

JERZY NAWRACAŁA**TADEUSZ LUCZKIEWICZ**

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

Akademia Rolnicza im. A. Cieszkowskiego w Poznaniu

Analiza zmienności cech struktury plonu u roślin pokolenia F₂ krzyżówek diallelicznych soi (*Glycine max* L. Merrill.)

Analysis of variability of yield component traits in F₂ generation of soybean (*Glycine max* L. Merrill.) diallel crosses

Przeprowadzono krzyżowanie dialleliczne (metoda 2 Griffinga) pomiędzy pięcioma genotypami soi. Doświadczenie polowe (w trzech powtórzeniach) założono z mieszańcami F₂. Analizowano zmienność pięciu cech komponentów plonu: liczba strąków z rośliny, liczba nasion z rośliny, liczba nasion w strąku, masa 1000 nasion, masa nasion z rośliny. Najwyższy współczynnik zmienności u genotypów rodzicielskich otrzymano dla masy nasion z rośliny ($V = 57,8\%$) a u mieszańców dla liczby nasion z rośliny ($V = 77,2\%$). Zmienność badanych cech (wyrażona współczynnikiem zmienności i rozstępem) była znacznie wyższa u mieszańców aniżeli u form rodzicielskich. Największy wzrost średniej wartości cechy i zmienności cechy obserwowano w potomstwie krzyżówek z linią 2349. W pokoleniu F₂ wszystkich krzyżówek wyselekcjonowano genotypy lepsze od lepszego rodzica. Najwięcej takich roślin pod względem masy nasion z rośliny otrzymano w potomstwie krzyżówek odmiana Progres × linia 16 i linia 2349 × linia 16. Istotne efekty GCA stwierdzono dla liczby nasion z rośliny (linia 2349), liczby nasion w strąku (Progres i linia 16) i MTN (linie 16, 2336 i 2349). Istotne, dodatnie efekty SCA otrzymano tylko w kombinacji krzyżówkowej 2336 × 2349 dla liczby nasion z rośliny.

Słowa kluczowe: krzyżowanie dialleliczne, soja, transgresja, zmienność

Diallel crosses (Griffing's method 2) between five soybean genotypes were carried out. Field experiment (in three replications) was performed with F₂ generation. Variability of five yield component traits: number of pods per plant, number of seeds per plant, number of seeds per pod, 1000 seeds weight, seed weight per plant were analyzed. The highest variability coefficient for parental genotypes was obtained for seed weight per plant ($V = 57,8\%$) and in hybrids for number of seeds per plant ($V = 77,2\%$). Variability of analyzed hybrid traits (expressed by variability coefficient and range) was much higher than variability of traits in parents. The highest increase of mean trait value and variability of trait was observed in progeny of crosses with line 2349. In F₂ progenies of all crosses single plants appeared to be better than the better of the parents. The greatest numbers of these plants were obtained in progeny of crosses Progres × line 16 and line 2349 × line 16. General combining ability (GCA) significantly affected the number of seeds per plant (line 2349), number of seeds per pod (Progres and line 16) and 1000 seeds weight (lines 16, 2336 and 2349). Positive, significant effect of

specific combining ability (SCA) was found only in cross combination 2336 × 2349 for number of seeds per plant.

Key words: diallel crosses, soybean, transgression, variability

WSTĘP

Soja jest jedną z najważniejszych w rolnictwie światowym roślin uprawnych ze względu na wysoką zawartość w nasionach białka (około 40%) oraz oleju (około 20%). W prowadzonej w Polsce hodowli twórczej soi krzyżowanie jest najlepszą drogą tworzenia nowej zmienności genetycznej przydatnej w naszych warunkach klimatycznych (Nawracała i Konieczny, 1997). Szereg autorów uważa, że przed przystąpieniem do szerokiego programu krzyżowania powinno się ocenić zmienność populacji rodzicielskich oraz ich zdolność kombinacyjną (Scott i Kephart, 1997). Analiza zmienności cech ważnych rolniczo oraz ocena zdolności kombinacyjnej wykonana na podstawie krzyżówek diallelicznych ułatwia znalezienie najlepszych komponentów rodzicielskich i umożliwia pełniejsze wykorzystanie posiadanych materiałów wyjściowych w pracy hodowlanej (Yang i Wang, 1994). Poza tym, jak stwierdzili Kisha i wsp. (1997), znalezienie wysoko plonujących transgresywnych segregantów jest głównym celem w hodowli soi.

