

JÓZEF PILCH

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

Wartość technologiczna introgresywnych form pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.)

Bread-making quality of introgressive forms of winter wheat (*Triticum aestivum* L.)

W okresie 3 lat badano wartość technologiczną ziarna 76 ozimych linii introgresywnych uzyskanych z krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych pszenicy *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf. v. Mirable, Khapli Fuensemuiduro, *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013, 5030, *Ae. speltoides* Taush., *L. perenne* L. v. Anna. Wyselekcjonowano je spośród 1165 mieszańców oddalonych na podstawie wysokiej zawartości białka ogółem w ziarnie (%), wskaźnika sedimentacji Zeleny'ego (ml), liczby opadania (s) i wartości wypiekowej klasy E (elitarna) lub A (jakościowa) w stosunku do odmiany Begra według kryteriów Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński (1997). Uzyskanie bardzo wysokich wartości wskaźników technologicznych przekraczających dane wzorca *T. aestivum* L. (klasa E) wskazuje na efekt introgresji genów genomów A i B *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov., *Ae. speltoides* Taush., genomu G *T. timopheevii* Zhukov i genomu L *L. perenne* L. Zidentyfikowane linie mogą w przyszłości stanowić materiał wyjściowy do wytworzenia źródeł genetycznych dla hodowli jakościowej pszenicy ozimej.

Słowa kluczowe: introgresywne formy, pszenica *T. aestivum* L., wartość technologiczna, ziarno

Bred-making quality of grain of 76 winter introgressive lines derived from interspecific and intergeneric crosses of wheat *T. aestivum* L. with *T. durum* Desf. v. Mirable, Khapli Fuensemuiduro, *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013, 5030, Taush., and *L. perenne* L. v. Anna was investigated during three years. The lines were selected out of 1165 wide-hybrids on the basis of high protein content (%), sedimentation value (ml), falling number (s) and baking value of the classes E (Exclusive) and A (Qualitative) in the relation to variety Begra according to Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński (1997). Retaining of very high values of the technological indicators which exceeded the quality check *T. aestivum* L. (the class E) point out the effects of the introgression of the genes of the genomes A and B of *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov., *Ae. speltoides* Taush., the genome G of *T. timopheevii* Zhukov. and the genome L of *L. perenne* L. The identified lines may in the future constitute the initial material for developing the genetic sources for the quality breeding of winter wheat.

Key words: introgression, wheat, grain, bread-making quality

WSTĘP

Hodowla pszenicy *Triticum aestivum* L. wprowadza do uprawy nowe odmiany głównie z przeznaczeniem paszowym, na chleb i dla przemysłu ciastkarskiego. Zasadniczym

czynnikiem decydującym o takim wykorzystaniu jest ilość i jakość białka w ziarnie; co najmniej 12,5% jest wymagane, aby uzyskać wymaganą objętość i jakość chleba (Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński, 1997). O jakości białka decydują odpowiednie jego frakcje glutenin i gliadyn kodowane przez homeologiczne loci *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, *Glu-A3*, *Glu-B3* i *Glu-D3* na chromosomach 1A, 1B i 1D oraz loci *Gli-A1*, *Gli-B1*, *Gli-D1*, *Gli-A2*, *Gli-B2* i *Gli-D2* na chromosomach I i VI grupy homeologicznej 1AS, 1BS, 1DS, 6AS, 6BS, 6DS (MacRitchie i in., 1990). Stanowią one system genetyczny warunkujący wartość technologiczną ziarna pszenicy *T. aestivum* L.

W białku, podjednostki HMW stanowią prawie 20% glutenin i występują zwykle w liczbie 3–5 w odmianach pszenicy *T. aestivum* L. Zdaniem Flavella i Payna (1987) zwiększając w danej odmianie ich ilość można zwiększyć wartość wypiekową tej odmiany. Jest to jednak niemożliwe do osiągnięcia konwencjonalnymi metodami hodowli, ale całkiem realne za pomocą inżynierii genetycznej poprzez introgresję obcych genów. Stąd też poszukiwanie nowych podjednostek lub korzystnych kombinacji w gatunkach spokrewnionych z *T. aestivum* L. w obrębie rodziny *Poaceae* i przenoszenie ich do materiałów hodowlanych może okazać się jednym z możliwych sposobów poprawy wskaźników jakościowych w ziarnie nowych odmian.

W Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR prowadzona jest transformacja genomu pszenicy *T. aestivum* L. uwzględniająca cechy kłosa i ziarna z wykorzystaniem wybranych gatunków *Triticum* L. (2x, 4x, 6x), *Secale* L. (2x, 4x), *Hordeum* L. (2x, 4x), *Aegilops* L. (2x, 4x, 6x), *Elymus* L. (2x), *Lolium* L. (2x, 4x). Dokonano introgresji obcych genów cech morfologicznych, uzyskano wiele wartościowych form i wytworzono szereg nowych generacji (Pilch, 2002).

Celem niniejszych badań było zbadanie w okresie 3 lat wartości technologicznej wyselekcjonowanych wcześniej linii jako efektu możliwej introgresji obcych genów

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło ziarno 76 introgresywnych pod względem cech kłosa ozimych linii pszenicy *Triticum aestivum* L. reprezentujących generacje F₄–F₆ (43 linie), F₇–F₉ (24 linie), F₉–F₁₁ (6 linii), F₁₁–F₁₃ (3 linie) wyselekcjonowanych spośród 1165 międzygatunkowych i międzyrodzajowych mieszańców (Pilch i in., 1999). Uzyskano je w efekcie międzygatunkowych i międzyrodzajowych krzyżowań *T. aestivum* L. v. Favorit, Chinese Spring, Jara, Milan, M. Marksmann, CHD 661, TAW 125974/84, SMH 7843, OLH 2925/17, OLH 3095/3, OLH 535, STH 3432, STH 290, STH 5576, STH 8663, AND 166, AND 103/84 z wybranymi gatunkami (4x) *Triticum* L. (*T. durum* Desf. v. Mirable, Khapli, Fuensemduro, *T. timopheevii* Zhukov. v. 5013, 5030), (2x) *Aegilops* L. (*Ae. speltoides* Taush.), (2x) *Lolium* L. (*L. perenne* L. v. Anna) według metodyki opisanej wcześniej (Pilch, 1996). Linie ulepszone były pod względem 1–7 cech kłosa, jak: długość, liczba kwiatków w kłosie, liczba kwiatków w 1 kłosku, liczba ziaren z kłosa, masa ziaren z kłosa, wielkość i wypełnienie ziaren oraz odporność kompleksowa na choroby kłosa wywoływane przez gatunki *Septoria* sp., *Fusarium* sp. i *Helminthosporium* sp.

