



Jęczmień jary browarny odm. Ryton

Fot. Jerzy H. Czembor

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 236/2005



Jęczmień jary browarny odm. Ryton. Fot. Jerzy H. Czembor

RADZIKÓW 2005
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN — RADZIKÓW
05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Dyrektor: Prof. dr hab. Edward Arseniuk

Komitet Redakcyjny:

Editorial Committee:

HENRYK J. CZEMBOR (Przewodniczący — Editor-in Chief),
JAN BOJANOWSKI, SŁAWOMIR PROŃCZUK, MARIA RAKOWSKA,
STANISŁAWA ROZTROPOWICZ-SZKUBEL, JERZY SZYRMER,
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA (Sekretarz Redakcji — Editorial Secretary)

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Wydanie publikacji dofinansowane przez Ministerstwo Nauki i Informatyzacji

Redaktor techniczny i skład komputerowy
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o

MATERIAŁY Z KONFERENCJI

**GRUP PROBLEMOWYCH DS. HODOWLI PSZENICY, PSZENŻYTA, ŻYTA,
JĘCZMIENIA, OWSA I KUKURYDZY**

ZAKOPANE, STYCZEŃ 2005

POD PATRONATEM PROF. DR. HAB. EDWARDA ARSENIUKA
DYREKTORA INSTYTUTU HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN

KOMITET ORGANIZACYJNY

DR JACEK WAGA — PRZEWODNICZĄCY
DR TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI — SEKRETARZ
DR ANNA STRZEMBICKA
MGR TADEUSZ ZAWISKI

OFICJALNY SPONSOR SYMPOZJUM

SYNGETA, CROP PROTECTION SP.Z O.O.

POZNAŃ UL. TOWAROWA 35

SPONSORZY SYMPOZJUM

MINISTERSTWO NAUKI I INFORMATYZACJI
PRECOPTIC CO. WOJCIECHOWSCY
PRO SCIENTIUM, SP.Z O.O.
CEREUS WENA, WITKOWSCY
GRAIN POL, PRZED. TECHNIKI ZBOŻOWEJ
DAR NATURY, NESTLE WATERS, POLSKA SA
KONSPOL HOLDING SP.Z O.O.
LAJKONIK SNACKS S.A.
TYSKIE BROWARY KSIĄŻĘCE
ZPHC MANLESS

WARSZAWA UL. WSPÓLNA 7
WARSZAWA UL. ARKUSZOWA 60
WARSZAWA UL. WIEJSKA 7
TORUŃ UL. BIAŁA 19
WROCŁAW UL. ZEMSKA 34/5
KRAKÓW UL. VETULANIEGO 1A
NOWY SĄCZ UL. GROTTGERA 40
SKAWINA UL. PIŁSUDSKIEGO 1
TYCHY UL. MIKOŁOWSKA 5
BŁONIE UL. BIENIEWICKA 115

PRECOPTIC Co.

PRECOPTIC Co. Wojciechowsky Sp. j. ul. Arkuszowa 60, 01-934 Warszawa, POLSKA

tel.: +48 22 835 54 73

fax: +48 22 834 12 25

e-mail: precoptic@precoptic.pl

[http:// www.precoptic.pl](http://www.precoptic.pl)

Wyłączny przedstawiciel firmy Nikon oferuje najnowocześniejsze obecnie mikroskopy serii ECLIPSE z optyką nowej generacji CFI 60, w profesjonalnych zestawach laboratoryjnych i badawczych zawierających również kamery różnego rodzaju i komputery z oprogramowaniem analitycznym, a także szereg urządzeń peryferyjnych.

UWAGA: PREMIERA NOWEJ SERII MIKROSKOPÓW BIOLOGICZNYCH NIKON OCZY NAUKI

MIKROSKOPY:

- biologiczne, superbadawcze, badawcze, studenckie i laboratoryjne z serii ECLIPSE polaryzacyjne
- stereoskopowe, w tym również SMZ 1500 – pierwszy i jedyny na świecie mikroskop z zoomem 15:1
- metalograficzne
- pomiarowe klasyczne i komputerowe urządzenia pomiarowe
- nowa wersja urządzenia pomiarowego NEXIV

KOMPUTEROWA ANALIZA OBRAZU:

- Kamery cyfrowe Nikon, seria kamer mikroskopowych DS5 o rozdzielczości 5 mln pikseli,
- kamery o podwyższonej czułości tzw. chłodzone,
- kamery analogowe,
- oprogramowanie do komputerowej archiwizacji i analizy obrazu z serii LUCIA,
- oprogramowanie specjalistyczne (np. FISH, dekonwolucja).

KRYMINALISTYKA:

- Urządzenia do analizy dokumentów VSC5000, VSC 4C, spektrometr Ramana FORAM 685/2 firmy Foster & Freeman,
- mikroskopy specjalizowane,
- skanery włókien i mikrośladów,
- kabina klejowa do daktyloskopii.

URZĄDZENIA DODATKOWE DO MIKROSKOPII:

- mikromanipulatory NARISHIGE,
- stoły grzejno-mrozzące,
- oświetlacze laboratoryjne.

LASERY:

- lasery laboratoryjne i osprzęt



ASORTYMENTY LAJKONIK:

- paluszki słone
- paluszki sezamowe
- mieszanka Smakowity Mix
- precelki
- krakersy: classic, cebulkowe, sezamowe,
- krakersy smakowite o smaku: pizzy, sera i szynki, jogutrowo-czosnkowym



WĘDLINY

MIĘSO

KURCZAK ELEMENTY I PODROBY

KONSERWY

WYROBY GARMAŻERYJNE MROŻONE

WYROBY GARMAŻERYJNE SCHŁODZONE

Przedsiębiorstwo Techniki Zbożowej GRAINPOL

dr inż. Jerzy Hlebionek

54-438 Wrocław ul. Zemska 34/5 NIP: 894-004-44-40

Biuro Handlowe: 51-127 Wrocław ul. Milicka 38

tel. (0-71) 352 94 96 fax. (0-71) 352 95 13

kom. 0-509 92 66 22 e-mail: grainpol@poczta.onet.pl

Naszą specjalnością są zaawansowane systemy pobierania, redukcji i rozdziału próbek oraz ich przygotowania do dalszych badań mających na celu określenie wilgotności, zawartości białka, glutenu.

REPREZENTATYWNA PRÓBKA TO PRECYZYJNE OKREŚLENIA JAKOŚCI!!

W naszej ofercie znajdziecie Państwo, między innymi:

RAKORAF — najczęściej stosowany w Polsce próbnik do pobierania próbek z otwartych pojazdów, używany w największych w kraju młynach, dużych elewatorach zbożowych, zakładach tłuszczowych,

- ręczne **sondy do pobierania próbek** (około 20 modeli) wykonane z aluminium, lub stali nierdzewnej o długościach od 0.85 m do 3,0 m,
- **automatyczne próbniiki** do zamontowania w układach transportu grawitacyjnego,
- wszelkiego typu **rozdzielacze** — szczelinowe, rotacyjne oraz rotacyjne sterowane mikroprocesorowo, dla ziarna, nasion, produktów chemicznych i mineralnych,
- **wialnie-separatory** MLN, SLN 3 i SLN 4 do oznaczania zanieczyszczeń, wyrównania, ziarna celnego — przystosowane także do pracy ciągłej.
- **wilgotnościomierz oporowy SUPERPRO**,
- **młyn laboratoryjny AQC 198** symulujący przemiał zboża w młynie przemysłowym,

Dla obiektów magazynowych dostarczamy:

- systemy mechanizacji zasypu hal płaskich przy zastosowaniu bardzo lekkich
- **przenośników taśmowych** o wydajności 25 t/h, 50 t/h, 80 t/h i 120 t/h.
- **ściany oporowe** dla magazynów płaskich o wysokości składowania do 8 m,
- **kanały do chłodzenia i wietrzenia typ KL**, wykonane ze stali ocynkowanej o perforacji 2,0 mm i 1,5 mm dla zboża oraz 10 mm dla ziemniaków i warzyw,
- systemy **kanalów przejazdowych** o nacisku koła 6 t
- najnowocześniejsze **urządzenia do chłodniczej konserwacji zbóż firmy Weisshaar**,
- różnego typu **termometry** (cieczowe i elektroniczne) do pomiaru temperatury w pryzmach zbóż lub nasion,
- **bębnowe maszyny czyszczące - sortujące** o wydajności od 40 t/h do 250 t/h.
- **automatyczne wagi odważające** klasy 0,2, dopuszczone do rozliczeń w obrocie publicznym znak typu GUM RP T 0010, o wydajności od 50 do 400 t/h,

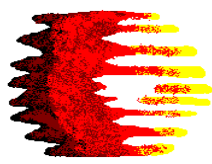
Urządzenia renomowanych firm duńskich, niemieckich, francuskich i szwajcarskich oraz nasze wieloletnie doświadczenie są gwarantem Państwa sukcesu.



Kompania Piwowarska SA, należąca do międzynarodowego koncernu SABMiller, jest największym i najnowocześniejszym producentem piwa w Polsce. Posiadamy trzy browary: w Poznaniu, Tychach i Białymstoku. Do portfela naszych marek należy Tyskie, czyli największa pod względem udziałów rynkowych marka piwa w Polsce i jedna z największych w Europie oraz Żubr, LECH, Dębowe Mocne, Miller Genuine Draft, Pilsner Urquell, REDD's oraz Dog in the Fog.

Gwarancją najwyższej jakości tych piw są ultranowoczesne rozwiązania technologiczne stosowane w produkcji oraz specjalne programy monitorowania każdego jej etapu. Nasze piwa nagradzane są najwyższymi laureami na krajowych i międzynarodowych konkursach. Posiadamy specjalistyczną wiedzę, pozwalającą nam nadążać za zmieniającymi się potrzebami konsumentów. Za sprawą sieci prężnie działających centrów dystrybucyjnych docieramy z naszymi produktami zarówno do wielkich aglomeracji jak i do najdalszych zakątków Polski. Jednak największym kapitałem Kompanii Piwowarskiej nie są linie technologiczne, lecz ludzie: zespół wybitnych fachowców o międzynarodowym doświadczeniu. Nic dziwnego, że Kompania Piwowarska należy do grona najbardziej popularnych pracodawców w Polsce.

Swoimi sukcesami staramy się dzielić ze społeczeństwem: działamy w sposób odpowiedzialny, dbając nie tylko o to, by nasze produkty nie trafiały do osób małoletnich, ale także by nasza działalność nie przynosiła szkody środowisku naturalnemu. Zależy nam na tym, by przyszłe pokolenia mogły żyć w czystym i zdrowym otoczeniu.



PRO SCIENTIUM Sp. z o.o.

ul. Wiejska 7 lok. 15, 00-480 Warszawa

Tel. (22) 627 25 42, Fax (22) 627 25 41 e-mail : pro@ez.pl

PRO SCIENTIUM Sp. z o.o. działa na rynku Polskim od ponad 12 lat.

W wieloprofilowej działalności między innym specjalizuje się w obsłudze rynku i laboratoriów ochrony roślin.

Dla potrzeb tego rynku posiadamy bogatą ofertę z zakresu:

- Aparatury analitycznej
- Aparatury laboratoryjnej
- Testów do wykrywania wirusów, bakterii, grzybów, nicieni

Dysponujemy również odczynnikami dla diagnostyki w mikrobiologii i biologii molekularnej.

Posiadamy szeroką ofertą czytników mikropłytek 96 i 384 dołkowych w zakresie fotometrii, luminometrii, fluorymetrii.

W ofercie mamy unikalne urządzenia do dozowania dla płytek formatów 96 i 384 dołkowych.

Oferujemy szeroki zakres automatycznych myjek do płytek ELISA dla formatu płytek 96 i 384 dołkowych.

Oferujemy szeroki zakres pipet jedno- i wielokanałowych manualnych i elektronicznych oraz końcówek do pipet.

Dostarczamy aparaturę służącą przygotowaniu próby, takie jak rozgniatacie ręczne, elektro-mechaniczne oraz urządzenia do automatycznego odważania i dozowania odczynników.

Dysponujemy szerokim wachlarzem torebek o odpowiedniej wytrzymałości przystosowanych na próbki liści, korzeni, łodyg, nasion, bulw, korzeni do dalszej mechanicznej obróbki przy użyciu ręcznych czy mechanicznych urządzeń służących do przygotowania próbek.

Dla wszystkich stosujących w swojej pracy technikę ELISA posiadamy szeroką gamę mikropłytek o różnej zdolności wiązania dla badań rutynowych i eksperymentalnych.

W naszej ofercie znajdziecie Państwo wyroby czołowych producentów, takich jak:

Dynex Technologies

ThermoLab System

Loewe Biochemica GmbH

Interscience

Steward

Bioreba

Zapraszamy do współpracy. Oferujemy wyroby najwyższej klasy po konkurencyjnych cenach. Służymy również Państwu doradztwem technicznym.

Józef L. Jakubiec
Dyrektor



Podstawowe programy ochrony z ACANTO

Pszenica ozima:

zabieg T1

ACANTO® + TILT® PLUS 0,6 + 0,6 l/ha

Ochrona: mączniak, septorioza paskowana liści i plew, rdze, brunatna plamistość liści (DTR), łamliwość źdźbła* (mniejsze zagrożenie)



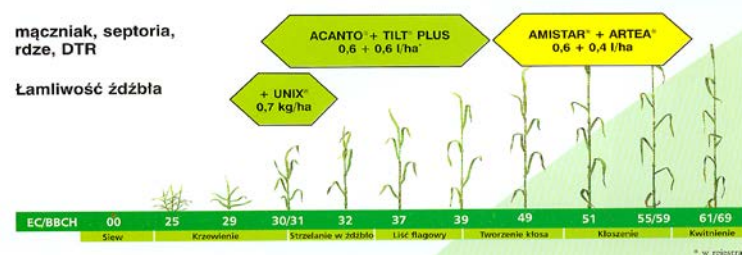
ACANTO® + UNIX® 0,6 + 0,7 l/ha

Ochrona: łamliwość źdźbła* (występowanie typu R łamliwości odpornego na preparaty z grupy benzimidazoli), mączniak, septorioza paskowana, septorioza liści i plew, rdze, brunatna plamistość liści (DTR).



mączniak, septoria, rdze, DTR

Łamliwość źdźbła



Jęczmień:

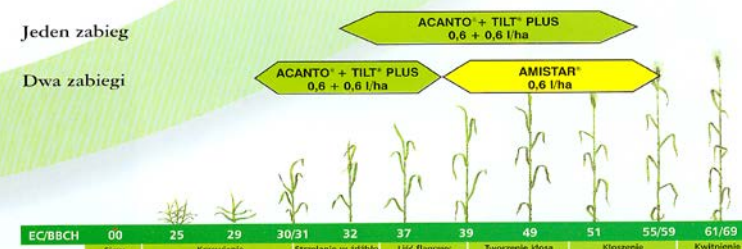
ACANTO® + TILT® PLUS 0,6 + 0,6 l/ha

(w stadium: strzelanie w źdźbło / początek kłoszenia)

Ochrona: mączniak, plamistość siatkowa, rynchosporioza, rdza jęczmienia.