Celem pracy, w pierwszym etapie, była analiza zmienności cech struktury plonu roślin pokoleniu F_2 otrzymanych z krzyżowania diallelicznego pięciu genotypów soi.

MATERIAŁ I METODY

W Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Poznaniu przeprowadzono krzyżowanie dialleliczne (model 2 wg Griffinga) pomiędzy pięcioma genotypami soi. Skrzyżowano najwcześniejszą w warunkach Polski odmianę Progres oraz cztery linie: 16, 104, 2336 i 2349. Linie te, wyprowadzone w KG i HR, pochodziły z przekrzyżowania genotypów otrzymanych z USDA Soybean Germplasm Collection i charakteryzowały się krótkim okresem wegetacji oraz wysokim potencjałem plonowania. Doświadczenie polowe z mieszańcami pokolenia F_2 i rodzicami (15 obiektów) założono w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym w Dłoni w trzech powtórzeniach. Powierzchnia poletka wynosiła 10 m². Z każdego poletka do pomiarów biometrycznych wybrano 100 roślin. Pomiary biometryczne wykonano łącznie na 4500 roślinach. W doświadczeniu oceniono zmienność cech struktury plonu: liczbę strąków, liczbę nasion, liczbę nasion w strąku, masę tysiąca nasion i masę nasion z rośliny. Efekty ogólnej (GCA) i specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) obliczono programem SERGEN.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza zmienności roślin genotypów rodzicielskich i roślin pokolenia F_2 wykazała dużą zmienność cech struktury plonu. Najbardziej zmienną cechą u form rodzicielskich była masa nasion z rośliny ($V = 57,8\%$), a u roślin mieszańcowych pokolenia F_2 liczba nasion z rośliny ($V = 67,2\%$) i masa nasion z rośliny ($V = 61,2\%$). Najmniejszą zmiennością (szczególnie u genotypów rodzicielskich) charakteryzowała się masa tysiąca

nasion i liczba nasion w strąku. Współczynniki zmienności tych cech były podobne do otrzymanych we wcześniejszych pracach nad soją w warunkach Wielkopolski. Współczynniki zmienności w przeprowadzonych przez Jaranowskiego i wsp. (1983) obserwacjach 445 form kolekcyjnych soi wynosiły dla masy nasion z rośliny 58,2%, liczby nasion z rośliny 48,3%, liczby nasion w strąku 15,6%.

Zmienność analizowanych cech struktury plonu u roślin pokolenia F_2 znacznie przekraczała zmienność tych cech u genotypów rodzicielskich. Współczynniki zmienności wszystkich cech struktury plonu w pokoleniu F_2 były większe niż u form rodzicielskich (tab. 1). W największym stopniu u mieszańców wzrosła zmienność liczby nasion z rośliny, liczby nasion w strąku i masy tysiąca nasion. Zakres zmienności wyrażony rozstępem był także większy, w przypadku wszystkich analizowanych cech, u mieszańców niż u form rodzicielskich np. rozstęp liczby nasion z rośliny u rodziców wynosił 10–191, a u mieszańców 6–340.

Rośliny pokolenia F_2 przewyższały średnio formy rodzicielskie pod względem liczby nasion z rośliny (o 4,3%), liczby nasion w strąku (o 3,1%) i liczby strąków z rośliny. W kombinacjach krzyżówkowych linia 2336 $\times$ linia 2349 oraz linia 2349 $\times$ Progres średnie wartości cech roślin pokolenia F_2 przewyższały wartości lepszego rodzica pod względem czterech cech: liczby strąków i nasion z rośliny, liczby nasion w strąku oraz masy nasion z rośliny (tab. 1). W kombinacjach 2349 $\times$ linia 16 oraz Progres $\times$ linia 16 takie przekroczenie stwierdzono dla trzech cech: liczby strąków i nasion z rośliny oraz masy nasion z rośliny. Tylko w kombinacjach krzyżówkowych linia 2336 $\times$ Progres i linia 2336 $\times$ linia 16, średnie wartości cech roślin pokolenia F_2 nie przekroczyły wartości lepszego rodzica.