Liczebność badanych linii, ich pochodzenie i generacje wyszczególnione zostały w tabeli 1. Linie rozmnażano corocznie w tych samych warunkach uprawy i nawożenia na polu doświadczalnym Zakładu Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie. Przeciw chwastom stosowano 1-krotnie Chwastox-Extra i pilenie ręczne. Innych środków chemicznych nie stosowano.

Ocena technologiczna ziarna prowadzona była w okresie 3 kolejnych cykli wegetacyjnych I (1999 r.), II (2000 r.), III (2001 r.) i obejmowała: zawartość białka ogółem (%), wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego (ml), liczbę opadania (s) i wartość wypiekową (klasy: E, A, B, C) wycenioną na podstawie tych wskaźników wg Klockiewicz-Kamińskiej i Brzezińskiego (1997). Oznaczenia wykonano metodami aktualnie stosowanymi dla pszenicy w Pracowni Biochemii i Technologii Zbóż Zakładu Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Pilch i in., 1999). Podział na klasy jakościowe E, A, B, C przedstawiono jako dystans do odmiany Begra w każdym roku i w syntezie 3 lat (tab. 2–4) według metodyki COBORU (Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński, 1997).

Opracowanie statystyczne wyników obejmowało analizę wariancji, odchylenie standardowe, współczynnik wariancji według Little i Hills (1975). Wartości w % transformowano na arc sine $\sqrt{x}$ wg Little i Hills (1975).

WYNIKI

W pracy badano 76 linii heksaploidalnych wykazujących introgresję cech morfologicznych kłosa gatunków spokrewnionych z *T. aestivum* L. Dobór tych linii nie był przypadkowy, lecz wyselekcjonowano je na podstawie wartości klasy E, A wskaźników technologicznych, spośród 1165 linii jakie wytworzono na bazie krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych pszenicy *T. aestivum* L.

W pierwszym roku analiz, pod względem zawartości białka ogółem w ziarnie klasę E miały 32 linie. Pochodziły one z krzyżowań pszenicy *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov i *Ae. speltoides* Taush. Brak było form z *L. perenne* L.. Klasę A miały 44 linie. Wskaźnik sedymentacji Zelenyego klasy E miało 18 linii pochodzących z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush; klasę A miało 58 linii. Liczbę opadania klasy E miało 56 linii, które pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L., *Ae. speltoides* Taush; i klasę A — 20 linii. Ocena wartości wypiekowej wykazała, że klasę E, tj. lepszą od odmiany wzorcowej Begra miało 7 linii, pochodziły one z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov i *Ae. speltoides* Taush. Brak było form z *L. perenne* L. Klasę A, czyli poziom odmiany Begra miało 69 linii.

Współczynnik wariancji był najniższy dla pierwszego roku analiz, ograniczony był bowiem wynikami mieszczącymi się w granicach klas E i A, którymi się kierowano w selekcji technologicznej materiału. W następnych latach analiz (II, III) był on znacznie wyższy.

Tabela 1

Pochodzenie 76 linii introgressywnych pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. badanych technologicznie
Pedigree of 76 introgressive lines of winter wheat *Triticum aestivum* L. technologically investigated

Linie Lines	Kombinacja krzyżowań Cross combinations
1–4	<i>T. aestivum</i> L. v. TAW125974/84 × /(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. CHD 661/, F ₄ –F ₆
5–6	<i>T. aestivum</i> L. v. SMH17843 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro), F ₄ –F ₆
7–8	<i>T. aestivum</i> L. v. OLH2925/17 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable, F ₄ –F ₆
9–10	<i>T. aestivum</i> L. v. OLH 3095/3 × /(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann/, F ₄ –F ₆
11	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 3432 × /(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. CHD 661 /, F ₄ –F ₆
12	(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann, F ₄ –F ₆
13–15	/(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Jara × <i>L. perenne</i> L. v. Anna) × <i>T. aestivum</i> L. v. / × <i>T. aestivum</i> L. v. AND 166, F ₄ –F ₆
16–17	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. F ₄ –F ₆
18–19	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. AND 166, F ₄ –F ₆
20	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. F ₄ –F ₆
21	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. OLH 3095/3, F ₄ –F ₆
22	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. F ₄ –F ₆
23–24	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. timopheevii</i> Zhukov. v. 5013) × <i>T. aestivum</i> L., F ₄ –F ₆
25	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. timopheevii</i> Zhukov. v. 5030) × <i>T. aestivum</i> L. v. STH 3432, F ₄ –F ₆
26–27	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 290 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Khapli) F ₄ –F ₆
28–29	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 290 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann, F ₄ –F ₆
30	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 5576 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann, F ₄ –F ₆
31	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 5576 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. CHD 661/, F ₄ –F ₆
32	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 5576 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann/, F ₄ –F ₆
33	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 8663 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann/, F ₄ –F ₆
34–35	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 8663 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann /, F ₄ –F ₆
36	<i>T. aestivum</i> L. v. STH 8663 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann /, F ₄ –F ₆
37–41	<i>T. aestivum</i> L. v. Milan × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Fuensemiduro) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann /, F ₄ –F ₆
42	<i>T. aestivum</i> L. v. OLH 535 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L., F ₄ –F ₆
43	<i>T. aestivum</i> L. v. AND 103/84 × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. M. Marksmann /, F ₄ –F ₆
44–67	(<i>T. aestivum</i> L. v. mono-5B Favorit × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. F ₇ –F ₉
68	(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. timopheevii</i> Zhukov.) × <i>T. aestivum</i> L. v. Jara, F ₉ –F ₁₁
69–73	(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>Ae. speltooides</i> Taush.) × (<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable), F ₉ –F ₁₁
74	(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L. v. CHD 661, F ₁₁ –F ₁₃
75–76	(<i>T. aestivum</i> L. v. Chinese Spring × <i>T. durum</i> Desf. v. Mirable) × <i>T. aestivum</i> L., F ₁₁ –F ₁₃

Synteza uwzględniająca 3-letnie wyniki technologiczne wykazała zmiany w liczbie linii poszczególnych klas jakościowych w porównaniu do roku wyjściowego (tab. 5). Średnie wartości krytyczne w tej syntezie były znacznie wyższe i przedstawiono je w tabelach 2–4.