Jeden zabieg

Dwa zabiegi





Nowości w ofercie

APARATURA KONTROLNO POMIAROWA

SZANOWNI PAŃSTWO

Zapraszamy do zapoznania się z nowościami w naszej ofercie.

URZĄDZENIA DO POBIERANIA PRÓBEK

Urządzenie przeznaczone jest do automatycznego pobierania próbek różnych materiałów, począwszy od suchych proszków i mąki, po wszystkie typy ziaren, pasze granulowane i inne produkty sypkie, których rozmiary nie przekraczają 16mm x 30mm.



URZĄDZENIA DO BADANIA TWARDOŚCI PASZ I GRANULATÓW

Nowoczesne urządzenia do badania twardości pasz i granulatów. Testy wykonywane przez aparat symulują rzeczywiste obchodzenie się z próbką. W naszej ofercie posiadamy trzy typy urządzeń: Portable, Automatic i On-Line.



ANALIZATOR CAŁEGO ZIARNA OMEGA G

Najnowszej generacji, komputerowe urządzenie techniki NIR-T do pomiaru parametrów całego ziarna i jego przetworów. Szybki pomiar: białka, wilgotności, glutenu, sedymentacji, tłuszczu, włókna, skrobi. Urządzenie jest przystosowane do pracy w sieci.



Cereus Wena Adam i Grażyna Witkowsky, ul. Biała 19, 87-100 Toruń
Tel./Fax. 0 56 652 06 05, www.cereus.com.pl, e-mail: cereus@cereus.com.pl

JÓZEF PILCH

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zboż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Genetyczne możliwości ulepszania jakości ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. w efekcie hybrydyzacji introgresywnej z *Triticum durum* Desf.

Genetic possibilities of grain quality improvement of winter wheat *Triticum aestivum* L. in the effect of introgressive hybridization with *Triticum durum* Desf.

W pracy analizowano wartość technologiczną ziarna 64 ozimych linii introgresywnych *T. aestivum* L./ *T. durum* Desf. Ocena technologiczna obejmowała 4 letnie wyniki zawartości białka ogółem (%), wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego (ml), liczby opadania (s), wartości wypiekowej (klasy E, A, B, C) i elektroforezę SDS-PAGE wysokocząsteczkowych glutenin. Wyniki te porównano z wynikami uzyskanymi dla odmiany jakościowej Begra. Większość badanych linii wykazywała wartości wskaźników, które dorównywały (klasa A) lub przewyższały (klasa E) odmianę Begra. Zawartość białka klasy E miało 46,8% linii, wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego klasy E — 21,8% linii, liczbę opadania klasy E — 96,8% linii i wartość wypiekową klasy E miało 18,6% linii. Wykonana elektroforeza wysokocząsteczkowych glutenin wykazała (1) obecność homeologicznych alleli w loci *Glu-A1* i *Glu-B1* u 85,9% linii, (2) rozbicie alleliczności w locus *Glu-D1* i utworzenie nowej kombinacji podjednostek 5+12 u 6,3% linii, (3) introgresję obcych alleli w loci *Glu-1* o nieznanych podjednostkach u 7,8% linii. Uzyskane wyniki wskazują, iż hybrydyzacja introgresywna *T. aestivum* L. z pszenicą tetraploidalną gatunku *T. durum* Desf. prowadzić może do podwyższenia wartości technologicznej ziarna u pszenicy ozimej *T. aestivum* L. wynikającego z introgresji alleli genomów A, B lub efektów pasażowania obcymi chromosomami.

Słowa kluczowe: gluteniny wysokocząsteczkowe, hybrydyzacja introgresywna, wskaźniki technologiczne, *Triticum aestivum* L., *Triticum durum* Desf., ziarno

In the paper, the technological grain quality of 64 winter introgressives *T. aestivum* L./ *T. durum* Desf. was analyzed. The technological evaluation contained the 4-year results regarding protein content (%), Zeleny-sedimentation indicator (ml), falling number (s), baking value (the classes E, A, B, C) and SDS-PAGE electrophoresis of the high-molecular-weight (HMW) glutenins. The results were compared to those obtained with quality variety Begra of *T. aestivum* L. The majority of the introgressives exhibited the values of the indicators which were equal (to class A) or exceeded (class E) the variety Begra. The protein content Zeleny-sedimentation indicator, falling number and the baking value of class E were recorded for 46.8, 21.8, 96.8 and 18.6% of the introgressives, respectively. The SDS-PAGE electrophoresis of HMW-glutenins showed (1) the presence of homoeological alleles at the

loci *Glu-A1* and *Glu-B1* in 85.9% of the introgressives, (2) the allelic breakages in the locus *Glu-D1* with the genesis of new combination of subunits 5+12 in 6.3% and (3) the introgressions of the alien alleles at the loci *Glu-1* with the unknown subunits in 7.8% of the introgressives. The results showed that the introgressive hybridization of *T. aestivum* L. with the tetraploid wheat of the species *T. durum* Desf. can result in increasing the grain quality in winter wheat *T. aestivum* L., arising from the introgressions of A, B genome alleles or from the chromosome-passage effects under the alien chromosome influence.

Key words: grain, high-molecular-weight glutenins, introgressive hybridization, technological indicators, *Triticum aestivum* L., *Triticum durum* Desf.

WSTĘP

Pszenica tetraploidalna *Triticum durum* Desf. przeznaczona jest głównie do wyrobu makaronu ze względu na wysoką zawartość glutenu i odmienne niż u pszenicy chlebowej *T. aestivum* L. jego właściwości. Inne są również uwarunkowania genetyczne glutenu, który determinują wyłącznie genomy A i B. Wysokocząsteczkowe frakcje glutenin u tego gatunku pszenicy kodowane są przez więcej alleli aniżeli u *T. aestivum* L., w locus *Glu-A1* występuje 7 alleli, w *Glu-B1* — 11 alleli (Branlard i in. 1989). Większość z nich nie występuje w ogóle u odmian pszenicy heksaploidalnej *T. aestivum* L. (Payne i Lawrence 1983), a powiązane są z korzystnymi właściwościami ciasta (Turchetta i in., 1995; Branlard i in., 1989, Lin i Shepherd, 1996, Dessalegn i in. 2003) a także z cechami użytkowymi (Autran i Galterio, 1989). Z tych względów gatunek *T. durum* Desf. może być źródłem nowej zmienności genetycznej dla wskaźników technologicznych ziarna pszenicy ozimej *T. aestivum* L.

Pomimo, że w Polsce nastąpił wyraźny postęp w hodowli jakościowej metodami rekombinacyjnymi, niemniej jednak przekroczenie poziomu odmiany Begra nie jest wciąż łatwe, chociaż odmiana ta należy do grupy jakościowej A. W rejestrze odmian pszenicy ozimej w Polsce brak jest wciąż przedstawicieli grupy jakościowej E (Kaczyński, 2002). Poszukiwanie zatem nowych źródeł genetycznych dla cech jakościowych, chociażby wśród gatunków spokrewnionych w obrębie rodziny *Poaceae* może być jednym ze sposobów zwiększania jakości ziarna pszenicy ozimej. Odmiany tetraploidalne gatunku *T. durum* Desf. są takim źródłem i stwarzają możliwości introgresji cech technologicznych ziarna do genotypu *T. aestivum* L. W efekcie krzyżowania pomiędzy *T. aestivum* L i *T. durum* Desf. prowadzonego od wielu lat w IHAR — Kraków uzyskano linie z introgresjami korzystnych cech morfologicznych kłosa (Pilch, 1996, Pilch, 2002). Stały się one obiektem dalszych opracowań biochemicznych i poszukiwania introgresji cech technologicznych ziarna (Pilch i in., 1999).