Potencjał plonowania u soi zależy głównie od liczby strąków z rośliny i liczby nasion w strąku. Znalezienie transgresyjnych segregantów pod względem tych cech jest możliwe. Jang i Wang (1994) stwierdzili, że krzyżowanie pomiędzy odmianami o półzdeteterminowanym typie wzrostu (takim typem wzrostu charakteryzują się wszystkie badane genotypy) zwiększa w potomstwie liczbę strąków i liczbę nasion. Duży procent roślin z większą niż lepszy rodzic liczbą nasion z rośliny stwarza nadzieję na znalezienie w dalszych pokoleniach segregantów transgresyjnych. Istotne statystycznie efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej stwierdzono dla liczby nasion w potomstwie linii 2349 (tab. 2). Dodatnie efekty specyficznej zdolności kombinacyjnej stwierdzono jedynie dla liczby nasion z rośliny w kombinacji krzyżówkowej 2336 $\times$ 2349 (tab. 3).

W warunkach pogodowych Polski soja zawiązuje stosunkowo małą liczbę nasion w strąku — średnio 1,6 (Konieczny i in., 1994). W potomstwie krzyżówek diallelicznych średnia liczba nasion w strąku w niewielkim stopniu przekraczała średnią liczbę nasion w strąku u form rodzicielskich (tab. 1). Jednak w kombinacjach 2336 $\times$ linia 104 i Progres linia 104 odnotowano rośliny mające średnio 2,9 i 2,8 nasion w strąku. Ocena efektów GCA wykazała, że odmiana Progres zwiększała wysoce istotnie w mieszańcach liczbę nasion w strąku (tab. 2).

Tabela 1

Zmienność cech struktury plonu roślin pokolenia F₂ krzyżówek diallelicznych soi
Variability of yield component traits on F₂ generation of soybean diallel crosses

Genotyp Genotype	Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant			Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant			Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod			Masa tysiąca nasion (g) 1000 seeds weight (g)			Masa nasion z rośliny (g) Seed weight per plant (g)		
	średnia mean	rozstęp range	V* (%)	średnia mean	rozstęp range	V (%)	średnia mean	rozstęp range	V (%)	średnia mean	rozstęp range	V (%)	średnia mean	rozstęp range	V (%)
rodzice parents															
Progres (P)	46,5	6–114	57,0	78,6	8–176	58,9	1,70	1,4–2,0	18,6	143,8	98,1–181,3	20,1	11,2	1,5–30,1	62,8
16	49,3	7–135	45,9	73,2	10–172	50,4	1,47	1,4–1,9	14,6	163,0	129,3–187,0	16,3	11,6	2,0–27,5	48,5
104	58,0	10–135	37,4	90,9	16–186	38,4	1,57	1,0–2,1	12,1	160,0	137,5–192,3	14,9	14,3	3,0–42,3	42,8
2336	57,6	19–146	50,1	91,3	30–191	53,4	1,59	1,1–2,4	13,1	146,5	116,9–197,5	15,6	12,7	4,0–32,0	52,7
2349	52,8	13–129	40,7	85,1	20–189	42,3	1,62	1,1–2,3	11,8	152,0	96,7–190,0	14,2	12,9	3,5–29,0	40,5
Razem Total	52,8	6–146	45,9	83,8	10–191	48,3	1,59	1,0–2,4	16,4	153,1	96,7–197,5	14,2	12,5	1,5–42,3	57,8
pokolenie F ₂ F ₂ progeny															
2336 × 2349	65,1	10–140	44,9	105,4	14–244	53,9	1,67	1,1–2,4	17,2	133,7	132,1–223,9	22,6	14,1	1,2–38,0	54,9
2336 × P	55,0	10–189	55,1	86,1	14–286	58,3	1,70	1,1–2,2	16,2	138,7	112,1–198,0	20,6	12,0	2,0–46,0	63,8
2336 × 16	53,9	8–161	51,6	83,4	10–278	54,4	1,54	1,3–2,6	17,7	138,5	122,0–196,0	17,2	11,6	1,0–39,5	57,5
2336 × 104	46,9	6–123	67,8	71,9	9–172	62,8	1,61	1,2–2,9	20,5	134,6	91,2–249,5	26,5	10,3	1,0–43,0	61,0
2349 × P	53,0	8–135	43,6	91,3	12–272	50,4	1,71	1,1–2,3	19,7	142,9	134,4–218,3	17,7	13,1	1,5–52,5	56,5
2349 × 16	59,5	17–151	40,3	95,5	23–261	59,4	1,61	1,1–2,0	18,8	142,9	121,3–210,0	14,5	13,7	2,0–42,0	46,9
2349 × 104	57,4	14–178	43,4	92,8	14–298	48,4	1,61	1,2–2,5	17,7	146,5	123,3–189,2	16,9	13,5	1,5–55,0	69,2
P × 16	53,5	13 – 158	47,9	87,1	13–245	48,7	1,65	1,3–2,6	14,7	141,0	105,6–195,1	13,9	12,4	2,0–39,5	53,3
P × 104	42,2	3–113	56,3	72,4	6–217	57,2	1,72	0,9–2,8	17,3	142,7	132,1–258,2	20,4	10,7	0,5–39,5	66,5
16 × 104	56,0	12–164	48,0	89,3	20–340	51,0	1,60	1,1–2,3	16,3	157,8	113,9–169,3	15,6	14,0	2,0–50,2	64,8
Razem Total	54,2	3–189	57,2	87,5	6–340	77,2	1,64	0,9–2,9	37,0	141,9	91,2–258,2	28,6	12,5	1,0–55,0	61,2