Tabela 2

Wartości krytyczne klas zawartości białka (%)
Critical limits of the protein classes (%)

Klasa Class	I cykl I cycle	II cykl II cycle	III cykl III cycle	Synteza Synthesis
E	> 14,3	> 15,1	> 14,3	> 14,5
A	13,2–14,2	14,0–15,0	13,2–14,2	13,3–14,4
B	13,1–12,7	13,4–13,9	12,6–13,1	13,2–12,8
C	< 12,6	< 13,3	< 12,5	< 12,7
Begra	13,6	14,5	13,7	13,9

Tabela 3

Wartości krytyczne klas wskaźnika sedymentacji (ml)
Critical limits of the sedimentation classes (ml)

Klasa Class	I cykl I cycle	II cykl II cycle	III cykl III cycle	Synteza Synthesis
E	> 46,0	> 53,0	> 57,0	> 52,3
A	34,0–45,9	40,0–52,9	43,0–56,9	38,3–52,2
B	22,0–33,9	25,0–39,9	29,0–42,9	38,2–24,3
C	< 21,9	< 24,9	< 28,9	< 24,2
Begra	44,0	46,0	50,0	45,3

Tabela 4

Wartości krytyczne klas liczby opadania (s)
Critical limits of the falling number classes (s)

Klasa Class	I cykl I cycle	II cykl II cycle	III cykl III cycle	Synteza Synthesis
E	> 198,0	> 236,0	> 271	> 226,0
A	167,0–197,9	186,0–235,9	231,0–270,9	225,9–186,0
B	136,0–166,9	156,0–185,9	191,0–230,9	185,9–146,0
C	< 135,9	< 155,9	< 190,9	< 145,9
Begra	262,0	325,0	360,0	315,7

W klasie E zawartości białka, tj. wyższej od odmiany wzorcowej Begra liczba linii nieco zwiększyła się i wynosiła 39 linii. Wszystkie linie pochodziły z krzyżowań *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush; W klasie A liczba linii zmniejszyła się wyraźnie do 33 linii. Wystąpiły niższe klasy jakościowe B i C, które wykazywały 4 linie. Pod względem wskaźnika sedymentacji w klasie E była podobna liczba linii, które pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. Zmniejszyła się znacznie liczba linii klasy A i wynosiła 46 linii, a 11 linii uzyskało wartości niższej klasy, czyli B. W przypadku liczby opadania utrzymywane zostały te same klasy E i A, przy czym wyraźnie zwiększyła się liczba linii klasy E, poziomu odmiany Begra i wynosiła 74 linie, wszystkie pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush. Tylko 2 linie uzyskały klasę A. Oceniając wartość wypiekową na podstawie tych

wskaźników, 17 linii, czyli więcej o 10 linii wykazało klasę E — wyższą od odmiany wzorcowej Begra (klasa A). Pochodziły one z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov i *L. perenne* L. Brak było form z *Ae. speltoides* Taush. W porównaniu z pierwszym rokiem analiz, klasy E nie utrzymały 2 linie. W klasie A było 46 linii.

Tabela 5

Liczba linii w poszczególnych klasach jakości dla syntezy wyników 3 lat
Number of the lines in the quality classes for the synthesis of 3 year results

Klasa Class	Białko Protein (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s)	Wartość wypiekowa Baking value
E	39	19	74	17
A	33	46	2	46
B	3	11	0	12
C	1	0	0	1
Razem Total	76	76	76	76

Ocena syntetyczna 3 letnich wyników odbiega również od wyników uzyskanych w trzecim roku badań (III). Opiera się ona bowiem na stabilności lub niestabilności wskaźników w okresie 3 lat i ich uśrednianiu. Natomiast trzeci rok (III) odzwierciedla efekt homozygotyzacji alleli kodujących wskaźniki technologiczne względem roku wyjściowego. Nie ma pewności jednak iż stan homozygotyczny tych alleli został osiągnięty w trzecim roku rozmnożeń. W zakresie poziomu białka jedynie 9 linii wykazywało stabilność w okresie 3 lat, tzn. tę samą klasę jakości E lub A. Pozostałe 67 linii miało inne klasy w roku I, II i III. Ostatecznie w trzecim roku badań klasę E miało 59 linii, które pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush.

Klasę A miało 13 linii, 4 linie obniżyło swoją klasę (B, C) w porównaniu do pierwszego roku badań. W przypadku wskaźnika sedymentacji, 15 linii utrzymywało tę samą klasę (E, A) w poszczególnych 3 latach badań, pozostałe 61 linii miało różne klasy. W trzecim roku, 24 linie miało klasę E i pochodziły one z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov. Brak było form z *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush. Z kolei 41 linii miało klasę A i 11 linii obniżyło swoją jakość do klasy B. Liczba opadania okazała się cechą niezwykle stabilną w okresie 3 lat, 50 linii zachowywało tę samą klasę jakości (E, A), a 26 linii wykazywało zmienność poziomu tego wskaźnika jakości. W trzecim roku klasę E miały 64 linie i wszystkie pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush. Klasę A miało 12 linii.

W III roku wystąpiło najwięcej wartościowych linii stanowiących klasę E wartości wypiekowej. Klasę E miały 23 linie i pochodziły z krzyżowania *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov i *Ae. speltoides* Taush; brak było form z *L. perenne* L. Klasę A miało 41 linii i 12 linii miało niższe klasy wypiekowości (klasa B — 11 linii, klasa C — 1 linia).

Zidentyfikowanie linii o wyższej jakości ziarna od odmiany Begra, tj. klasy E dla zawartości białka ogółem w ziarnie, sedymentacji i wartości wypiekowej lub też na poziomie wzorca (klasa A) oraz klasy E dla liczby opadania (poziom odmiany Begra), po 3 latach selekcji lub utrzymujących te wartości w okresie 3 lat stanowić mogą w przyszłości wartościowy materiał genetyczny dla hodowli jakościowej pszenicy ozimej.

DYSKUSJA

Poprawę wartości odżywczej ziarna pszenicy ozimej *T. aestivum* L. można uzyskać nie tylko poprzez zwiększenie zawartości białka zapasowego, ale przez modyfikowanie jego składu i jakości. Pomimo, że poziom % białka w ziarnie w dużym stopniu uzależniony jest od warunków uprawy (Anderson i in., 1998) to jednak kontrolowany jest on genetycznie (Halloran, 1975). Wskazuje to, że w hodowli pszenicy metodami konwencjonalnymi możliwe jest uzyskanie odmian wysokoplonujących i równocześnie o wysokiej zawartości białka ogółem w ziarnie. Warunkiem jest jednak posiadanie na poziomie heksaploidalnym źródeł genetycznych wysokiej zawartości białka w ziarnie, a takich jest niewiele. Stanowi to zasadniczą barierę i hamuje postęp hodowli jakościowej. Dotychczas efektywnymi źródłami jedynie okazały się odmiany Atlas 66 i NapHal utrzymujące 19,4% i 19,6% białka ogółem w ziarnie (Johnson i in., 1985). Stosując je, Johnson i wsp. (1985) otrzymali linie pszenicy łączące wysoki plon z wysoką zawartością białka ogółem w ziarnie przewyższające dotychczasowe wysokobiałkowe odmiany, lecz nisko-plonujące w USA.

