

JÓZEF PILCH

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Możliwości wykorzystania krzyżowania introgresywnego w hodowli pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Część II. Efektywność w ulepszaniu cech kłosa i jakości ziarna

**Possibilities of using of introgressive hybridization in breeding of winter wheat
T. aestivum L.**

Part II. Effectiveness of improvements of spike characters and grain quality

Praca przedstawia możliwości wykorzystania krzyżowania introgresywnego dla potrzeb hodowli pszenicy ozimej *T. aestivum* L. poprzez wytwarzanie materiałów wyjściowych. W części II pracy przedstawiono korzystne dla hodowli efekty uzyskane w krzyżowaniu introgresywnym w oparciu o systemy genetyczne pszenicy *T. aestivum* L. Obejmują one ulepszenia kłosa pod względem długości (cm), liczby kłosek, liczby kwiatków w kłosku, liczby ziaren, masy ziarna (g) i parametrów technologicznych ziarna jak zawartość białka ogółem (%), wskaźnik sedymentacji (ml), liczba opadania (s). Wartości tych cech nie uzyskano dotychczas metodami rekombinacyjnymi w hodowli. Wskazano wytworzone materiały, które mogą być wykorzystane w hodowlanych programach krzyżowań pszenicy ozimej. W krzyżowaniu introgresywnym gatunki obce *T. boeoticum* Boiss., *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013, 5030, *T. dicoccoides* Schweinf., *T. durum* Desf. vs. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, Mutico Mucur, DF624, *Ae. speltoide*s Taush., *L. perenne* L. v. Anna, *E. giganteus* L. okazały się efektywnymi źródłami zarówno dla ulepszeń cech kłosa jak również jakości ziarna.

Słowa kluczowe: cechy kłosa, gatunki obce, hybrydyzacja introgresywna, parametry technologiczne, ziarno, *Triticum aestivum* L., ulepszenia

This paper presents the possibilities of utilization of introgressive hybridization for breeding requirements of winter wheat *T. aestivum* L. by the production of initial materials. In the part II, breeding effects of introgressive hybridization, based on the genetic systems of wheat *T. aestivum* L., are presented. They include improvements of spike in respect of length (cm), number of spikelets, number of florets per spikelet, number of kernels, kernel weight (g) and the grain quality parameters as protein content (%), sedimentation index (ml) and falling number (s). The recorded values of these characters have never been reached in wheat breeding based on recombination within the species. The obtained materials are demonstrated, which can be used in winter wheat breeding programs. The most

effective sources for improvement of the characters of spike and grain quality were the species *T. boeoticum* Boiss., *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013, 5030, *T. dicoccoides* Schweinf., *T. durum* Desf. (cvs. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, Mutico Mucur, DF624), *Ae. speltooides* Taush., *L. perenne* L. (cv. Anna) and *E. giganteus* L.

Key words: alien species, grain, improvement, introgressive hybridization, spike characters, quality parameters, *Triticum aestivum* L.

WSTĘP

Systemy genetyczne homeologicznej/homologicznej koniugacji i krzyżowalności występujące u pszenicy *T. aestivum* L. stosowane są często w krzyżowaniu introgresywnym z gatunkami spokrewnionymi w obrębie rodziny *Poaceae*. Nie wykraczają one jednak poza krzyżowania międzygatunkowe i międzyrodzajowe z uwagi na różnorodne bariery taksonomiczne niemożliwe do pokonania. Efektem jest introgresja genów głównie odporności na choroby (Friebe i in. 1997; Kazman i in., 1997; Sao i in., 1989; Hsam i in., 2000; Mc Intosh i Lagudahy, 2000). Niewiele prac dotyczyło cech poligenicznych, z których jedynie zawartość białka w ziarnie (Bluthner i Schumann, 1988), odporność na zasolenie gleb (Farooq i in., 1992), system męskiej sterility CMS (Sao i in., 1989; Schlegel, 1997) i masa ziarniaka (Kushnir i Halloran, 1984) były obiektem introgresji. Brak jest efektów dotyczących cech kłosa i jakości ziarna jako najważniejszych elementów plonotwórczych zarówno u pszenicy ozimej, jak i jarej.

W Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie stosowane jest krzyżowanie introgresywne homeologiczne oparte na systemach genetycznych pszenicy *T. aestivum* L. opisanych w części I pracy. Ukierunkowane zostało na cechy kłosa i jakość ziarna.

W części II pracy przedstawiono efekty uzyskane w zakresie ulepszania cech kłosa i jakości ziarna. Wskazano najefektywniejsze w tym względzie gatunki obce z rodziny *Poaceae* i wytworzone z nich materiały, które mogą być w przyszłości wykorzystane w hodowlanych programach krzyżowań pszenicy ozimej.

ULEPSZANIE CECH KŁOSA

Gatunki obce należące do rodziny *Poaceae* stanowią źródło wielu genów, w tym cech kłosa, które mogą być wykorzystane w hodowli odmian i rodów pszenicy zwyczajnej. W poszukiwaniu nowych genów dla *T. aestivum* L. zaznaczył się wyraźny postęp. Uzyskano szereg nowych mieszańców pszenicy z *Hordeum* L., *Elymus* L., *Lolium* L., *Agropyron* Gaertn., *Zea* L., *Leymus* Hochst. (Lima-Brito i in., 1996; Pilch i Głowacz, 1997; Ananthawat-Jonsson, 1999; Khan, 2000; Cherkaoui i in., 2000).

W naszych pracach introgresywnych w pokoleniach F_5 , F_9 — F_{10} , F_{12} , F_{14} uzyskano 865 linii o cechach kłosa przewyższających wzorce genetyczne Favorit, Chinese Spring, jak też inne odmiany pszenicy zwyczajnej. Pochodziły one ze 114 kombinacji krzyżowań mono-5B Chinese Spring, mono-5B Favorit, mono-5B Jara, mono-5B Drabant i mutant Ph Chinese Spring należących do *T. aestivum* L. z wybranymi gatunkami obcymi (2x) *T. boeoticum* Boiss., (4x) *T. timopheevii* Zhukov., (4x) *T. dicoccoides* Schweinf., (4x) *T.*

durum Desf. vs. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, Mutico Mucur, DF624, (2x) *Ae. speltoides* Taush., (2x) *E. giganteus* L., (2x) *L. perenne* L. v. Anna.