* V — Współczynnik zmienności

* V — Coefficient of variability

Tabela 2

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dla testowanych genotypów soi
Effects of general combining ability (GCA) for tested soybean genotypes

Genotyp Genotype	Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod	Masa tysiąca nasion (g) 1000 seeds weight (g)	Masa nasion z rośliny (g) Seed weight per plant (g)
Progres (P)	-3,696	-3,950	0,060**	-0,156	-0,538
16	-0,177	-2,864	-0,059**	0,461**	-0,129
104	-0,587	-1,911	-0,012	0,540**	0,390
2336	1,904	2,217	-0,005	-0,792**	-0,329
2349	2,556	6,208*	0,015	-0,053	0,605

Tabela 3

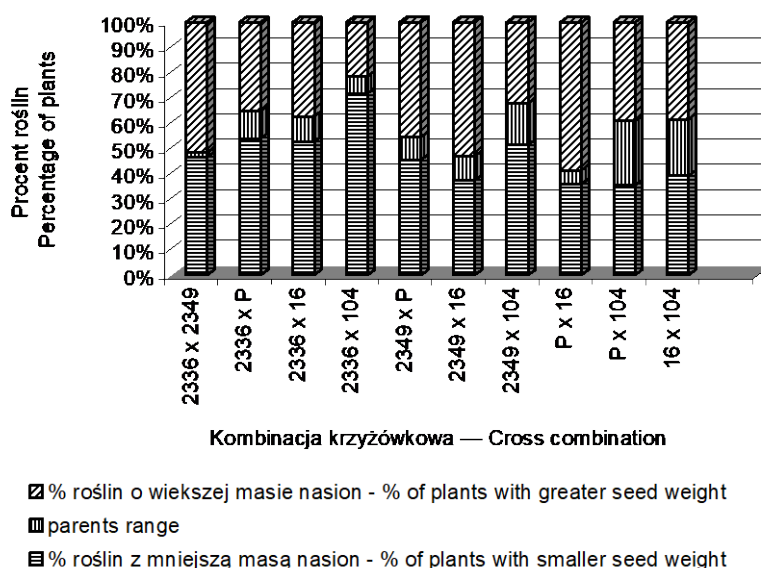
Efekty specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) dla testowanych mieszańców soi
Effects of specific combining ability (SCA) for tested hybrids

Genotyp Genotype	Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod	Masa tysiąca nasion (g) 1000 seeds weight (g)	Masa nasion z rośliny (g) Seed weight per plant (g)
2336 × 2349	6,833	19,717*	0,046	-0,347	1,190
2336 × P	3,019	0,575	0,018	0,249	0,233
2336 × 16	-1,633	-3,211	-0,017	-0,384	-0,610
2336 × 104	-8,190	-15,630	0,000	-0,856	-2,395*
2349 × P	0,367	2,084	0,011	-0,063	0,433
2349 × 16	3,314	5,232	0,027	-0,686	0,590
2349 × 104	1,657	1,513	-0,017	-0,401	-0,129
P × 16	3,633	6,922	0,005	-0,770	0,400
P × 104	-7,324	-8,663	0,041	0,324	-0,286
16 × 104	2,990	7,117	0,043	0,208	1,105