Źródła heksaploidalne dla hodowli konwencjonalnej mogą być wytworzone w procesie introgresji genów obcych gatunków. W pracy, w efekcie krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych zidentyfikowano bowiem 76 linii o zawartości białka w naszych warunkach uprawy w granicach 13,2%–15,9%, z których poziom odmiany wzorcowej Begra miały 44 linie, a wyższą klasę (E) miały 32 linie. Po okresie 3 lat wyselekcjonowano 59 linii klasy E o wyższej zawartości białka od 14,3% do 18,0%. Zaś na podstawie syntezy 3-letniej zidentyfikowano 39 linii utrzymujących przez ten okres średni poziom klasy E. Wszystkie linie wysokobiałkowe (klasy E) pochodziły z krzyżowań odmian Favorit i Chinese Spring (*T. aestivum* L.) o niskiej zawartości białka (klasa B) z *T. durum* Desf, *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L. i *Ae. speltoides* Taush.

Różnice jakościowe białka związane są głównie z homeologicznymi genami wysoko (HMW) i niskocząsteczkowych (LMW) glutenin rozmieszczonych na chromosomach 1A, 1B i 1D. Kodują one odpowiednie podjednostki białek zapasowych endospermu. W odmianach pszenicy pochodzenia amerykańskiego podjednostki HMW-GS 5 + 10 genu *Glu-D1* miały największy pozytywny efekt na właściwości ciasta (Dong i in., 1991). Również większość kanadyjskich odmian zawierała podjednostki HMW-GS 5 + 10 (Bushuk, 1998). Z kolei, spośród grupy 11 odmian jakościowych w Niemczech, 9 odmian miało podjednostki HMW-GS 5 + 10 (Wieser i Zimmermann, 2000). Ta kombinacja przedstawiała korelację dodatnią ze wskaźnikami wysokiej wartości wypiekowej odmian w Niemczech (Wieser i Zimmermann, 2000), Wielkiej Brytanii (Payne i in., 1987), Norwegii (Uhlen, 1990), Syrii (MirAli i in., 1999), USA (Dong i in., 1991), Włoch (Redaelli i in., 1997). Wskazuje to na niezwykle istotność locus *Glu-D1* w poprawianiu

wartości wypiekowej. Locus ten jednak nie mógł uczestniczyć w materiale badawczym na zasadzie introgresji, albowiem żaden z gatunków obcych uczestniczących w hybrydyzacji oddalonej nie był jego nośnikiem. Gatunki *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *Ae. speltoides* Taush, i *L. perenne* L były dawcami genomów A, B, G i L. Odmiana meksykańskiej pszenicy Anza o niskiej wartości wypiekowej miała podjednostki (HMW) glutenin: null (*Glu-A1c*), 7 + 8 (*Glu-B1b*), 2 + 12 (*Glu-D1a*); zaś odmiana Cajeme 71 o wysokiej jakości wykazywała obecność podjednostek: 1 (*Glu-A1a*), 17 + 18 (*Glu-B1i*) i 5 + 10 (*Glu-D1d*) (Carrillo i in., 1990).

Odmiana Chinese Spring wykorzystana w niniejszej pracy jako podstawowy genotyp w uzyskaniu mieszańców „F₁ — bridge” odznaczała się bardzo niskimi wskaźnikami jakości ziarna, podobnie jak odmiana Favorit. Nie mogły one zatem stanowić źródeł wysokich wskaźników technologicznych materiału badawczego. Badane 76 linii uzyskano z międzygatunkowych i międzyrodzajowych krzyżowań *T. aestivum* L., z których:

- 64 linie (tab. 1, nr 1–12, 16–22, 26–67, 74–76) z *T. durum* Desf. dawcą genomów A, B,
- 4 linie (tab. 1, nr 23–25, 68) z *T. timopheevii* Zhukov. dawcą genomów A, G,
- 3 linie (tab. 1, nr 13–15) z *L. perenne* L. dawcą genomu L,
- 5 linii z *Ae. speltoides* Taush. dawcą genomu B i *T. durum* Desf. dawcą genomów A, B (tab. 1, nr 69–73).

Z powyższego widać, że introgresji mogły podlegać 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. Loci genomu A, *Glu-A1*, *Glu-A3*, *Gli-A1*, *Gli-A2* pochodziły jednak z dwóch różnych źródeł, tj. pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. i *T. timopheevii* Zhukov. Z kolei loci genomu B, *Glu-B1*, *Glu-B3*, *Gli-B1* i *Gli-B2* pochodziły również z 2 różnych źródeł, tj. pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf i kozińca diploidalnego *Ae. speltoides* Taush.

Introgresji podlegały również dwa nowe i niespotykane u *T. aestivum* L. genomy, tj. G z *T. timopheevii* Zhukov i L z *L. perenne* L. O wpływie ich genów na jakość ziarna pszenicy u *T. aestivum* L. nic nie wiadomo.

Poprzez wykonane krzyżowania międzygatunkowe i międzyrodzajowe uzyskano w genomach A i B *T. aestivum* L. nową zmienność genetyczną cech jakościowych, która nie występuje u tego gatunku. Z pewnością wzbogacona była ona jeszcze substytucją nieznanymi genów genomu G z *T. timopheevii* Zhukov i genomu L z *L. perenne* L. Efektem tego mogły być wysokie wartości wskaźników technologicznych (klasa E) wykraczające poza genotyp jakościowy odmiany Begra.

U odmian pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf., które wykorzystano w pracy istnieją korelacje genetyczne loci genomów A i B, mogących podlegać introgresji z niektórymi wskaźnikami technologicznymi. Blanco i wsp. (1998) stwierdzili, że liczba sedimentacji kodowana była przez 7 loci na 7 różnych chromosomach 1AL, 1BS, 3AS, 3BL, 5AL, 6AL i 7BS. Sprzężenia dotyczyły loci na chromosomach 5AL., 6AL, 7BS. Na chromosomie 1AL zlokalizowano za pomocą QTL locus *Glu-A1*, a na chromosomie 1BS loci *Gli-B1/Glu-B3* kodujące niektóre gluteniny i gliadyny. Geny wpływające na zawartość białka zapasowego w ziarnie zlokalizowano metodą QTL na 7 różnych chromosomach, tj. 4AL, 4BS, 5AL, 6A, 6BL, 7AL, 7BS. Wartości sedimentacji były dodatnio skorelowane z zawartością białka w

ziarnie natomiast nie obserwowano korelacji z komponentami plonu (Blanco i in., 1998). Z kolei Dexter i Matsuo (1987) stwierdzili wysoką korelację pomiędzy wskaźnikami sedymentacji a siłą glutenu i jakością ugotowanego makaronu. Nie stwierdzono zależności pomiędzy wskaźnikiem sedymentacji a podjednostkami (HMW) glutenin 6 + 8, 7 + 22 (wprowadzone z *T. dicoccoides* L.) kodowanymi przez oba allele *Glu-B1*.