Uzyskane ulepszone cechy kłosa nie występowały dotychczas ani w odmianach i rodach kolekcji roboczej pszenicy ozimej badanych w latach 1991–2001 (wyniki syntezy nieopublikowane), ani też w doświadczeniach hodowlanych wstępnych zespołowych 1991–2004 (wyniki syntezy nieopublikowane). Wartości ich wykraczały nawet poza oznaczenia botaniczne w taksonomii gatunku *Triticum aestivum* L. Na przykład klucz do oznaczania roślin podaje dla gatunku *T. aestivum* L. pięć kwiatków w jednym kłosku, w tym 4 płodne i 1 płony (Szafer i in., 1967). Natomiast uzyskane kłosy miały 5–8 kwiatków w kłosku (62,5% linii). Pochodziły one z kombinacji *T. aestivum* L. z gatunkami *T. boeoticum* Boiss., *T. durum* Desf. v. Fuensemiduro, Mirable, Khapli, Mutico Mucur, *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccoides* Schweinf., *Ae. speltoides* Taush., *L. perenne* L. v. Anna i *E. giganteus* L. Najwięcej występowało ich w kombinacjach z *T. durum* Desf. v. Khapli, *L. perenne* L. v. Anna i *E. giganteus* L.

Kłosy o wyjątkowej długości (12,0–20,0 cm) miało 51,4% linii. Były to kłosy zarówno typu ostki, jak i gółki oraz białe i brązowe. Uzyskano je z kombinacji *T. aestivum* L. z *T. boeoticum* Boiss., *T. durum* Desf. v. Fuensemiduro, Mirable, Khapli DF 624, *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccoides* Schweinf., *L. perenne* L. v. Anna i *E. giganteus* L.

Dużą liczbę kłosek w kłosie (24,0–26,0) miały kombinacje (0,9% linii) *T. aestivum* L. z *T. boeoticum* Boiss., *T. durum* Desf. v. Fuensemiduro, Mirable, Khapli, *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccoides* Schweinf., *Ae. speltoides* Taush., *L. perenne* L. v. Anna i *E. giganteus* L.

Dużą liczbę ziarniaków w kłosie dochodzącą nawet do 144 sztuk miały kombinacje krzyżowań z wszystkimi gatunkami obcymi i stwierdzono ją u 78,5% linii. W większości były to ziarniaki drobne.

Wysoką masę ziarna z kłosa (2,5–5,2 g) miało 76,1% linii. Pochodziły one z kombinacji *T. aestivum* L. z *T. boeoticum* Boiss., *T. durum* Desf. v. Fuensemiduro, Mirable, Khapli, Mutico Mucur, DF 624, *T. timopheevii* Zhuk., *Ae. speltoides* Taush., *L. perenne* L. v. Anna i *E. giganteus* L.

W dotychczasowej literaturze nie są znane przykłady introgresji genów odporności kłosa na najgroźniejsze choroby powodowane przez patogeny *Septoria* sp., *Fusarium* sp., i *Helminthosporium* sp. O ile *Fusarium* sp. i *Helminthosporium* sp. nie stanowią problemu w hodowli to w dalszym ciągu nie ma odmian pszenicy ozimej ani jarej o pełnej odporności na *Septoria nodorum* Berk. z powodu braku źródeł genetycznych w genotypie *T. aestivum* L. Stąd też hodowla nowych odmian odpornych na tego patogena w oparciu o genotyp *T. aestivum* L. staje się niemożliwa. W naszych materiałach introgresyjnych, zidentyfikowano 97,9% linii o wysokiej odporności w stopniu 8 i 9 (skala 1°–9°, a 9°—oznacza pełną odporność) nie tylko na tego patogena, ale równocześnie na trzy inne patogeny (*Septoria* sp., *Fusarium* sp. i *Helminthosporium* sp.). W tej grupie 54,6% uzyskanych linii wykazywało odporność 9°. Pochodziły one z krzyżowań *T. aestivum* L. z *T. boeoticum* Boiss., *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccoides* Schweinf., *T. durum* Desf., *Ae. speltoides* Taush., *L. perenne* L. i *E. giganteus* L. Uzyskane wyniki wskazują, że gatunki te są nie tylko źródłami odporności kłosa na septoriozę, lecz także na fusariozę

i helminthosporiozę, podlegają introgresji metodami krzyżowań i funkcjonują w genotypie *T. aestivum* L. Wcześniejsze badania Trottet i Dosba (1983) oraz Rubiales i wsp. (1992) wskazywały, że geny odporności na patogeny *Septoria* sp. występują tylko u *T. durum* Desf. i *Ae. squarrosa* L. Odporność na *Fusarium* sp., która ma poligeniczny charakter również została zidentyfikowana w *Elymus* sp. i (2x, 4x) *Triticum* sp. (Buerstmayer i in., 1996; Ban, 1997). Należy zwrócić uwagę, że w naszych materiałach braliśmy pod uwagę kompleksową odporność na 3 rodzaje patogenów i ten rodzaj odporności kompleksowej połączony był z innymi korzystnymi modyfikacjami kłosa.

92,1% badanych linii wykazywało obecność 2–6 ulepszeń cech kłosa, z których najwięcej linii (36,3%) łączyło 5 ulepszonych cech. Poza tym uzyskano takie połączenia cech, które są bardzo trudne do otrzymania konwencjonalnymi metodami hodowli a są szczególnie poszukiwane, np. wysoka liczba ziaren z kłosa i duże ziarno lub wysoka ich masa, czy też duża liczba dużych ziarniaków w kłosku.