Celem pracy było przedstawienie efektywności hybrydyzacji introgresywnej z *T. durum* Desf. w zakresie zwiększania wartości technologicznej ziarna pszenicy ozimej *T. aestivum* L.

MATERIAŁ I METODY

Analizowano 64 introgresywne linie ozime *Triticum aestivum* L. / *Triticum durum* Desf. otrzymane w wyniku międzygatunkowego krzyżowania *T. aestivum* L. cv. mono-5B

Chinese Spring i mono-5B Favorit z ozimą pszenicą tetraploidalną *T. durum* Desf. cv. Mirable, Khapli, Fuensemiduro, według metodyki opisanej wcześniej przez Pilcha (1996).

Linie rozmnażano i badano w 4 kolejnych latach wraz z odmianą Begra w tych samych warunkach doświadczalnych. Stanowiły one generacje F₅–F₈, F₈–F₁₁, F₁₂–F₁₅. Ocena 4-letnia jakości ziarna obejmowała: zawartość białka ogółem (%), wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego (ml), liczbę opadania (s) i wartość wypiekową (klasy: E-elitarna, A-jakościowa, B-chlebową, C-pozostałe) wycenioną na podstawie tych wskaźników wg Klockiewicz-Kamińskiej i Brzezińskiego (1997). Oznaczenia wykonano w kolejnych rozmnożeniach F₅–F₈, F₈–F₁₁, F₁₂–F₁₅ w Pracowni Biochemii i Technologii Zbóż IHAR w Krakowie. Stosowano metody dla pszenicy opisane w pracy Pilcha i wsp. (1999). Podział na klasy jakościowe E, A, B, C przedstawiono w porównaniu do odmiany Begra według metodyki COBORU (Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński, 1997). Wyliczone wartości przedziałów dla poszczególnych klas podano w tabeli 1.

Tabela 1

Zawartość białka, stopień sedymentacji i liczba opadania w odmianie Begra na tle wartości dla poszczególnych klas jakości ziarna 64 linii introgressyjnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf.
The protein content, sedimentation degree and falling number in var. Begra compared to the respective values in several classes of grain quality in 64 introgressives *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf.

Klasa Class	Zawartość białka Protein content (%)	Liczba opadania Falling number (s)	Sedymentacja Sedimentation (ml)
E	>14,9	>236,0	> 53,0
A	13,7–14,8	186,0–235,9	39,3–52,9
B	13,2–13,6	156,0–185,9	24,9–39,2
C	< 13,1	< 155,9	< 24,8
Begra	14,3	325,7	46,1

Zakwalifikowanie linii do grupy jakościowej E–C wymagało osiągnięcia minimalnych wartości 8 wskaźników, a przekroczenie lub niespełnienie chociażby jednego z nich rzutowało na końcową klasyfikację danej linii.

Elektroforezę SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamid Gel Electrophoresis) białek gluteninowych wykonano po III reprodukcji linii w Pracowni Oceny Jakości i Odporności IHAR w Krakowie wg modyfikacji Bushuka i Zillmana (1979). Zidentyfikowane podjednostki wysokocząsteczkowych glutenin klasyfikowano według nomenklatury Payne i Lawrence (1983) przewidzianej dla pszenicy heksaploidalnej *Triticum aestivum* L.

WYNIKI I DYKUSJA

A) Zawartość białka

Odmiany pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. zwanej makaronową stanowią dla pszenicy chlebowej *T. aestivum* L. źródło wielu korzystnych cech technologicznych uwarunkowanych genetycznie, takich jak: wysoka zawartość białka ogółem w ziarnie dochodząca nawet do 18%, odporność na porastanie, czy ilość i jakość glutenu. Pomimo, że odmiany tego gatunku pszenicy nie są jeszcze zarejestrowane w Polsce, to oceniane

w doświadczeniach polowych krajowych charakteryzują się wysoką zawartością białka w ziarnie, dochodzącą nawet do 20,3% (Szwed-Urbaś i in., 1997). Geny determinujące zawartość białka zlokalizowano u tego gatunku pszenicy na 7 różnych chromosomach, tj. 4AL, 4BS, 5AL, 6A, 6BL, 7AL, 7BS (Blanco i in., 1998). Jako niezależne grupy genów stwarzają większe możliwości ich introgresji i rekombinacji z chromosomami genomów *T. aestivum* L.

Bardzo wysoką zawartość białka 14,9%–16,5% miało w naszych badaniach 46,8% linii introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf., co pozwoliło zakwalifikować je do klasy jakościowej E (tab. 2), tj. wyższej od odmiany wzorcowej Begra (klasa A). Zatem wysoki poziom białka mógł wynikać z introgresji genów występujących na chromosomach 4A, 5A, 6A, 7A genomu A i chromosomach 4B, 6B, 7B genomu B *T. durum* Desf.

Tabela 2

Przyporządkowanie 64 linii introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. do 3 klas jakościowych z uwzględnieniem 4 parametrów technologicznych
The classification of 64 introgressives *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. in 3 quality classes on the basis of 4 technological parameters

Klasa Class	Białko Protein (%)	Liczba opadania Falling number (s)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Wartość wypiekowa Baking value
E	30	62	14	12
A	31	2	41	43
B	3	0	9	9

B) Liczba opadania

O wartości technologicznej ziarna *T. aestivum* L. decyduje także liczba opadania, która kodowana jest inną grupą genów aniżeli białko, tj. *alfa-Amy*, którą tworzą: *alfa-Amy 1* (12–14 genów), *alfa-Amy 2* (10–11 genów) i *alfa-Amy 3* (nieznana liczba genów). Geny *alfa-Amy 1* występują na chromosomach VI grupy homeologicznej (6A, 6B, 6D), geny *alfa-Amy 2* — na chromosomach VII grupy homeologicznej (7A, 7B, 7D) i geny *alfa-Amy 3* — na chromosomach V grupy homeologicznej (5A, 5B, 5D) (Mac Gregor i Mac Gregor, 1987; Baulcombe i in., 1987).

A zatem introgresji z pszenicy *T. durum* Desf. mogły podlegać jedynie geny *alfa-Amy 1* z chromosomów 6A i 6B, geny *alfa-Amy 2* z chromosomów 7A i 7B oraz geny *alfa-Amy 3* z chromosomów 5A, 5B.

Wśród badanych linii 96,8% miało wysoką liczbę opadania mieszczącą się w przedziale 236,0 s — 398,0 s (tab. 2). Odpowiadały one klasie E, czyli tej samej do której zakwalifikowano odmianę Begra. Stwierdzono również, że aż 23 linie posiadały wyraźnie wyższe wartości tej cechy (powyżej 330 s) od odmiany Begra.

C) Wskaźnik sedymentacji

Biotyp odmiany Chinese Spring *T. aestivum* L. wykorzystany w naszych badaniach jako podstawowy genotyp w uzyskaniu mieszańców F₁-bridge odznaczał się niskimi wskaźnikami jakości ziarna, w tym sedymentacji Zeleny'ego, podobnie jak odmiana Favorit. Wykazywał on kombinację podjednostek null w *Glu-A1c*, 7+8 w *Glu-B1b* i 2+12 w *Glu-D1a* (nieop. wyniki, 2003). Zatem odmiany te nie mogły stanowić źródeł uzyskania

wysokich wskaźników technologicznych ziarna w badanych liniach introgresyjnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. Jednak wśród nich 21,8% linii prezentowało wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego na poziomie 53,0–62,0 ml, co kwalifikowało je do klasy E, czyli wyższej od odmiany Begra (tab. 1). Z kolei, poziom odmiany Begra (klasa A) miało 64,1% linii, zaś niższy od tej odmiany — 14,1% badanych linii.