Tiwari i Bhatnagar (1994) po skrzyżowaniu odmian mających w strąkach najwyżej trzy nasiona znaleźli segreganty transgresyjne, mające na roślinie 30% strąków czteronasien-nych.

W przeprowadzonym doświadczeniu średnia MTN genotypów rodzicielskich wahała się w niewielkim zakresie (tab. 1). Jednak MTN roślin pokolenia F₂ była średnio niższa niż form rodzicielskich we wszystkich kombinacjach krzyżówkowych. We wszystkich kombinacjach krzyżówkowych znaleziono segreganty zarówno o mniejszej, jak i większej MTN. Jednak potomstwa mieszańcowe linii 16 i 104 miały wyższą MTN (wysokie istotne GCA; tab. 2), a linia 2336 wносиła do mieszańców zmniejszenie MTN (tab. 2). Powyższe fakty wskazują na możliwość wyselekcjonowania linii zarówno o wyższej jak i niższej MTN od form rodzicielskich. Johnson i wsp. (2001) analizował wielkość nasion w trzech kombinacjach krzyżówkowych: linie o małych nasionach × linie o małych nasionach, linie o małych nasionach × linie o normalnych nasionach, linie o małych nasionach × (linie o małych nasionach × linie o normalnych nasionach). W pokoleniu F₂, w pierwszej kombinacji krzyżówkowej 90%, w drugiej 4%, a w trzeciej 20% roślin miało MTN równą lub mniejszą od jednego z rodziców. Transgresyjne segreganty o mniejszej MTN Johnson i wsp. (2001) znaleźli tylko przy krzyżowaniu między sobą linii o małych nasionach. Mian

i wsp. (1996) w liniach otrzymanych z krzyżowania odmian o dużych nasionach (food-type soybean) znaleźli transgresyjne segreganty pod względem wielkości nasion w obu badanych kombinacjach krzyżówkowych.



Rys. 1. Rośliny pokolenia F₂ o masie nasion (z jednej rośliny) większej lub mniejszej niż rodziców (w %)

Fig. 1. Plants of F₂ generation with seed weight per plant greater or smaller than in parents range

Na rysunku 1 przedstawiono (w poszczególnych kombinacjach krzyżówkowych) procent roślin lepszych od lepszego rodzica pod względem masy nasion a rośliny. Najwięcej takich roślin znaleziono w potomstwie krzyżówki Progres × linia 16 (ponad 60%), a następnie w kombinacjach krzyżówkowych, w których jedną z form rodzicielskich była linia 2349 (rys. 1). Pojedynki z masą nasion pośrednią pomiędzy formami rodzicielskimi obserwowano najczęściej w kombinacji krzyżówkowej Progres × linia 104 i linia 16 × linia 104, a najmniej w potomstwie krzyżówki 2336 × linia 104 (poniżej 30%). Pomimo nieistotnych efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej wszystkich linii w przypadku masy nasion z rośliny (tab. 2), zakres obserwowanej zmienności oraz dane literaturowe mogą wskazywać na możliwość późniejszego wyselekcjonowania roślin transgresyjnych po względem tej cechy. Transgresywnych, wyżej plonujących segregantów można np. oczekiwać przy krzyżowaniu genotypów niespokrewnionych. Thompson i Nelson (1998) stwierdzili, że najwięcej wysoko plonujących linii pochodziło z kombinacji krzyżówkowych, w których wykorzystano linie pochodzące z kolekcji USDA Soybean Germplasm Collection, a więc odległych genetycznie od odmian amerykańskich. W naszym doświadczeniu odmiana Progres (wyhodowana w IHAR, Radzików) oraz linie 16, 2349 (genotypy, po których skrzyżowaniu otrzymano najwięcej segregantów