Również u pszenicy *T. aestivum* L. występują podobne zależności loci genomów A i B, które powinny być odpowiedzialne za poprawę wskaźników technologicznych materiału badawczego. Nieto-Taladriz i wsp. (1994) badali wpływ loci *Gli-A1*, *Gli-B1*, *Glu-A3*, *Glu-B1*, *Glu-D3* na właściwości ciasta. Wykazali, że locus *Gli-B1* istotnie wpływał na wszystkie właściwości ciasta reologiczne, natomiast locus *Glu-B1* jedynie na jego stałość. Addytywne epistatyczne efekty 15% stwierdzono w przypadku stałości ciasta. Epistazę 15% i addytywne efekty 4% wystąpiły dla rozciągliwości ciasta. Dla energii ciasta epistaza wynosiła 14% i addytywność 9%.

Branlard i Dardevet (1985) wykazali dodatnią korelację podjednostek 2 (*Glu-A1*), 7 + 9 (*Glu-B1*), 5 + 10 (*Glu-D1*) glutenin (HMW) ze stałością ciasta i siłą glutenu oraz podjednostek 1 (*Glu-A1*), 13 + 16, 17 + 18 (*Glu-B1*) z rozciągliwością ciasta. Z kolei największą oporność na rozciąganie ciasta powodowały podjednostki 5 + 10, 2 + 12 kodowane przez locus *Glu-D1d*, a mniejszy efekt stwierdzono w przypadku podjednostek 2 > 1 > null kontrolowanych przez locus *Glu-A1* i podjednostek 7 + 9 > 20, 7 + 8 > 7 + 9 kodowane przez *Glu-B1* (Lawrence i in., 1987).

Lorenzo i wsp. (1987) wykazali, że wysokie wartości sedymentacji i objętość chleba zawsze były związane z podjednostkami 5 + 10 glutenin (HMW), zaś Odenbach i Mahgoub (1988), że wysoka sedymentacja — z podjednostkami 2* (*Glu-A1*), 7 + 8 (*Glu-B1*), 7 + 9 (*Glu-B1*), 5 + 10 (*Glu-D1 d*), a niska wartość sedymentacji — z podjednostkami null (*Glu-A1*), 6 + 8 (*Glu-B1*), 2 + 12 (*Glu-D1*).

Lagudah i wsp. (1988) wykazali, że większa stałość ciasta i oporność na rozciąganie związane były z obecnością podjednostek 5 + 10 glutenin (HMW) locusa *Glu-D1 d* w przeciwieństwie do allelicznych podjednostek 2 + 12, które ujemnie wpływały na te cechy. Lawrence i wsp. (1988) udowodnili, że utrata podjednostek 5 + 10 glutenin (HMW) locusa *Glu-D1 d* i 17 + 18 locusa *Glu-B1* i miały duży wpływ ujemny na zmiany miksograficzne ciasta.

Carrillo i wsp. (1990) wykazali bardzo silny związek podjednostek glutenin (HMW) kodowanych przez homeologiczne loci *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1* chromosomów 1AL, 1BL i 1DL z zawartością białka w ziarnie, kremową barwą ciasta i wskaźnikiem sedymentacji. Nie stwierdzono efektów epistazy pomiędzy kremową barwą ciasta a plonem, natomiast wystąpiły one pomiędzy zawartością białka a wskaźnikiem sedymentacji i indeksem obłuszczenia ziarna. Loci *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* wykazywały addytywne efekty dla plonu, białka i wskaźnika sedymentacji. Kremowa barwa ciasta była silnie związana z *Glu-B1*, *Glu-D1*, natomiast indeks obłuszczenia ziarna — z *Glu-A1* i *Glu-B1*.

Schepers i wsp. (1993) również wykazali w odmianach holenderskich silny związek podjednostek glutenin (HMW) zwłaszcza locusa *Glu-D1 a d* (2 + 12, 5 + 10) ze wskaźnikiem sedymentacji.

Z powyższego wynika, że substytucja lub introgresja chromosomów *1A*, *1B*, *1D* odpowiedzialnych za wysokie parametry jakościowe w gatunku *T. aestivum* L. przez ich homeologów może prowadzić do wyraźnych wzrostów jakościowych ziarna. Taka ewentualność mogła mieć również miejsce w przypadku badanych linii. We wczesnych generacjach krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych, szczególnie w F_2 wykorzystano 15 odmian i rodów *T. aestivum* L. w celu uzyskania płodnego potomstwa. Mansur i wsp. (1990) wykazali, że wprowadzenie chromosomów *1A*, *1B*, *1D*, *3A*, *3B*, *7A*, *7B* z odmiany Cheyenne spowodowało wzrost objętości chleba u odmiany Chinese Spring. Podobny efekt u odmiany Cappelle Deprez spowodowały chromosomy *1A*, *1D*, *4A*, *4D*, *5D*, *6B*, *6D* wprowadzone z odmiany Bezostaja 1 (Krattiger i in., 1987). Rogers i wsp. (1988) wykazali, że substytucja międzyodmianowa powoduje interakcję wśród genów występujących na różnych chromosomach „jakościowych“, dając nowe kombinacje w efekcie, których pojawiają się wyższe wskaźniki jakościowe.

U *T. aestivum* L. obserwuje się korelacje niektórych wskaźników jakościowych z cechami polowymi. Większość jednak cech polowych nie wykazuje powiązań z wysoką jakością a zatem nie może być prowadzona selekcja z ich wykorzystaniem na zwiększanie jakości (Schepers i in., 1993). Stwierdzili oni ujemną korelację pomiędzy zawartością białka a wskaźnikiem sedymentacji co wskazywało, że nie może być prowadzona równoczesna selekcja na plon i wartość wypiekową chyba, że dotyczyłaby tych materiałów gdzie wcześniej wykonano selekcję na określone podjednostki glutenin (HMW). W przypadku najlepszej aktualnie odmiany Otome uprawianej w Nowej Zelandii wystąpiła wysoka dodatnia korelacja pomiędzy masą 500 ziaren a wymiאלowością, lecz nie było takiej korelacji z objętością chleba (Sutton i in., 1992). Również nieistotna była korelacja zawartości białka z objętością bochenka.