O właściwościach wypiekowych odmiany decydują zasadniczo wysokocząsteczkowe frakcje glutenin kodowane przez homeologiczne loci *Glu A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1* położone na długich ramionach chromosomów *1A*, *1B* i *1D* (Payne i Lawrence, 1983). Dla każdego z tych loci stwierdzono multiallelizm — allele tych loci tworzą setki kombinacji rozmieszczonych w odmianach *T. aestivum* L. Stanowią one genetyczny system tych odmian decydujący o wartości wielu wskaźników technologicznych ziarna. Występuje on również u pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf.. Turchetta i wsp. (1995) wykazali w jej odmianach obecność 14 różnych prążków HMW glutenin będących kombinacją 3 alleli genomu A i 7 alleli genomu B. Stwierdzili obecność 3 nowych alleli: 1 allel w locus *Glu-A1* i 2 allele w locus *Glu-B1*. Efektem była zawartość białka w ziarnie 11,0%–19,0% i wskaźnik sedymentacji 28–85 ml. Ponadto u *T. durum* Desf. zidentyfikowano dodatkowe podjednostki HMW i LMW glutenin kodowanych przez loci *Glu-1* i *Glu-3* mające praktyczne zastosowanie w hodowli jakościowej tego gatunku (Ciaffi i in., 1992). Sabelli i Shevry (1991) wykazali duże różnice alleli w loci *Glu-1* pomiędzy odmianą Chinese Spring, będącą komponentem krzyżówkowym badanych materiałów w niniejszej pracy i odmianami *T. durum* Desf. Należy również zwrócić uwagę u *T. durum* Desf. na występowanie genu *Imw-gs* w locus *Glu-B3* kodującego specyficzną frakcję LMW glutenin, które decydują o wyjątkowych właściwościach tej pszenicy istotnych przy wypieku chleba (D'Ovidio i in., 1997).

U odmian pszenicy *T. durum* Desf. istnieją korelacje genetyczne loci genomów A i B mogących podlegać introgresji ze wskaźnikami technologicznymi. Blanco i wsp. (1998) stwierdzili, że wskaźnik sedymentacji kodowany był 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 locus *Glu-A1*, a na chromosomie *1BS* loci *Glu-B1/Glu-B3* kodujące niektóre gluteniny i gliadyny. Sedymentacja była dodatnio skorelowana z zawartością białka w ziarnie (Blanco i in., 1998). Z kolei Dexter i Matsuo (1987) stwierdzili wysoką korelację pomiędzy sedymentacją a silnym glutenem i jakością ugotowanego makaronu. Nie stwierdzono natomiast korzystnej zależności pomiędzy wskaźnikiem sedymentacji a podjednostkami HMW — glutenin 6 + 8, 7 + 22 (wprowadzone z *T. dicoccoides* L.) kodowanymi przez oba allele *Glu-B1*.

Również w odmianach pszenicy *T. aestivum* L. występują podobne zależności loci *Glu-A1* i *Glu-B1* ze wskaźnikami technologicznymi ziarna. Lorenzo i wsp. (1987) wykazali, że wysoka sedymentacja i objętość chleba zawsze związane były z podjednostkami 5 + 10 glutenin wysokocząsteczkowych, zaś Odenbach i Mahgoub (1988), że wysoka sedymentacja — z podjednostkami 2* (*Glu-A1 b*), 7 + 8 (*Glu-B1 b*), 7 + 9 (*Glu-B1 c*), 5 + 10 (*Glu-D1 d*) a z niską sedymentacją związane były podjednostki: null (*Glu-A1 c*), 6 + 8 (*Glu-B1 d*), 2 + 12 (*Glu-D1 a*).

Carrillo i wsp. (1990), Schepers i wsp. (1993) stwierdzili współzależność wskaźnika sedymentacji z podjednostkami glutenin wysokocząsteczkowych kodowanymi przez homeologiczne loci *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1* zwłaszcza locus *Glu-D1 a d* (2 + 12, 5 + 10).

Tabela 3

Wartość technologiczna ziarna 5 introgresywnych linii *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. o niezidentyfikowanych podjednostkach (n.i.) wysokocząsteczkowych glutenin w loci *Glu-1*
Technological grain quality of the 5 introgressives *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. with the unidentified subunits (n.i.) HMW-GS at the loci *Glu-1*

Lp No.	Pochodzenie Pedigree	Białko Protein (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s.)	Podjednostki Subunits <i>Glu-1</i> loci		
27.	STH 290 × (ChS-Khapli) 101/23/1	13,9 A	42,3 A	315,0 E	n.i.	n.i.	n.i.
32.	STH 5576 × / (ChS-Mirable) M. Marksmann / 106/1/11	13,4 A	42,0 A	258,3 E	n.i.	n.i.	n.i.
33.	STH 7430 × / (ChS-Mirable) M. Marksmann/ 116/2/21	13,5 A	39,3 A	325,3 E	n.i.	n.i.	n.i.
34.	STH 8663 × / (ChS-Fuensemiduro) M. Marksmann/ 117/43/1/2	15,0 E	41,7 A	359,0 E	n.i.	n.i.	n.i.
51.	(5B Favorit-Mirable) .92/1/35	14,9 E	53,2 E	277,7 E	n.i.	n.i.	2+12
Begra — Wzorzec; Standard		13,9 A	45,3 A	315,7 E	N	7+9	5+10

Tabela 4

Wartość technologiczna ziarna 4 introgresywnych linii *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. z parą podjednostek 5+12 wysokocząsteczkowych glutenin w locus *Glu-D1*
Technological grain quality of the 4 introgressives *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. with the subunit pair 5+12 HMW-GS at the locus *Glu-D1*

Lp No.	Pochodzenie Pedigree	Białko (%) Protein (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s.)	Podjednostki Subunits <i>Glu-1</i> loci		
(5B Favorit-Mirable)							
48	92/1/14	15,3 E	62,0 E	290,7 E	2	7+9	5+12
49.	92/1/30	15,6 E	53,7 E	385,3 E	2	7+9	5+12
50.	92/1/31/1	14,6 E	53,0 E	294,3 E	2	7+9	5+12
(ChS- Mirable)							
75.	27/16	15,3 E	44,3 A	281,7 E	N	7+9	5+12
Begra — Wzorzec; Standard		13,9 A	45,3 A	315,7 E	N	7+9	5+10

Oznaczenia jak w tabeli 3; Designations as in table 3

Aktualnie podjednostkom HMW-GS 5+10 locusa *Glu-D1d* przypisuje się największy pozytywny wpływ na właściwości ciasta (Dong i in., 1991). W badanych liniach introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. locus ten nie mógł jednak uczestniczyć w introgresji albowiem nie występuje w gatunku *T. durum* Desf. Jednak i w loci *Glu-A1*, *Glu-B1* *T. durum* Desf. obecne są również inne allele mające duży wpływ na cechy ciasta. Podjednostki N, 7+8 powodowały najwyższą objętość bochenka chleba, wskaźnik sedymentacji i najlepsze właściwości miksograficzne ciasta (Dessalegn i in., 2003). Odmiana meksykańska Cajeme 71 o wysokiej jakości wykazywała obecność podjednostek: 1 (*Glu-A1 a*), 17 + 18 (*Glu-B1 i*) i 5 + 10 (*Glu-D1 d*) (Carrillo i in., 1990),

zaś odmiana Begra będąca wzorcem jakościowym w niniejszej pracy - N (*Glu-A1 c*), 7+9 (*Glu-B1 c*) i 5+10 (*Glu-D1 d*), (tab. 3, 4).