ULEPSZANIE PARAMETRÓW TECHNOLOGICZNYCH ZIARNA

Jakość ziarna nie była dotychczas obiektem hybrydyzacji introgresywnej. W Polsce obserwuje się wyraźny postęp w hodowli jakościowej metodami rekombinacyjnymi, niemniej jednak przekroczenie poziomu technologicznego odmiany Begra nie jest wciąż łatwe, chociaż odmiana ta należy do grupy jakościowej A, albowiem w krajowym rejestrze odmian pszenicy ozimej brak jest odmian grupy jakościowej E (Kaczyński, 2002). Wśród parametrów decydujących o grupie jakości jest procentowa zawartość białka ogółem, sedymentacja i liczba opadania. Podwyższenie jednego z nich rzutuje na końcową klasyfikację jakościową odmian czy rodów. Poszukiwanie, zatem nowych źródeł genetycznych staje się nieodzowne w obecnej hodowli jakościowej pszenicy ozimej a gatunki spokrewnione w rodzinie *Poaceae* stwarzają takie możliwości.

Wykonano ocenę 3 parametrów technologicznych ziarna, tj. zawartości białka ogółem (%), wskaźnika sedymentacji Zelenyego (ml) i liczby opadania (s) u 1165 linii pokolenia F₄–F₇, F₉, F₁₁, które otrzymano w wyniku krzyżowania introgresywnego z gatunkami (2x) *T. boeoticum* Boiss., (4x) *T. timopheevii* Zhukov., (4x) *T. dicoccoides* L., (4x) *T. durum* Desf. vs. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, DF624, Mutico Mucur, (2x) *Ae. speltooides* Taush., (2x) *L. perenne* L. v. Anna i (2x) *E. giganteus* L. Analizy technologiczne wykonano metodami aktualnie stosowanymi dla pszenicy (Cygankiewicz, 1997). Wartości krytyczne grup jakościowych (E, A, B, C) określono w stosunku do odmiany Begra według metodyki COBORU (Klockiewicz-Kamińska, Brzeziński, 1997).

Uzyskanie w badanym materiale wysokich parametrów grupy jakościowej E (dla białka — powyżej 14,3%, dla wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego — powyżej 46 ml, dla liczby opadania — powyżej 258 s.) i równocześnie wykraczających poza wartości odmiany Begra *T. aestivum* L. wskazuje na introgresję z obcych gatunków (tab. 1, 2).

Większość badanych linii pochodziła z hybrydyzacji introgresywnej, w której uczestniczyły odmiany i rody pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. pochodzenia zagranicznego: DF624, Mirable, Fuensemiduro, Mutico Mucur i Khapli (tab. 2). Wśród nich 107 linii miało zawartość białka w grupie E, 44 linie miały wskaźnik sedymentacji

Zeleny'ego grupy E i 571 linii liczbę opadania w grupie E. Odmiany *T. durum* Desf. mają skład genomowy AA BB, a więc inny genetycznie aniżeli pszenica heksaploidalna *T. aestivum* L. (AA BB DD) albowiem genomy A i B nie są homologiczne, lecz homeologiczne, co wynika z rozwoju filogenetycznego pszenicy *T. aestivum* L. Ten gatunek pszenicy tetraploidalnej zwanej makaronową znany jest na świecie z bardzo wysokich parametrów jakościowych ziarna.

Tabela 1

Zakres wartości poszczególnych parametrów technologicznych ziarna w 1165 liniach introgressywnych i liczba linii w grupach jakości
Variability ranges for several quality parameters of 1165 introgressive lines and numbers of lines in the quality groups

Pozycja Character	Białko Protein (%)	Wskaźnik Zeleny'ego Zeleny indicator (ml)	Liczba opadania Falling number (s)
Zakres Range	8,2–16,0	7–66	61–455
Grupa: Group			
E	145	64	631
A	278	220	210
B	168	511	81
C	574	370	143
Begra	13,8 (A)	40 (A)	262 (E)

Tabela 2

Liczba linii introgressywnych poszczególnych kombinacji krzyżowań o parametrach technologicznych ziarna grupy E
Number of introgressive lines of several cross-combinations with grain quality parameters of the group E

Kombinacja krzyżowania Cross-combination	Linie Lines	Białko Protein (%)	Wskaźnik Zeleny'ego Zeleny indicator (ml)	Liczba opadania Falling number (s)
<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. durum</i> Desf.	1002	107	44	571
<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. dicoccoides</i> L.	15	1	1	10
<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. timopheevii</i> Zhukov.	29	13	13	2
<i>T. aestivum</i> L. × (<i>T. durum</i> Desf. × <i>T. boeoticum</i> Boiss.)	16	2	0	4
<i>T. aestivum</i> L. × (<i>T. durum</i> Desf. × <i>Ae. speltooides</i> Taush.)	22	11	1	10
<i>T. aestivum</i> L. × <i>L. perenne</i> L.	49	10	5	20
<i>T. aestivum</i> L. × <i>E. giganteus</i> L.	32	1	0	14
Razem	1165	145	64	631
Total				

W doświadczeniach polowych prowadzonych w Polsce odmiany *T. durum* Desf. uzyskują również wysoki poziom białka czy glutenu (Szwed-Urbaś i in., 1997; Bojarczuk, 2005). Turchetta i wsp. (1995) badając procentową zawartość białka i sedymentację tego gatunku wykazali 14 różnych prążków wysokocząsteczkowych glutenin wynikających z kombinacji 3 alleli genomu A i 7 alleli genomu B. Stwierdzili także 3 nowe allele, jeden w locus *Glu-A1* i 2 allele w locus *Glu-B1*. Zawartość% białka w ziarnie dochodziła do