Niepowtarzalność wartości wskaźników technologicznych w latach (I–III) w przypadku większości badanych linii mogła błędnie sugerować ich powiązania z cechami kłosa. Była ona raczej wynikiem rozszczepień heterozygotycznych alleli odpowiedzialnych za wskaźniki technologiczne. Należy bowiem zwrócić uwagę na selekcjonowanie i rozmnażanie linii, które począwszy od generacji F_2 związane było z silną selekcją cech kłosa (Pilch, 2002). Jak widać wraz z najlepszymi cechami kłosa mogły być selekcjonowane wysokie wskaźniki technologiczne, o ile byłyby z nimi sprzężone. A zatem przez tak wiele generacji mogły one być utrwalone na poziomie homozygot. Jednak uzyskane wyniki wskazują, że takiego sprzężenia nie było, a większość linii w pierwszym roku badań było heterozygotycznymi genotypami dając rozszczepienia w następnych latach badań (II, III rok), czyli wyższych generacjach F . Należy sądzić, że uzyskanie homozygot pod względem badanych wskaźników jakościowych wymaga prowadzenia oddzielnej na nie selekcji.

Można także sądzić, że poprawienie wartości technologicznej ziarna w badanym materiale mogło wynikać z polimorfizmu glutenin u odmian i rodów *T. aestivum* L. wykorzystanych w krzyżowaniach. Taka ewentualność mogłaby mieć miejsce jednak wcześniej wykonane analizy elektroforetyczne glutenin wykazały ich jednorodność.

Literatura potwierdza, że zwiększanie wartości technologicznej ziarna pszenicy *T. aestivum* L. można uzyskać metodami niekonwencjonalnymi opartymi na introgresji

obcych genów z wykorzystaniem krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Źródłem wartościowych wskaźników technologicznych dla hodowli jakościowej pszenicy mogą być gatunki *Poaceae*. Wymagają one jednak pokonywania barier krzyżowalności, stąd są trudniejszym materiałem dla hodowli, aniżeli źródła heksaploidalne „*aestivum*”. Jednak wnoszą one inne uwarunkowania genetyczne, dając możliwość uzyskania nowych rekombinacji genowych w genotypie *T. aestivum* L. dotychczas niespotykanych.

I tak, źródłem wysokiej zawartości białka w ziarnie mogą być niektóre gatunki *Aegilops* L., jak *Ae. ovata* L. (CCMM), *Ae. kotschy* Boiss. (CCSS), *Ae. tauschii* Coss. Schmal (DD), u których wynosiła ona od 18,4% do 19,7% (Ahmad i in., 1997). Niektóre biotypy *T. dicoccoides* Schweinf. (AA BB) mają zawartość białka powyżej 19% (Ahmad i in., 1997). Również biotypy diploidalnej pszenicy *T. monococcum* L. (AA) stały się źródłem tej cechy dla odmian heksaploidalnej pszenicy *T. aestivum* L. (Vallega, 1992). Z powodzeniem wprowadzono do odmiany Plainsman V geny wysokiej zawartości białka z gatunków *Aegilops* L. uzyskując wzrost o 2–3% białka ogółem w ziarnie (Finney, 1978). Do wielu odmian izraelskich jak Miriam, Lakkish wprowadzono geny wysokiej zawartości białka z dzikich gatunków pszenic, w tym *T. dicoccoides* Tell. (Levy i Feldman, 1987). Łączyły one wysoki plon ziarna z hektara z wysoką zawartością białka w ziarnie przełamując ujemną korelację pomiędzy nimi.

Również wartość wypiekowa może być poprawiana poprzez introgresję obcych genów. D'Ovidio i wsp. (1992) wykazali polimorfizm loci *Gli-1*, *Gli-2*, *Glu-1* i *Glu-3* kodujących białka gliadynowe i gluteninowe u *T. aestivum* L. i spokrewnionych gatunków diploidalnych, tetraploidalnych *Triticum* L. i *Aegilops* L. stanowiące źródła nowej zmienności genetycznej dla *T. aestivum* L. i zwiększania jakości ziarna.

Hsam i wsp. (2001) udowodnili na przykładzie syntetycznej pszenicy heksaploidalnej AA BB DD (AA BB × DD), że duży wpływ na objętość chleba, gluten indeks, rezystencję, sedymentację-SDS, wygląd ciasta miał genom D pochodzący z diploidalnego gatunku *Ae. tauschii* Coss. Schmal.. Podobne efekty zwiększania wartości wypiekowej przez introgresję genomu DD z obcych gatunków uzyskali Sekiguchi i wsp. (1993) u amphidiploida syntetycznego DD RR uzyskanego z krzyżowania *Ae. squarrosa* L.(DD) z żytem *S. cereale* L. (RR). W tym przypadku wartość wypiekowa ziarna wyższa od żyta *S. cereale* L. wynikała wyłącznie z genomu D, pozbawiona była zatem wpływu innych genomów pszenicy A, B.

Wcześniejsze badania nad wpływem genomu D na wartość wypiekową, które przeprowadzili Peña i wsp. (1995), wykazały w syntetycznych liniach pszenicy heksaploidalnej AA BB DD pozytywny efekt podjednostek glutenin HMW-Gs 5 + 12 i 5 + 10 na niektóre cechy reologiczne ciasta. Jednak nowowprowadzony gen *Glu-D1* z *T. tauschii* (Coss.) Schmal. nie miał tak silnego wpływu wraz z *Glu-B1*, *Glu-B3* pszenicy tetraploidalnej *T. turgidum* L.

W krzyżowaniach *T. aestivum* L. z *T. dicoccoides* Tell. zwiększenie jakości ziarna wynikało z nowej kombinacji alleli *Glu-A1* ($2^* > 1$); *Glu-B1* ($7 + 8 > 17 + 18$, $13 + 16 > 7 + 9$); *Glu-D1* ($5 + 10 > 2 + 12$), (Grams i in., 1987).

Wykorzystując diploidalny gatunek pszenicy *T. boeoticum* Boiss. ssp. Thaoudar (AA) Rogers i wsp. (1997) wprowadzili do odmiany pszenicy jarej Sicco (*T. aestivum* L.) 2 allele

obce glutenin (HMW): *Glu-A1 r* kodujący podjednostki 39 + 40 i *Glu-A1 s* podjednostki 41 + 42. W efekcie zwiększono ilość podjednostek w odmianie Sicco (6 podjednostek). Odmiana ta miała 3 podjednostki, tj. 1, 7 + 9, 5 + 10 kodowane przez *Glu-A1 a*, *Glu-B1 c* i *Glu-D1 d*. Efektem introgresji tych alleli było poprawienie niektórych wskaźników jakości, jak: zmniejszenie lepkości ciasta, zwiększenie jakości glutenu, liczby sedymentacji i stałości ciasta.