D) Wartość wypiekowa

Introgresywna hybrydyzacja z *T. durum* Desf. stwarza możliwości: (1) transferu homeologicznych alleli z loci *Glu-A1* i *Glu-B1* *T. durum* Desf. do odmian *T. aestivum* L., (2) transferu alleli jakie nie występują u *T. aestivum* L. z loci *Glu-A1* i *Glu-B1* *T. durum* Desf., (3) rozbitcia u *T. aestivum* L. alleliczności loci *Glu-1* w wyniku pasażowania genotypu AA BB DD obcymi chromosomami i powstania nowych kombinacji alleli.

W przypadku białek gluteninowych oba spokrewnione gatunki pszenicy, tj. *T. aestivum* L. i *T. durum* Desf. mają 9 wspólnych homeologicznych alleli: 3 allele (*a*, *b*, *c*) w locus *Glu-A1* i 6 alleli (*a*, *b*, *d*, *e*, *f*, *h*) w locus *Glu-B1* (Payne, Lawrence 1983, Branlard i in. 1989). Zostały one zidentyfikowane metodą pośrednią czyli za pomocą podjednostek wykrytych w elektroforezie żelowej SDS-PAGE, w której wizualnie ustalono położenie bloków białek migrujących przypisując to odpowiednim podjednostkom, a z kolei podjednostki — allelom. Ponieważ nie wykazano identyczności alleli na podstawie sekwencjonowania DNA, nie można zatem twierdzić iż są to homologiczne allele, czyli DNA o tych samych sekwencjach nukleotydów. Coraz więcej badań DNA wskazuje na występowanie różnic w sekwencji nukleotydów pomiędzy nimi. 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 dwóch odmian Chinese Spring i Cheyenne pszenicy *T. aestivum* L., u odmiany Bidi *T. durum* Desf. i 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 identyfikowania alleli metodą elektroforezy SDS-PAGE, Forde i wsp. (1985) rozpoznali u odmiany Cheyenne delecję 85 bp w promotorze Ay genu *Glu-A1-2*. Tak więc nie ma pewności nawet u odmian pszenicy *T. aestivum* L., iż te same allele w loci *Glu-1* mają identyczne sekwencje bp, czyli są homologiczne. Jak widać elektroforeza SDS-PAGE nie może służyć do identyfikowania alleli wysokocząsteczkowych glutenin w loci *Glu-1*. Zatem introgresja wspólnych alleli z *T. durum* Desf do genomów AA BB *T. aestivum* L. może być źródłem nowej zmienności genetycznej ekspresją, czego mogą być wyższe wartości wskaźników technologicznych ziarna. Potwierdziła to wykonana elektroforeza SDS-PAGE. Wykazała ona, że w badanych liniach introgresywnych *T. aestivum* L./*T. durum* Desf., 55 linii (85,9%) miało wspólne allele w loci *Glu-A1* i *Glu-B1*. W porównaniu do wzorca genetycznego, czyli odmian Chinese Spring i Favorit istotnie wyższą zawartość białka miało 51 linii (24 linie w klasie E, 27 linii w klasie A), wyższy wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego miały 44 linie (10 linii w klasie E, 34 linie w klasie A) i wyższą liczbę opadania miały wszystkie linie (62 linie w klasie E i 2 linie w klasie A). Składają się one na wysoką wartość wypiekową ocenioną na podstawie tych wskaźników (tab. 2). Wartość wypiekową klasy E wyższej od odmiany Begra miało 18,7% badanych linii, zaś poziom tej odmiany (klasa A) — 67,2% linii.

Nieliczne tylko linie stanowiące 14,1% charakteryzowało się wartością wypiekową niższą od odmiany Begra (klasa B).

Gatunek *T. durum* Desf. ma 9 alleli *Glu-1* jakie nie występują u pszenicy heksaploidalnej *T. aestivum* L.: 4 allele (III, IV, V, VI) w locus *Glu-A1* i 5 alleli (IV, VI, XII, XIII, XIV) w locus *Glu-B1* (Payne, Lawrence 1983, Branlard i in. 1989). Introgresja ich do *T. aestivum* L. może wprowadzić nową zmienność genetyczną wynikającą z obecności obcego DNA, jak i zwiększenie liczby podjednostek w odmianie co może przejawiać się w ekspresji cech technologicznych. Dotychczas brak jest informacji o funkcjonowaniu tych alleli w genotypie AA BB DD i cytoplazmie *aestivum* oraz przydatności w zwiększaniu wskaźników technologicznych w ziarnie *T. aestivum* L. Z powodzeniem jednak wprowadzono do odmiany Sicco *T. aestivum* L. 2 obce allele z pszenicy diploidalnej *T. boeoticum* Boiss., tj. *Glu-A1 r* kodującego podjednostki 39+40 i *Glu-A1 s* kodującego podjednostki 41+42 (Rogers i in., 1997). W odmianie tej nastąpiło zwiększenie liczby podjednostek z 5 do 6, a efekty technologiczne okazały się korzystne. Z kolei Łukaszewski i Curtis (1992, 1994), Kazman i Lelley (1994), Lafferty i Lelley (2001), Łukaszewski i wsp. (2000), Vitellozzi i wsp. (1997) wprowadzili locus *Glu-D1* z pszenicy *T. aestivum* L. do pszenżyta heksaploidalnego (*X Triticosecale* Witt.), pszenicy *T. durum* Desf. i żyta *S. cereale* L., podwyższając w ten sposób wartość wypiekową ziarna u odmian tych gatunków.

E) Białka gluteninowe

W badanych 64 liniach introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. zidentyfikowano 5 linii o nieznanych podjednostkach wysokocząsteczkowych glutenin w *Glu-A1*, *Glu-B1* a nawet w locus *Glu-D1*, który nie był obiektem introgresji (tab. 3). Zastosowana elektroforeza SDS-PAGE ujawniała bez trudu skład podjednostek w loci *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1* u odmiany Begra i 59 linii introgresywnych, lecz w 5 liniach nie określiła składu pomimo wielu powtórzeń. Może to świadczyć, iż typowe dla tych loci podjednostki nie występowały, a zatem należy sądzić iż nastąpiła zmiana alleliczności w tych loci, być może spowodowana delecją lub substytucją obcych alleli, których nie udało się oznaczyć na podstawie identyfikacji podjednostek elektroforezą SDS-PAGE. Natomiast zmiana w locus *Glu-D1* mogła być efektem translokacji pomiędzy chromosomami 1DL *T. aestivum* L. i obcymi A1L lub 1BL należącymi do *T. durum* Desf., jak to wykazali Kazman i Lelley (1994) oraz Lafferty i Lelley (2001) u pszenżyta heksaploidalnego (*X Triticosecale* Witt.) z chromosomami pszenicy *T. durum* Desf. Wystąpienia takich translokacji w badanych liniach *T. aestivum* L./*T. durum* Desf. były możliwe, albowiem w krzyżowaniach z *T. durum* Desf. stosowano genetyczny system homeologicznej koniugacji 5B *T. aestivum* L. w celu uzyskania mieszańców "F₁-bridge". Efektem tych niezidentyfikowanych zmian genetycznych mogły być wysokie wartości zawartości białka, wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego i liczby opadania odpowiednie dla klas E i A, a więc przewyższające zarówno wzorce genetyczne odmian Chinese Spring, Favorit, jak i wzorzec hodowlany jakościowy odmianę Begra (tab. 3).

Efektem hybrydyzacji introgresywnej może być także rozbitcie alleliczności w loci *Glu-1* i powstanie nowych kompozycji alleli w locus, następstwem czego mogą być inne podjednostki nietypowe dla danego locus 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 pod wpływem chromosomów pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. (Pilch, 1987).