19,0%, a liczba sedymentacji-SDS do 85 ml. U *T. durum* Desf. zidentyfikowano dodatkowe podjednostki wysokocząsteczkowych i niskocząsteczkowych glutenin kodowanych przez loci *Glu-1* i *Glu-3* mające zastosowanie w hodowli jakościowej tego gatunku (Ciaffi i in., 1992). Należy również zwrócić uwagę u pszenicy *T. durum* Desf. na występowanie w locus *Glu-B3* genu *Imw-gs* kodującego specyficzną frakcję niskocząsteczkowych podjednostek glutenin decydujących o wyjątkowych właściwościach jakościowych tej pszenicy istotnych przy wypieku ciastek (D'Ovidio i in., 1997). Ponadto Roggers i wsp. (1990) wykazali efekt dodawania chromosomów I i VI grupy homeologicznej w kierunku polepszenia właściwości technologicznych ziarna u *T. aestivum* L. Stąd też przeniesienie fragmentów tych chromosomów z *T. durum* Desf. do *T. aestivum* L. w ocenianym materiale mogło dać pozytywne efekty w wartościach parametrów technologicznych, szczególnie przeniesienie tylko chromosomów VI grupy homeologicznej związane mogło być z równoczesnym poprawieniem wielu parametrów albowiem występują tam geny zarówno liczby opadania *alfa-Amy 1*, jak i gliadyn *Gli-2*. Zdaniem Borghi i wsp. (1998) polepszenie wartości wypiekowej włoskich odmian pszenicy chlebowej jest związane nie tylko z wprowadzeniem podjednostek 5+10, ale także 17+18, oraz 1 wysokocząsteczkowych glutenin. Z chromosomem 1BL (*Glu-B1*) związana jest kombinacja 17+18, a z chromosomem 1AL (*Glu-A1*) — podjednostki 2*, 1.

Zatem krzyżowanie introgresywne *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf. prowadzi do uzyskania w odmianach *T. aestivum* L. korzystnych zmian jakościowych ziarna uwarunkowanych genetycznie. Mogą one być efektem introgresji loci *Glu-A1*, *Glu-A3* glutenin i *Gli-A1*, *Gli-A2* gliadyn genomu A, oraz loci *Glu-B1*, *Glu-B3* glutenin i *Gli-B1*, *Gli-B2* gliadyn genomu B kodujących białka zapasowe endospermu; genów amylolitycznych *alfa-Amy 1* z chromosomów 6A, 6B, geny *alfa-Amy 2* z chromosomów 7A, 7B; genów *alfa-Amy 3* z chromosomów 5A, 5B; genów kodujących wysoką zawartość białka prawie wszystkich chromosomów tego gatunku. W efekcie krzyżowania introgresywnego może wystąpić w genomach A, B, D *T. aestivum* L. nowa zmienność genetyczna cech technologicznych ziarna. Uzyskane wyniki potwierdziły, iż prowadzi to do uzyskania u odmian i rodów pszenicy heksaploidalnej wysokich wartości parametrów technologicznych (grupa E), wykraczających nawet poza wartości uzyskane przez odmianę Begra.

W grupie 15 linii introgresywnych uzyskanych z kombinacji zawierających *T. dicoccoides* L., jedna odpowiadała grupie E zawartości białka i jedna sedymentacji oraz 10 linii zaliczono do grupy E uwzględniając tylko liczbę opadania (tab. 2). Gatunek ten również ma genomy AA BB tak jak *T. durum* Desf., a zatem efekt technologiczny należałoby przypisać tym genomom. Lange i Jochemsen (1979) wykazali, że *T. dicoccoides* L. może być źródłem wysokiego białka dla pszenicy zwyczajnej. W hodowli włoskich odmian tetraploidalnych *T. durum* Desf. gatunek ten okazał się także źródłem wysokiej zawartości białka w ziarnie i miał duży wpływ na polepszenie wartości technologicznej tych odmian (Ciaffi i in., 1991).

Inny kierunek krzyżowania introgresywnego przedstawiała grupa 29 linii, w której wykorzystano odmienny od poprzednich gatunek pszenicy tetraploidalnej, tj. *T. timopheevii* Zhukov. o składzie genomowym AA GG (tab. 2). Wśród nich, 28 linii było

w grupie jakości E, przy czym po 13 linii było w tej grupie zawartości białka i wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego, 2 linie były w grupie E liczby opadania. Genom G tego gatunku pszenicy jest mało znanym i niewykorzystywanym w hodowli, albowiem występuje sporadycznie — zaledwie u 2 gatunków pszenicy, tj. u tetraploidalnego *T. timopheevii* Zhukov. (AA GG) i heksaploidalnego *T. zhukovskyi* Men. et Er (AA AA GG). Wpływ genomu GG na wartość parametrów technologicznych nie jest rozeznany w literaturze, niemniej jednak Belea i Sagi (1978) wykazali introgresję wysokiej zawartości białka i lizyny z *T. timopheevii* Zhukov. do pszenicy zwyczajnej *T. aestivum* L.

Kolejny kierunek stanowiła grupa 49 linii z udziałem gatunku *L. perenne* L. o genomie *Lp Lp*. (tab. 2). Wpływ tego obcego genomu na jakość ziarna pszenicy *T. aestivum* L. nie jest znany, jednak odmiany odznaczają się wysoką wartością paszową ze względu na zawartość białka jak też odpornością na porastanie ziarna. Jednak 35 spośród 49 linii było w grupie jakościowej E — biorąc pod uwagę pojedynczą cechę i tak 10 linii w grupie białka, 5 linii — wskaźnika Zeleny'ego i 20 linii w liczbie opadania.

Z krzyżowaniu introgresywnym z gatunkiem *E. giganteus* L. znanym z wysokiej odporności na suszę, choroby i porastanie ziarna oceniono 32 linie (tab. 2). Jedna linia była w grupie E zawartości białka i 14 linii w grupie E liczby opadania. Brak było linii o wartości E wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego.

Specyficznymi były kierunki, w których uczestniczyły mieszańce 2 obcych gatunków, lecz stałym elementem w nich był gatunek *T. durum* Desf. (tab. 2). W jednym wykorzystano mieszańca (*T. durum* Desf. × *Ae. speltoides* Taush.), w którym miało miejsce wzmocnienie dawki genomu B pochodzącego z 2 źródeł, tj. *T. durum* Desf. (AA BB) i *Ae. speltoides* Taush. (BB) — prekursora filogenetycznego genomu B dla pszenic tetraploidalnych i heksaploidalnych. Z badanych 22 linii, 22 linie miało parametry technologiczne w grupie E; zawartość białka tej grupy miało 11 linii, wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego — 1 linia i liczbę opadania — 10 linii.