przewyższających lepszego rodzica), miały zupełnie inne pochodzenie. Transgresji można także oczekiwać przy krzyżowaniu bardzo dobrze plonujących odmian. Cornelious i Sneller (2002) krzyżowali najlepsze odmiany amerykańskie pochodzące z Południa z najlepszymi odmianami z Północy otrzymując w niektórych kombinacjach krzyżówkowych transgresyjne segreganty pod względem plonu nasion. W naszym doświadczeniu w kombinacji krzyżówkowej, w której krzyżowano najlepsze linie 2349 × 104 i 2336 × 104 otrzymano odpowiednio ponad 30 i ponad 20% segregantów lepszych od lepszego rodzica (rys. 1). Otrzymane wyniki potwierdzają trafność wyboru komponentów rodzicielskich do krzyżowania diallelicznego i stwarzają możliwości wykorzystania powyższego materiału w dalszych pracach hodowlanych.

WNIOSKI

1. Najbardziej zmiennymi cechami struktury plonu u genotypów rodzicielskich i roślin pokolenia F_2 były masa nasion rośliny oraz liczba nasion z rośliny a najmniejszą zmiennością charakteryzowały się masa tysiąca nasion i liczba nasion w strąku.
2. Analiza cech struktury plonu roślin pokolenia F_2 otrzymanych z krzyżówek diallelicznych pomiędzy pięcioma genotypami soi wykazała wzrost wartości współczynników zmienności w porównaniu z genotypami rodzicielskimi dla wszystkich ocenianych cech.
3. Największy wzrost zmienności oraz wzrost średnich wartości cech struktury plonu odnotowano w kombinacjach krzyżówkowych, w których jedną z form rodzicielskich była linia 2349.
4. W potomstwach wszystkich krzyżówek diallelicznych i każdej analizowanej cechy wyselekcjonowano segreganty lepsze od lepszego rodzica. Największy procent roślin takich roślin obserwowano w kombinacjach krzyżówkowych Progres × linia 16 i linia 2349 × linia 16.
5. Na ogólną liczbę dwudziestu pięciu ocen GCA istotnych było sześć ocen z czego dodatnich, zwiększających wartość badanej cechy tylko cztery.

LITERATURA

- Cornelious B. K., Sneller C. H. 2002. Yield and molecular diversity of soybean lines derived from crosses of northern and southern elite parents. *Crop Sci.* 42: 642 — 647.
- Jang Q., Wang J. 1994. The combining ability analysis for three different types of soybean and their progenies. *Soybean Genetics Newsletter* 21: 51 — 58.
- Jaranowski J., Skorupska H., Konieczny G., Muszyński A., Torz L. 1983. Charakterystyka zmienności ważniejszych pod względem gospodarczym cech użytkowych soi. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* 2253: 7 — 24.
- Johnson S. L., Fehr W. R., Welke G. A., Cianzio S. R. 2001. Genetic variability for seed size of two- and three-parent soybean populations. *Crop Sci.* 41: 1029 — 1033.
- Kisha T. J., Sneller C. H., Diers B. W. 1997. Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. *Crop Sci.* 37 (4): 1317 — 1325.
- Konieczny G., Muszyński A., Nawracała J. 1994. Variation of seed yield components of soybean genotypes. *Soybean Genetics Newsletter* 21: 146 — 148.

- Mian M. A. R., Bailey M. A., Tamulonis J. P., Shipe E. R., Carter T. E., Parrott W. A., Ashley D. A., Hussey R. S., Boerma H. R. 1996. Molecular markers associated with seed weight in two soybean populations. *Theor. Appl. Genet.* 93 (7): 1011 — 1016.
- Nawracała J., Konieczny G. 1997. Możliwości wykorzystania zmienności introdukowanej, mutacyjnej i rekombinacyjnej w hodowli soi. *Hodowla Roślin — materiały z I Krajowej Konferencji*. Poznań 19–20.11.1997: 91 — 94.
- Scott R. A., Kephart K. D. 1997. Selection for yield, protein, and oil in soybean crosses between adapted and introduced parents. *Field Crop Research* 49 (2/3): 177 — 185.
- Tiwari S. P., Bhatnagar P. S. 1994. Transgressive segregants with four-seeded pods in soybean. *Soybean Genetics Newsletter* 21: 135 — 136.