Wykonana elektroforeza SDS-PAGE badanych linii wykazała rozbitcie alleliczności w locus *Glu-D1* u 4 linii introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf., u których zidentyfikowano nową parę podjednostek wysokocząsteczkowych glutenin 5 + 12 (tab. 4) jaka nie występuje w katalogu Payne i Lawrence (1983). W literaturze brakuje również 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 korzystne u 4 linii *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf., albowiem badane wskaźniki technologiczne: % zawartość białka, wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego i liczba opadania miały bardzo wysokie wartości (klasy E, A) przewyższające zarówno wzorce genetyczne odmian Chinese Spring, Favorit i wzorzec hodowlany jakościowy — odmianę Begra (tab. 4). Warto zaznaczyć, że zmiany te wystąpiły jedynie pod wpływem chromosomów jednej tylko odmiany tetraploidalnej Mirable, która mogła mieć takie właściwości.

WNIOSKI

1. Przeprowadzone badania wykazały, że hybrydyzacja introgresywna odmian Chinese Spring i Favorit *T. aestivum* L. z odmianami Mirable, Khapli i Fuensemiduro *T. durum* Desf. prowadzić może do uzyskania w pszenicy ozimej *T. aestivum* L. wysokich wartości wskaźników technologicznych (klasa E) wykraczających nawet poza genotyp jakościowy odmiany Begra.
2. Pomimo, że wysoka wartość wypiekowa (klasy E, A) u większości badanych linii introgresywnych *T. aestivum* L./ *T. durum* Desf. oceniona była tylko na podstawie 3 wskaźników technologicznych (% zawartość białka, wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego, liczba opadania) to niektóre z nich mogą stanowić wartościowy materiał wyjściowy dla programów hodowlanych kierunku jakościowego w celu poprawienia pojedynczych cech jakościowych ziarna.
3. Hybrydyzacja introgresywna pszenicy ozimej *T. aestivum* L. z tetraploidalnym gatunkiem *T. durum* Desf. prowadzi również do uzyskania zmian genetycznych w zakresie uwarunkowań w loci *Glu-1* wysokocząsteczkowej frakcji glutenin. Zidentyfikowanie nowej pary podjednostek 5+12 połączonej z wysokimi wartościami (klasy E, A) wskaźników technologicznych może stanowić źródło odmiennych uwarunkowań cech jakościowych ziarna dla materiałów hodowlanych pszenicy ozimej *T. aestivum* L.

LITERATURA

- Autran J. C., Galterio G. 1989. Associations between electrophoretic composition of protein, quality characteristics and agronomic attributes of durum wheat. II. Protein quality association. *J. Cereal Sci.* 9: 195 — 215.
- Anderson O. D., Abraham-Pierce F. A., Tam A. 1998. Conservation in wheat high-molecular-weight glutenin gene promoter sequences: comparisons among loci and among alleles of the *Glu-B1-1* locus. *Theor. Appl. Genet.* 96: 568 — 576.
- Baulcombe D. C., Huttly A. K., Martienssen R., Barker R. F., Jarvis M. G. 1987. A novel wheat alpha- amylase gene (*L-Amy 3*). *Mol. Gen. Genet.* 209: 33 — 34.
- 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., Autran J. C., Monneveux P. 1989. High molecular weight glutenin subunits in durum wheat (*Triticum durum*). *Theor. Appl. Genet.* 78: 353 — 358.
- 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.
- Ciaffi M., Benedeltelli S., Giorgi B., Porceddu E., Lafiandra D. 1992. Seed storage proteins of *Triticum turgidum* spp. *dicoccoides* and their effects on technological quality in durum wheat. *Plant Breeding* 107: 309 — 319.
- Dessalegn T., Van Deventer C. S., Labuschagne M. T., Maartens H. 2003. B-LMW glutenin and y-gliadin composition of Ethiopian durum wheat genotypes and their association with some quality traits. *Cereal Res. Commun.* 31, 3–4: 453 — 457.
- 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., 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.
- 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.
- 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. (wyd. E. Gacek, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka): 20 — 35.
- Kazman E., Lelley T. 1994. Rapid incorporation of D-genome chromosomes into A and/ or B genomes of hexaploid triticale. *Plant Breeding* 113: 89 — 98.
- Klockiewicz-Kamińska E., Brzeziński W. J. 1997. Metoda oceny i klasyfikacji jakościowej odmian pszenicy. *Wiad. Odm. COBORU* 67: 1 — 18.
- Lafferty J., Lelley T. 2001. Introduction of high molecular weight glutenin subunits 5+10 for the improvement of the bread-making quality of hexaploid triticale. *Plant Breeding* 120 (1): 33 — 37.
- Lin C. Y., Shepherd K. W. 1996. Variation of B subunits of glutenin in durum wild and less-widely cultivated tetraploid wheats. *Plant Breed.* 115: 172 — 178.
- 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.
- Lukaszewski A. J., Brzezinski W., Klockiewicz-Kaminska E. 2000. Transfer of the *Glu-D1* locus encoding high molecular weight glutenin subunits 5+10 from bread wheat to diploid rye. *Euphytica* 115: 49 — 57.

- Lukaszewski A. J., Curtis C. A. 1992. Transfer of the *Glu-D1* gene from chromosome 1D of bread wheat to chromosome 1R in hexaploid tritcale. *Plant Breeding* 109: 203 — 210.
- Lukaszewski A. J., Curtis C. A. 1994. Transfer of the *Glu-D1* gene from chromosome 1D to chromosome 1A in hexaploid tritcale. *Plant Breeding* 112: 177 — 182.
- Mac Gregor E. A., Mac Gregor A. W. 1987. Studies of cereal L-amylases using cloned DNSA. *Rev. Biotech.* 5: 129 — 142.
- 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. I., Lawrence G. J. 1983. Catalogue of alleles for the complex gene loci *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cer. Res. Commun.* 11: 29 — 36.
- 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. 1996. Performance of interspecific and intergeneric hybrids of *Triticum aestivum* L. for wheat improvements. Part I. Performance of winter generations F₃–F₅ of *T. aestivum* L. with *Triticum* {2x, 4x}, *Aegilops* {2x}, and *Elymus* {4x} species in respect of some characters of spike. *Plant Breed. and Seed Sci.* vol. 40, no. 3-4: 73 — 62.
- 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 cech kłosa pszenicy *Triticum aestivum* L. z wykorzystaniem międzygatunkowej i międzyrodzajowej hybrydyzacji. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* z. 488: 207 — 213.
- 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. *thoudar* at *Glu-A1* encoding two high-molecular-weight subunits of glutenin. *Euphytica* 93: 19 — 29.
- Sabelli P. A., Shevry P. R. 1991. Characterization and organization of gene families at the *Gli-1* loci of bread and durum wheat's by restriction fragment analysis. *Theor. Appl. Genet.* 83: 209 — 216.
- 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.
- 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 electrophoretic pattern of storage proteins and gluten strength in durum wheat landraces from Turkey. *Plant Breeding* 114: 406 — 412.
- Vitelozzi F., Ciaffi M., Dominici L., Ceoloni C. 1997. Isolation of a chromosomally engineered durum wheat line carrying the common wheat *Glu-D1d* allele. *Agronomie* 17: 413 — 419.
- Zillman R.R., Bushuk W. 1979. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. III. *Can. J. Plant Sci.* 59: 287.

EDWARD WITKOWSKI¹**JACEK WAGA**²**AMELIA BIELAWSKA**³**KRYSTYNA WITKOWSKA**¹**HELENA LUBER**³¹ Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.² Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż, IHAR w Krakowie³ Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o.