W drugim kierunku krzyżowania introgresywnego zastosowano mieszańca (*T. durum* Desf. × *T. boeoticum* Boiss.) o wzmocnionej dawce genomu A, który pochodził z *T. durum* Desf. (AA BB) i pszenicy diploidalnej *T. boeoticum* Boiss. (AA) — dawcy genomu A dla pszenic tetraploidalnych i heksaploidalnych w rozwoju filogenetycznym. Oceniono parametry technologiczne 16 linii, z których w grupie E było 6 linii; 2 linie w grupie E zawartości białka i 4 linie w grupie E liczby opadania. Brak było linii o wartości wskaźnika Zeleny'ego grupy E. Roggers i wsp. (1997) wykazali, że gatunek *T. boeoticum* Boiss. przedstawia genetyczne możliwości ulepszania wartości technologicznej ziarna pszenicy *T. aestivum* L. W efekcie introgresji dwóch alleli wysokocząsteczkowych glutenin, *Glu-A1r* kodującego parę podjednostek 39+40 i *Glu-A1s* kodującego parę podjednostek 41+42 do odmiany Sicco *T. aestivum* L. nastąpiło polepszenie właściwości glutenu i zwiększenie sedymentacji-SDS. Efektem introgresji *Glu-A1r* było zwiększenie liczby sedymentacji-SDS do poziomu 90,3–94,3 ml w liniach *T. aestivum* L. Natomiast w efekcie introgresji allelela *Glu-A1s* uzyskano polepszenie liczby sedymentacji-SDS do wartości 55,4–72,6 ml u *T. aestivum* L. Ponadto Reeves i Okita (1987) i Anderson i wsp. (1997) stwierdzili, że niektóre sekwencje cDNA korzystnych frakcji alfa-gliadyn u *T. aestivum* L. o wysokiej

wartości wypiekowej odmiany Cheyenne są wynikiem introgresji z obcych gatunków diploidalnych pszenic, jak *T. urartu* Thum. et Gandi (AA).

Również niektóre gatunki *Aegilops* L. są efektywnymi źródłami parametrów technologicznych dla pszenicy zwyczajnej. W krzyżowaniach z *Ae. speltoides* Taush., Zeven i Waninge (1986) dokonali introgresji dwóch podjednostek wysokocząsteczkowych glutenin S 1, S 2 do *T. aestivum* L. oraz rozbicia alleliczności podjednostek i uzyskania pary 3+10, które miały korzystny efekt technologiczny. Analiza alleli w loci *Gli-1*, *Gli-2* alfa i beta gliadyn oraz *Glu-1* wysokocząsteczkowych glutenin i *Glu-3* niskocząsteczkowych glutenin wykonana metodami RFLP i PCR u *T. aestivum* L. wykazała homeoloci nie tylko z gatunkami diploidalnymi pszenicy; *T. boeoticum* Boiss., *T. monococcum* L., ale także z tetraploidalnymi; *T. turgidum* L., *T. dicoccum* Schrank, *T. timopheevii* Zhukov., *T. araraticum* Jakubz., *T. karamyshevii* Nevski, *T. jakubzineri* Udacz. et Schachm. oraz heksaploidalnymi; *T. macha* Dek. et Men., *T. spelta* L., *T. sphaerococcum* Perc., ale także z gatunkami *Aegilops* L., jak *Ae. squarrosa* L., *Ae. longissima* Schweinf. et Musch., *Ae. searsii* Feldman et Kislev., *Ae. stranggulata* Eig., *Ae. cylindrica* Host., *Ae. juvenalis* Thell. (D'Ovidio i in., 1992). Dowodzi to dużych możliwości introgresywnych z tymi gatunkami.

Nasze wyniki wskazują, że genomy A, B, G pochodzące z gatunków *T. boeoticum* Boiss., *T. dicoccoides* L., *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov., *Ae. speltoides* Taush. korzystnie wpływają na zwiększenie parametrów technologicznych ziarna odmian i rodów *T. aestivum* L. Daje to możliwość wyselekcjonowania źródeł o bardzo wysokich wartościach technologicznych.

ZMIANY BIAŁEK GLUTENINOWYCH

Wysokocząsteczkowej frakcji glutenin przypisuje się ostatnio największą odpowiedzialność za wartość wypiekową ziarna u odmian pszenicy ozimej *T. aestivum* L. Warunkują ją 3 komplementarne loci rozmieszczone na długich ramionach chromosomów I grupy homeologicznej (*1AL*, *1BL*, *1DL*) obejmujące 20 alleli. Ekspresją alleli są odpowiednie podjednostki i układy podjednostek w elektroforezie na żelu poliakrylamidowym SDS-PAGE (Payne, Lawrence, 1983). Gatunki spokrewnione z *T. aestivum* L. wykazują obecność niektórych z tych alleli, ale w większości ujawniają inne allele jakie nie występują u gatunku *T. aestivum* L. Przykładem mogą być gatunki tetraploidalne pszenicy gdzie u *T. durum* Desf. zidentyfikowano 9 innych alleli, u *T. dicoccum* Schubl. również 9 innych alleli, a u *T. turgidum* L. tylko 3 inne allele (Vallega, Mello-Sampayo 1987; Branlard i in., 1989). Takie zróżnicowanie stwarza możliwość introgresji do genomu *T. aestivum* L. nieobecnych alleli jak również alleli wspólnych, które w świetle prac molekularnych nie muszą być identyczne bo mają inne sekwencje nukleotydów. I tak u węgierskiej heterogenicznej odmiany jakościowej Bankuti 1201 stwierdzono spontaniczną substytucyjną mutację allele *b* w locus *Glu A-1* dla podjednostki 2* polegającą na zamianie kodonów seryny na cysteinę, a więc nowy allel pomimo, że elektroforeza SDS-PAGE wykazywała zawsze obecność podjednostki 2* wskazującej allel *b* (Juhasz i in., 2003). Z kolei Anderson i wsp. (1998) wykazali, że promotory Bx tych

samych alleli genu *Glu-B1-1* u odmian Chinese Spring i Cheyenne pszenicy *T. aestivum* L., u odmiany Bidi *T. durum* Desf. i u gatunku *T. turgidum* ssp. *dicoccoides* przedstawiały różnice w sekwencji bp. Dotyczyły one duplikacji o wielkości 54 bp lub insercji 185 bp powstałej na skutek transpozycji. W innym przykładzie Forde i wsp. (1985) rozpoznali u odmiany Cheyenne delecję 85 bp w promotorze Ay genu *Glu-A1-2*. Tak więc introgresja wspólnych alleli z gatunków obcych może również wprowadzić nową zmienność genetyczną determinującą parametry technologiczne ziarna.