Oprócz genów jądrowych należy również uwzględnić efekt cytoplazmy jaki może zachodzić w krzyżowaniach międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Istnieje wpływ cytoplazmy gatunków obcych, jak i różnych odmian *T. aestivum* L. na zwiększanie jakości ziarna. W efekcie introgresji cytoplazmy *Ae. cylindrica* Host, *Ae. variabilis* Eig., *Ae. uniaristata* Vis. i *T. turgidum* L. zwiększono zawartość białka zapasowego w ziarnie (Ekiz i in., 1998). Z kolei cytoplazmy *Ae. cylindrica* Host. i *Ae. ventricosa* powodowały wzrost wskaźnika sedymentacji. Zróżnicowany efekt wykazywały także cytoplazmy różnych odmian *T. aestivum* L., spośród których cytoplazmy odmian Bolal 2973, Kirac 66 i Bezostaja 1 zwiększały wskaźnik sedymentacji (Ekiz i in., 1998).

W badanym materiale efekt cytoplazmy nie mógł występować albowiem w mieszańcach „F₁-bridge” zawsze były to znane cytoplazmy odmian Favorit i Chinese Spring (*T. aestivum* L.)

Osiągnięcia biologii molekularnej dają nowe możliwości introgresji obcych genów (transgenów) i poprawiania jakości ziarna pszenicy *T. aestivum* L. Może odbywać się ono z wykorzystaniem inżynierii molekularnej poprzez insercję skopiowanych w laboratoriach genów podjednostek HMW — glutenin lub nowych genów odpowiedzialnych za wysoką jakość (Flavell i Payne, 1987). Dotychczas uzyskano syntetyczne kopie ponad 5 genów, w tym kodujących podjednostki 1 (*Glu-A1*), 7 + 9 (*Glu-B1*), 5 + 10 (*Glu-D1*), z których najlepiej rozeznano geny podjednostek 1, 5, 10. Pomimo, że działania technik molekularnych wydają się być jeszcze odległe powinny jednak być uwzględnione w najbliższej przyszłości. Znane są już bowiem techniki insercji kopii genów do komórek transformowanej odmiany, aby otrzymać stabilne transformanty z wbudowanymi obcymi genami w chromosomach. Z powodzeniem dokonano insercji genów HMW-glutenin do żyta, stąd też niezbyt długo należy czekać na podobne efekty u pszenicy (Flavell i Payne, 1987). Geny glutenin włączono nawet do tytoniu i stwierdzono, że utrzymują swoją funkcjonalność w endospermie nasion, czyli w tym samym miejscu gdzie były aktywne u pszenicy (Flavell i Payne, 1987). Oznacza to, że geny roślin 1-liściennych są rozpoznawane i kontrolowane w organizmach roślin 2-liściennych. Dowodzi to, że wyizolowane i oczyszczone DNA genów glutenin pozostają nieuszkodzone i funkcjonują także po ponownym wprowadzeniu do pszenicy *T. aestivum* L.

WNIOSKI

1. Gatunki obce *T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov, *L. perenne* L., *Ae. speltoides* Taush. jakie wykorzystano w pracy okazały się efektywnymi źródłami genetycznymi wysokiej zawartości białka i wskaźnika sedymentacji klasy E wyższej lub na poziomie (klasa A) odmiany Begra oraz liczby opadania klasy E.

2. Uzyskanie wysokich wartości technologicznych przekraczających dane wzorca *T. aestivum* L. (klasa E) może wskazywać na efekt introgresji genów genomów A i B (*T. durum* Desf., *T. timopheevii* Zhukov., *Ae. speltoide*s Taush.), genomu G (*T. Timopheevii* Zhukov) i genomu L (*L. perenne* L.).
3. Trzyletnia ocena linii nie wskazuje, aby wysokie parametry cech morfologicznych kłosa, jak i odporności na choroby były związane z wysokimi wartościami (klasy E, A) wskaźników technologicznych ziarna.
4. Uzyskane linie o wskaźnikach technologicznych klasy E i A mogą stanowić w przyszłości materiał wyjściowy do wytworzenia źródeł genetycznych tych cech dla hodowli jakościowej pszenicy ozimej *T. aestivum* L.
5. Międzygatunkowa i międzyrodzajowa hybrydyzacja okazuje się skutecznym sposobem introgresji do pszenicy ozimej *T. aestivum* L., nie tylko obcych genów determinujących cechy kłosa, ale również wskaźników technologicznych ziarna.

LITERATURA

- Ahmad M., Arain M. A., Siddiqui K. A. 1997. Screening of *Aegilops*, *Triticum* and *Hordeum* species for grain weight protein and lysine content. Wheat Inf. Service. No. 85: 7 — 13.
- Anderson W.K., Shakley B.J., Sawkins D. 1998. Grain yield and quality: does there have to be a trade-off. Euphytica 100: 183 — 188.
- Blanco A., Bellomo M. P., Lotti C., Pasquolone A. 1998. Mapping of quantitative trait loci for grain quality using recombinant inbred lines of durum wheat. Proc. of the 10th EWAC Meeting, Viterbo, Italy (Ed. C. Ceoloni, Worland A. J.): 106 — 109.
- Branlard G., Dardevet M. 1985. Diversity of grain protein and bread wheat quality. II. Correlation between high molecular weight subunits of glutenin and flour quality characteristics. J. Cereal Sci.3: 345 — 354.
- Bushuk W., 1998. Wheat breeding for end-product use. Euphytica 100: 137 — 145.
- Carrillo J. M., Rousset M., Qualset C. O., Kasarda D. D. 1990. Use of recombinant inbred lines of wheat for study of associations of high-molecular weight glutenin subunit alleles to quantitative traits. I. Grain yield and quality prediction tests. Theor. Appl. Genet. 73: 321 — 330.
- Dexter J. E., Matsuo R. R. 1987. Relationship between durum wheat properties and pasta dough rheology and spaghetti cooking quality. J. Agric. Food. Chem. 26: 899 — 905.
- Dong H., Cox T. S., Sears R. G., Lockhard G. L. 1991. High molecular weight glutenin genes: Effects on quality in wheat. Crop Sci. 31: 971 — 979.
- D'Ovidio R., Tanzarella O. A., Masci S., Lafiandra D., Porceddu E. 1992. RFLP and PCR analyses at *Gli-1*, *Gli-2*, *Glu-1* and *Glu-3* loci in cultivated and wild wheats. Hereditas 116: 79 — 85.
- Ekiz H., Safi Kinal A., Akain A., Simsek L. 1998. Cytoplasmic effects on quality traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica 100: 189 — 196.
- Finney K. F. 1978. Genetically high protein hard winter wheat. Bakers Dig. 52: 32.
- Flavell R., Payne P. 1987. Introducing molecular biology into wheat breeding for better bread making quality. Biotechnology in Agriculture: 14 — 15.
- Grama A., Wright D. C. S., Gressey P. J., Lindley T. 1987. Hexaploid wild emmer wheat derivatives grown under New Zealand condition. 1. Relationship between protein composition and quality parameters. J. Agric. Res. 30: 35 — 43.
- Halloran G. M. 1975. Genetic analysis of grain protein percentage in wheat. Theor. Appl. Genet. 46: 79 — 86.
- Hsam S. L. K., Kieffer R., Zeller F. J. 2001. Significance of *Aegilops tauschii* glutenin genes on bread making properties of wheat. Cereal Chem. 78 (5): 521 — 525.
- Johnson V. A., Mattern P. J., Peterson C. J., Kuhr S. L. 1985. Improvement of wheat protein by traditional breeding and genetic techniques. Cereal Chem. 62 (5): 350 — 355.

