Masojć P., Adamski T. 2001. Genetic diversity among cultivars of spring barley revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD). *J. Appl. Genet.* 42: 43 — 48.
- Marić S., Bolaric S., Pejic I., Kozumplik V. 2004. Genetic diversity of haploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficient of parentage. *Plant Breeding* 123: 366 — 369.
- Nei M., Li W.H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76: 5269 — 5273.

- Parker G. D., Fox P. N., Langridge P., Chalmers K., Whan B., Ganter P. F. 2002. Genetic diversity within Australian wheat breeding programs based on molecular and pedigree data. *Euphytica* 124: 293 — 306.
- Rebourg C., Gouesnard B., Charcosset A. 2001. Large scale molecular analysis of traditional European maize populations. Relationships with morphological variation. *Heredity* 86: 574 — 587.
- Schut J. W., Qi X., Stam P. 1997. Association between relationship measures based on AFLP markers, pedigree data and morphological traits in barley. *Theor. Appl. Genet.* 95: 1161 — 1168.
- Surma M. 1996. Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego. Rozprawy i Monografie IGR PAN, nr 3, Poznań.
- Tinker N. A., Fortin M. G., Mather D. E. 1993. Random amplified polymorphic DNA and pedigree relationships in spring barley. *Theor. Appl. Genet.* 85: 976 — 984.
- Wolko B., Święcicki W. K., Kruszka K., Irzykowska L. 2000. Isozyme and RAPD markers for the identification of pea, field bean and lupin cultivars. *J. Appl. Genet.* 41 (3): 151 — 165.