Efektem krzyżowania introgresywnego może być także rozbitcie alleliczności w loci *Glu-1* i powstanie nowych kompozycji alleli w locus. Następstwem tego mogą być inne podjednostki dla danego locus nietypowe według katalogu Payne i Lawrence (1983). Zmiany takie w chromosomach genomów A, B, D u *T. aestivum* L. mogą zachodzić także pod wpływem obcych chromosomów jak *T. durum* Desf., czyli tzw. pasażowania chromosomów. Zjawisko takie jest powszechne w pszenżycie heksaploidalnym (*X Triticosecale* Witt.), gdzie chromosomy żyta *S. cereale* L. ulegają wyraźnym zmianom morfologicznym poprzez utratę heterochromatynowego DNA w telomerach pod wpływem chromosomów pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. (Pilch, 1987).

W Pracowni Oceny Jakości i Odporności Zbóż IHAR w Krakowie wykonano elektroforezę SDS-PAGE wg Zillmana i Bushuka (1979) 76 linii introgresywnych wyszczególnionych w tabeli 3.

Tabela 3

Pochodzenie linii introgresywnych i wartość wypiekowa grup E, A
Origin of the introgressive lines and their breadmaking quality of the groups E, A

Pochodzenie Pedigree	Linie Lines	Wartość wypiekowa Breadmaking quality	
		E	A
(<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. durum</i> Desf. cv. Mirable, Khapli, Fuensemuiduro)	64	12	39
(<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. timopheevii</i> Zhukov v. 5013,5030)	4	4	0
(<i>T. aestivum</i> L. × <i>L. perenne</i> L. cv. Anna)	3	1	2
(<i>T. aestivum</i> L. × <i>Ae. speltoides</i> Taush.) × (<i>T. aestivum</i> L. × <i>T. durum</i> Desf. cv. Mirable, Khapli, Fuensemuiduro)	5	0	5
Razem	76	17	46
Total			

Odznaczały się one wysokimi parametrami technologicznymi ziarna opisanymi wcześniej w pracach Pilcha (2002, 2004). Elektroforeza SDS-PAGE wykazała rozbitcie alleliczności w locus *Glu-D1* u 4 linii introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. (tab. 4). Efektem była nowa para podjednostek wysokocząsteczkowych glutenin 5+12 jaka nie występuje w katalogu Payne i Lawrence (1983). W literaturze nie ma doniesień o występowaniu takiej pary podjednostek w odmianach pszenicy ozimej uprawianych w Europie, Australii, Japonii i Chinach. Powstała ona (5+12) prawdopodobnie z rozbitcia par 5+10 oraz 2+12 lub 3+12 lub 4+12). Efekty tego okazały się jednak korzystne albowiem linie te miały bardzo wysokie wartości (grupy E, A) parametrów: % zawartość białka, wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego i liczby opadania przewyższające zarówno wzorce genetyczne odmian Chinese Spring, Favorit i odmianę Begra — wzorzec jakościowy (tab. 4). Warto zaznaczyć, że

zmiany te wystąpiły jedynie pod wpływem chromosomów jednej tylko odmiany tetraploidalnej Mirable, która mogła mieć właściwości pasażowania.

Tabela 4

**Parametry technologiczne ziarna 4 introgressywnych linii z parą podjednostek 5+12
wysokocząsteczkowych glutenin w locus *Glu-D1*
Technological parameters of 4 introgressives with the subunit pair 5+12 high-molecular-weight
glutenin at the locus *Glu-D1***

Pochodzenie Pedigree	Białko Protein (%)	Wskaźnik Zeleny Zeleny indicator (ml)	Liczba opadania Falling number (s)	Podjednostki Subunits <i>Glu-1</i> loci		
				A1	B1	D1
(5B Favorit-Mirable) 92/1/14	15,3 E	62,0 E	290,7 E	2	7+9	5+12
92/1/30	15,6 E	53,7 E	385,3 E	2	7+9	5+12
92/1/31/1	14,6 E	53,0 E	294,3 E	2	7+9	5+12
(mut Ph1ChS-Mirable) 27/16	15,3 E	44,3 A	281,7 E	N	7+9	5+12
Odmiana Begra	13,9 A	45,3 A	45,3 A	N	7+9	5+10
Begra variety						