- Klockiewicz-Kamińska E., Brzeziński W. J. 1997. Metoda oceny i klasyfikacji jakościowej odmian pszenicy. Wiad. Odm. COBORU, 67: 1 — 18.
- Krattiger A. F., Payne P. I., Law C. N. 1987. The relative contribution of proteins and other components to bread making quality of varieties determined using chromosome substitution lines. Proc. 3rd Int. Workshop Gluten Proteins, Budapest-Hungary: 254 — 265.
- Lagudah E. S., O'Brien L., Halloran G. M. 1988. Influence of gliadin composition and high molecular weight subunits of glutenin on dough properties in an F₃ population of a bread wheat cross. J. Cereal Sci. 7: 33 — 42.
- Lawrence G. J., Moss H. J., Shepherd K. W., Wrigley C.W. 1987. Dough quality of biotypes of eleven Australian wheat cultivars that differ in high-molecular-weight glutenin subunit composition. J. Cereal Sci. 6: 99 — 101.
- Lawrence G. J., Mac Ritchie F., Wrigley C. W. 1988. Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunit controlled by the *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* loci. J. Cereal Sci. 7: 109 — 112.
- Levy A. A., Feldman M. 1987. Increase in grain protein percentage in high-yielding common wheat breeding lines by genes from wild tetraploid wheat. Euphytica 36: 353 — 359.
- Little T. M., Hills F. J. 1975. Statistical methods in agricultural research. 2nd ed. (eds. T. M. Little F. J. Hills, Univ. California, Davis).
- Lorenzo A., Kronstad W. E., Vieira L. C. E. 1987. Relationship between high molecular weight glutenin subunits and loaf volume in wheat as measured by the sodium dodecyl sulfate sedimentation test. Crop Sci. 27: 253 — 257.
- MacRitchie F., DuCros D. L., Wrigley C. W. 1990. Flour polypeptides related to wheat quality. Adv. In Cereal Sci. and Tech. (Ed. Y. Pomeranz, Am. Assoc. of Cereal Chem., USA), vol. 10: 79 — 146.
- Mansur L. M., Qualset C. O., Kasarda D. D., Morris R. 1990. Effects of "Cheyenne" chromosomes on milling and baking quality of "Chinese Spring" wheat in relation to glutenin and gliadin storage proteins. Crop Sci. 30: 35 — 47.
- MirAli N., Arabi M. I. E., Al-Safadi B. 1999. High molecular weight glutenin subunits composition of Syrian grown bread wheat and its relationships with gluten strength. J. Genet. Breed. 53: 237 — 245.
- Nieto-Taladriz M. T., Perretant M. R., Rousset M. 1994. Effect of gliadins and HMW and LMW subunits of glutenin on dough properties in the F₆ recombinant inbred lines from a bread wheat cross. Theor. Appl. Genet. 88: 81 — 88.
- Odenbach W., Mahgoub E. S. 1988. Relationships between HMW glutenin subunit composition and the sedimentation value in reciprocal sets of inbred backcross lines derived from two winter wheat crosses. Proc. 7th Int. Wheat Genet. Symp., Cambridge (England): 987 — 991.
- Payne P. J., Nightingale M. A., Krattiger A. F., Holt L. M. 1987. The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. J. Sci. Food. Agric. 40: 51 — 65.
- Peña R. J., Zarco-Hernandez J., Mujeib-Kazi A. 1995. Glutenin subunit composition and bread-making quality characteristics of syntetic hexaploid wheats derived from *Triticum turgidum* × *Triticum tauschii* (Coss) Schmal crosses. J. Cereal Sci. 21: 15 — 23.
- Pilch J. 1996. Performance of interspecific and intergeneric hybrids of *Triticum aestivum* L. for wheat improvements. Part II. Breeding value of spring-type generations F₆–F₁₀ of *T. aestivum* L. with *Triticum* (2x, 4x), *Aegilops* (2x, 4x), *Secale* (2x) and *Hordeum* (2x) species in respect of some characters of spike. Plant Breed. Seed Sci. 41/1: 3 — 15.
- Pilch J., Głowacz E., Cygankiewicz A. 1999. Wartość wypiekowa ziarna mieszańców pszenicy pochodzących z krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Biul. IHAR 210: 71 — 83.
- Pilch J. 2002. Transformacje genomu pszenicy *Triticum aestivum* L. z wykorzystaniem międzygatunkowej i międzyrodzajowej hybrydyzacji (w druku).
- Glu-A1 encoding two high-molecular-weight Redaelli R., Pogna N.E., Ng P.K. 1997. Effects of prolamins encoded by chromosomes 1B and 1D on the rheological properties of dough in near-isogenic lines of bread wheat. Cereal Chem. 74: 102 — 107.

- Rogers W. J., Law C. N., Sayers E. J. 1988. Dosage effects of homoeologous group 1 chromosomes upon the breadmaking quality of hexaploid wheat. Proc. 7th Int. Wheat Genet. Symp., Cambridge (England): 1003 — 1008.
- 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 subunits of glutenin. Euphytica 93: 19 — 27.
- Schepers J., Keizer L.C.P., Kolster P. 1993. The relation between high molecular weight glutenin subunits, bread-making quality and agronomic properties of winter wheat. Cereal Res. Commun. 21, No.4: 289 — 296.
- Sekiguchi S., Ono J., Taira T. 1993. Detection of HMW glutenin genes by DNA hybridization and breadbaking quality of amphidiploid synthesized between *Aegilops squarrosa* and *Secale cereale*. Wheat Inf. Serv. 76: 77 — 79.
- Sutton K. H., Hay R. L., Mouat C. H. 1992. The effect of kernel weight on the assessment of baking performance of wheat by RP-HPLC of glutenin subunits from single grains. J. Cereal Sci. 15: 253 — 265.
- Uhlen A.K. 1990. The composition of high molecular weight glutenin subunits in Norwegian wheats and their relation to bread-making quality. Norweg. J. Agric. Sci. 4: 1 — 17.
- Wieser H., Zimmermann G. 2000. Importance of amounts and proportions of high molecular weight subunits of glutenin for wheat quality. Eur. Food Res. Technol. 210: 324 — 330.
- Vallega V. 1992. Agronomic performance and breeding value of selected strains of diploid wheat *Triticum monococcum*. Euphytica 16: 13 — 23.