WNIOSKI

1. Krzyżowania międzygatunkowe i międzyrodzajowe bazujące na systemach genetycznych pszenicy *T. aestivum* L. okazują się skutecznymi sposobami ulepszania nie tylko cech kłosa, ale także parametrów technologicznych ziarna. Uzyskane modyfikacje mogą stanowić w przyszłości materiał wyjściowy dla wytworzenia źródeł genetycznych dla potrzeb hodowli pszenicy ozimej.
2. Gatunki *T. boeoticum* Boiss., *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013,5030, *T. dicoccoides* Schweinf., *T. durum* Desf. cvs. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, Mutico Mucur, DF624, *Ae. speltoideus* Taush., *L. perenne* L. cv. Anna, *E. giganteus* L. zastosowane w krzyżowaniu introgressywnym okazały się efektywnymi źródłami dla ulepszeń cech morfologicznych kłosa jak również jakości ziarna w pszenicy heksaploidalnej ozimej *T. aestivum* L.
3. Modyfikowanie kłosa pszenicy ozimej *T. aestivum* L. za pomocą międzygatunkowego i międzyrodzajowego krzyżowania prowadzić może do uzyskania ulepszonych elementów jego struktury anatomicznej i wysokiej odporności na choroby kłosa. Poza tym umożliwia uzyskanie takich połączeń cech, które są bardzo trudne do otrzymania konwencjonalnymi metodami hodowli, jak wysoka liczba ziaren z kłosa i duże ziarno lub wysoka ich masa, czy też duża liczba dużych ziarniaków w jednym kłosku.
4. Krzyżowanie introgressywne odmian Chinese Spring i Favorit *T. aestivum* L. z odmianami Mirable, Khapli i Fuensemiduro *T. durum* Desf. i *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013,5030 prowadzić może do uzyskania w pszenicy ozimej *T. aestivum* L. wysokich wartości parametrów technologicznych (grupa E) wykraczających nawet poza genotyp jakościowy odmiany Begra.
5. Krzyżowanie introgressywne pszenicy ozimej *T. aestivum* L. z gatunkami rodziny *Poaceae* prowadzić może również do uzyskania zmian genetycznych w zakresie

uwarunkowań wysokocząsteczkowej frakcji glutenin w loci *Glu-1*. Zidentyfikowanie nowej pary podjednostek 5+12 połączonej z wysokimi wartościami (grupa E, A) parametrów technologicznych w krzyżowaniach z odmianą Mirable tetraploidalnego gatunku *T. durum* Desf. może stanowić źródło odmiennych uwarunkowań cech jakościowych ziarna dla materiałów hodowlanych pszenicy ozimej *T. aestivum* L.

LITERATURA

- Anamthawat-Jonsson K. 1999. Variable genome composition in *Triticum* × *Leymus* amphiploids. *Theor. Appl. Genet.* 99 (7–8): 1087 — 1093.
- Anderson O. D., Litts J. C., Greene F. C. 1997. The L-gliadin gene family. I. Characterization of ten new wheat L-gliadin genomic clones, evidence for limited sequence conservation of flanking DNA and Southern analysis of gene family. *Theor. Appl. Genet.* 95: 50 — 58.
- Anderson O. D., Abraham-Pierce F. A., Tam A. 1998. Conservation in wheat high-molecular-weight glutenin gene promotor sequences: comparisons among loci and among alleles of the *Glu-B1-1* locus. *Theor. Appl. Genet.* 96: 568 — 576.
- Ban T. 1997. Evaluation of resistance to *Fusarium* head blight indigenous Japanese species of *Agropyron* (*Elymus*). *Euphytica* 97: 39 — 44.
- Belea A., Sagi F. 1978. Evaluation of common wheats and interspecific *Triticum* hybrids for protein and lysine content. *Cereal Res. Comm.* Vol. 6, no. 1: 15 — 19.
- Bluthner W. D., Schumann E. 1988. Use of *Aegilops* and tetraploid wheat for wheat protein improvement. *Hod. Rośl. Aklim.* 32, 1–2: 203 — 206.
- Bojarczuk J. 2005. Pszenica *T. durum* Desf. w Polsce, genetyka, hodowla i wykorzystanie do produkcji makaronu. *Biul. IHAR* (w druku).
- Borghi B., Pogna N. E., Ambrogio E. 1998. Bread wheat. Italian Contribution to Plant Genetics and Breeding (Eds. G. T. Scarascia Mugnozza, M. A. Pagnotta), Univ. of Tuscia, Italy: 195 — 207.
- Branlard G., Autran J. C., Monneveux P. 1989. High molecular weight glutenin subunits in durum wheat (*Triticum durum*). *Theor. Appl. Genet.* 78: 353 — 358.
- Buerstmayr H., Lemmens L., Grausgruber H., Ruckebauer P. 1996. Scab resistance of international wheat germplasm. *Cer. Res. Comm.* 24: 195 — 202.
- Cherkaoui S., Lamsaoui O., Chlyah A., Chlyah H. 2000. Durum wheat × maize crosses for haploid wheat production: Influence of parental genotypes and various experimental factors. *Plant Breed.* 119: 31 — 36.
- Ciaffi M., Benedeltelli S., Giorgi B., Porceddu E., Lafiandra D. 1991. Seed storage proteins of *Triticum turgidum* spp. *dicoccoides* and their effects on technological quality in durum wheat. *Plant Breeding*, 107: 309 — 319.
- Ciaffi M., Dominici L., Lafiandra D., Porceddu E. 1992. Seed storage proteins of wild wheat progenitors and their relationships with technological properties. *Hereditas*, 116: 315 — 322.
- Cygankiewicz A. 1997. Wartość technologiczna ziarna materiałów hodowlanych pszenicy ozimej i jarej na tle badań własnych i światowych. *Biul. IHAR* 204: 219 — 235.
- D'Ovidio R., Tanzarella O.A., Masci S., Lafiandra D., Porceddu E. 1992. RFLP and PCR analysis at Gli-1, Gli-2, Glu-1 and Glu-3 loci in cultivated and wild wheats. *Hereditas* 116: 79 — 85.
- D'Ovidio R., Simeone M., Masci S., Porceddu E. 1997. Molecular characterization of a LMW-GS gene located on chromosome 1B and the development of primers specific for the Glu-B3 complex locus in durum wheat. *Theor. Appl. Genet.* 95: 119 — 126.
- Farooq S., Iqbal N., Asghar M., Shah T. M. 1992. Intergeneric hybridization for wheat improvement. IV. Expression of salt tolerance gene(s) of *Aegilops cylindrica* in hybrids with hexaploid wheat. *Cereal Res. Comm.* 20, 1-2: 111 — 118.
- Forde J., Malpica J. M., Halford N. G., Shevry P. R., Anderson O. D., Green F. C. (1985). The nucleotide sequence of a HMW glutenin subunit gene located on chromosome 1A of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Nucleic Acids Res.* 13: 6817 — 6832.

- Friebe B., Raup W. J., Gill B. S. 1997. Alien sources for diseases and pest resistance in wheat improvement. In: Lelley T. (ed.). Current topics in plant cytogenetics related to plant improvement, Tulln-Austria: 63 — 71.
- Hsam S. L. K., Mohler V., Hartl L., Wenzel G., Zeller F. J. 2000. Mapping of powdery mildew and leaf rust resistance genes on the wheat-translocated chromosome T 1BL-1RS using molecular and biochemical markers. Plant Breed. 119: 87 — 89.
- Juhász A., Larroque O.R., Tamas L., Hsam S. L. K., Zeller F. J., Bekes F., Bedo Z. 2003. Bankuti 1201—an old Hungarian wheat variety with special storage protein composition. Theor. Appl. Genet. 107: 697 — 704.
- Kaczyński L. 2002. Pszenica ozima. Lista opisowa odmian 2002. COBORU, Słupia Wielka: 20 — 35.
- Kazman M. E., Lein V., Robbelen G. 1997. The 1BL-1RS translocation in recently developed European wheats. In: Lelley T. (ed.). Current topics in plant cytogenetics related to plant improvement, Tulln-Austria: 334 — 341.
- Khan I. A. 2000. Molecular and agronomic characterization of wheat — *Agropyron Intermedium* recombinant chromosomes. Plant Breed. 119: 25 — 29.
- Klockiewicz-Kamińska E., Brzeziński W. J. 1997. Metoda oceny i klasyfikacji jakościowej odmian pszenicy. Wiad. Odm. COBORU, Słupia Wielka, 67: 1 — 18.
- Kushnir U., Halloran G. M. 1984. Transfer of high kernel weight and high protein from wild tetraploid wheat (*Triticum turgidum dicoccoides*) to bread wheat with recombination. Euphytica 33: 249 — 255.
- Lange W., Jochemsen G. 1979. Use of wild emmer (*Triticum dicoccoides*, AA BB) in the breeding of common wheat (*Triticum aestivum* L. AA BB DD). Proc. Conf. Broadening Genet. Base Crops, Wageningen: 225 — 227.
- Lima-Brito J., Guedes-Pinto H., Harisson G. E., Heslop-Harrison J. S. 1996. Chromosome identification and nuclear architecture in tritcale × *tritordeum* F₁ hybrids. J. of Exp. Bot., Vol. 47, No. 297: 583 — 588.
- Mc Intosh R. A., Lagudah E. S. 2000. Cytogenetical studies in wheat. XVIII. Gene Yr 24 for resistance to stripe rust. Plant Breed. 119: 81 — 83.
- Pilch J. 1987. Substytucje i delecje heterochromatynowe chromosomów żyta (*Secale cereale* L.) oraz ich związek z niektórymi cechami użytkowymi pszenżyta heksaploidalnego. Hod. Rośl. Aklim. 30, 3–4: 1 — 52.
- Pilch J., Głowacz E. 1997. Międzygatunkowe i międzyrodzajowe krzyżowania jako sposób ulepszania cech kłosa w hodowli pszenicy heksaploidalnej *Triticum aestivum* L. Biul. IHAR 204: 15 — 31.
- Pilch J. 2002. Wartość technologiczna introgresywnych form pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 223/224: 95 — 109.
- Pilch J. 2004. Wykorzystanie hybrydyzacji introgresywnej w podwyższaniu wartości technologicznej ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Pam. Puł. 135: 247 — 257.
- Reeves C. D., Okita T. W. 1987. Analyses of L, B — gliadin genes from diploid and hexaploid wheats. Gene 52: 257 — 266.
- Rogers W. J., Rickatson J. M., Sayers E. J., Law C. N. 1990. Dosage effects of chromosomes of homoeologous groups 1 and 6 upon bread-making quality in hexaploid wheat. Theor. Appl. Genet. 80: 281 — 287.
- Rogers W. J., Miller T. E., Payne P. I., Seekings J. A., Sayers E. J., Holt L. M., Law C. N. 1997. Introduction to bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and assessment for bread-making quality of alleles from *T. boeoticum* Boiss ssp. *Thaoudar* at Glu-A1 encoding two high-molecular-weight subunits of glutenin. Euphytica 93: 19 — 27.
- Rubiales D., Ballesteros J., Martin A. 1992 Resistance to *Septoria tritici* in *Hordeum chilense* × *Triticum* spp. *amphiploids*. Plant Breed. 109: 281 — 286.
- Sao Q. Q., Deng W. Y., Lin X. Y. 1989. Wide crossing and gene transfer methods between species. In: Mujeeb-Kazi A., Sitch A.L. (eds). Review of Advances in Plant Biotechnology 1985–1988., CIMMYT-Mexico: 115 — 131.
- Schlegel R. 1997. Current list of wheats with rye introgressions of homoeologous group 1. 2nd update. Wheat Inf. Service No. 84: 64 — 69.
- Szafer W., Kulczyński S., Pawłowski B. 1967. Rośliny polskie. Wyd. PWN Warszawa: 930 — 931.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z., Mazurek H. 1997. Parametry jakościowe ziarna krajowych linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). Biul. IHAR 204: 129 — 140.

- Turchetta T., Ciaffi M., Porceddu E., Lafiandra D. 1995. Relationship between electrophoresis pattern of storage proteins and gluten strength in durum wheat landraces from Turkey. *Plant Breed.* 114: 406 — 412.
- Trottet M., Dosba F. 1983. Analyses cytogénétique et comportement vis-a-vis de *Septoria nodorum* d'hybrides *Triticum* sp. × *Aegilops squarrosa* et de leurs descendances. *Agronomie* 37: 659 — 664.
- Vallega V., Mello-Sampayo T. 1987. Variation of high-molecular-weight glutenin subunits amongst cultivars of *Triticum turgidum* L. from Portugal. *Euphytica* 3: 755 — 762.
- Zeven A. C., Waning J. 1986. The degree of similarity backcross lines of *Triticum aestivum* cultivars Manitou and Neepawa with *Aegilops speltoides* accessions as donors. *Euphytica* 35: 677 — 685.
- Zillman R.R., Bushuk W. 1979. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. III. *Can. J. Plant Sci.* 59: 287.