Wpływ selekcji na częstotliwość występowania podjednostek glutenin kodowanych chromosomem 1A w populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej*

The influence of selection on the frequency of HMW glutenin subunits coded by chromosome 1A in winter wheat hybrid populations

Podjęto próbę oceny zmian w częstotliwości alleli (locus *Glu A1*) warunkujących syntezę glutenin HMW, jakie mogą zachodzić pod wpływem selekcji prowadzonej we wczesnych etapach hodowli. Okazało się, że selekcja intuicyjna ogranicza udział genotypów zawierających warianty kodujące wśród mieszańców o najwyższej masie 1000 ziaren – jednej z podstawowych cech selekcji w procesie hodowlanym. Wynik taki do pewnego stopnia tłumaczy, dlaczego wśród polskich odmian i rodów występuje tak znaczna liczba form zawierających wariant *Glu A1*-null. Prawdopodobnie obserwowany efekt jest wynikiem sprzężenia pomiędzy genami kontrolującymi gluteniny HMW a genami odpowiedzialnymi za różne cechy rolnicze będące podstawą selekcji w procesie hodowlanym. Zjawisko to utrudnia selekcję form o wysokiej MTZ i zawierających jednocześnie korzystne z punktu widzenia technologii warianty *Glu A1*-1 i *Glu A1*-2. Zależności takich nie zaobserwowano w przypadku plonu ziarna z kłosa.

Słowa kluczowe: pszenica ozima, gluteniny wielkocząsteczkowe, wpływ selekcji, parametry struktury plonu

The influence of early selection on changes of the frequencies of alleles (locus *Glu A1*) responsible for HMW glutenin synthesis was estimated. It was found that the intuitional selection reduced the participation of genotypes with subunits *Glu A1*-1 and *Glu A1*-2 among the hybrids with the highest

* Praca wykonana w ramach projektu badawczego własnego Nr 3 p06A 022 25 pt: Zmienność podjednostek białek gluteninowych pod wpływem selekcji na wybrane cechy użytkowe w populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L), finansowanego przez Komitet Badań Naukowych PAN

weight of 1000 grains, known to be one of the main criteria applied in a breeding process. To some extent, this result explains why among the Polish varieties and breeding lines there occur so many forms with *Glu A1*-null variant. This might be due to the linkages between genes controlling HMW glutenins and genes governing various agronomic characters which are selected for in a breeding program. Such a dependence was not found case of grain yield per ear.

Key words: HMW glutenin subunits, influence of selection, winter wheat, yield parameters

WSTĘP

Gluteniny wysokocząsteczkowe (HMW) są jednym z ważniejszych składników biochemicznych ziarna pszenicy (Kączkowski, 2002). Wykazano, iż różne podjednostki tych białek są silnie powiązane ze zmiennością cech jakościowych (McRitchie i in., 1990; Payne i Rhodes, 1982; Payne i in. 1987; Popineau i in., 1994). Ponadto badania odmian i rodów pszenicy ozimej zgromadzonych w kolekcjach roboczych sugerują ich związek również z takimi cechami użytkowymi jak: plon ziaren z kłosa, liczba ziaren z kłosa czy odporność na mączniaka (*Erysiphe graminis*) (Węgrzyn i Waga, 1999).

Każdy z trzech genów warunkujących syntezę glutenin HMW (zlokalizowanych na chromosomach *1A*, *1B* i *1D*) tworzy serię alleli wielokrotnych. Poszczególne allele kodują jedną lub dwie podjednostki, które na obrazie elektroforetycznym tworzą pary prążków bądź pojedyncze frakcje białkowe (Payne i in., 1984). Liczba ich allelicznych wariantów nie jest tak znaczna jak gliadyn. Katalog Payne'a z 1983 roku opisuje trzy bloki dla chromosomu *1A*, jedenaście dla chromosomu *1B* i sześć dla chromosomu *1D* (Payne i Lawrence, 1983). Stąd też mniejsza ich przydatność do identyfikacji materiałów hodowlanych w porównaniu z białkami gliadynowymi (Waga, 2002). Jednakże gluteniny HMW są silniej niż gliadyny powiązane z jakością, dlatego hodowcy chętnie wykorzystują je w procesie selekcji jako markery biochemiczne cech jakościowych (Gianibelli i in., 2001).

Analiza polimorfizmu glutenin HMW dla polskich materiałów hodowlanych wykazała, że frakcje kodowane chromosomami *1B* i *1D* występują w zbliżonych liczebnie grupach odmian i rodów, natomiast znaczne dysproporcje stwierdzono dla podjednostek kodowanych chromosomem *1A* (Waga, 1997). Gen na chromosomie *1A* warunkuje syntezę trzech allelicznych wariantów — dwóch podjednostek (*Glu A1*-1 oraz *Glu A1*-2) oraz tzw. wariantu null (*Glu A1*-null), określanego też jako wariant niekodujący (Halford i in., 1992). Powstał on prawdopodobnie na skutek zablokowania genów struktury w obrębie locus *Glu A1* (Lafiandra i in., 1995). Wśród polskich odmian i rodów pszenicy ozimej *Glu A1*-null dominuje liczebnie nad allelicznymi wariantami z chromosomu *1A*, tj. *Glu A1*-1 oraz *Glu A1*-2 (Waga, 1997). Z punktu widzenia cech jakościowych jest to zjawisko niekorzystne, bowiem obecność null wariantu pogarsza właściwości technologiczne genotypu w przeciwieństwie do podjednostek 1 i 2, które mogą poprawiać wartości tych cech (Payne i in., 1987; Węgrzyn i Waga, 1999). Dotychczas nie stwierdzono, co jest przyczyną ilościowej dominacji wariantu null nad wariantami kodującymi. Można przypuszczać, że geny warunkujące gluteniny HMW są sprzężone z genami innych ważnych cech użytkowych, np. odpowiedzialnymi za plenność, a selekcja preferująca wysokie wartości

parametrów struktury plonu eliminuje podjednostki 1 i 2 już na wczesnych etapach hodowli. Pogląd ten jest hipotezą, której słuszność należy sprawdzić i udowodnić.

Celem pracy jest stwierdzenie, jak zmienia się częstotliwość alleli (locus *Glu A1*) warunkujących syntezę glutenin HMW pod wpływem selekcji na najwcześniejszym etapie procesu hodowlanego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

W 2001 roku wykonano sześć kombinacji krzyżowań pomiędzy odmianami Begra i Euris (komponenty mateczne), a odmianami Astron, Mikon i rodem MIB 496 (komponenty ojcowskie). W 2003 roku zebrano pojedynki roślinne należące do pokolenia F₂ sześciu populacji mieszańcowych, które wykorzystano jako materiał badawczy w niniejszej pracy. Łącznie zebrano 1300 roślin stosując dwa sposoby selekcji. W pierwszej kolejności dokonano wyboru pojedynków pod kątem cech fenotypowych, ważnych z punktu widzenia hodowcy (wysokość i pokrój rośliny, odporność na choroby), a następnie podobną liczbę pojedynków wybrano w sposób losowy. Dla każdej wybranej rośliny oznaczono: masę tysiąca ziaren (MTZ), plon ziarna z kłosa (PZK), procentową zawartość białka ogółem (PZBO) oraz liczbę sedymantacji (LS). Wszystkie prace związane z przygotowaniem materiału roślinnego do badań wykonano w HR Smolice Sp. z o.o.

Analizy biochemiczne

PZBO oznaczono metodą NIR (w bliskiej podczerwieni) z wykorzystaniem analizatora Infratec 1255. Liczbę sedymantacji określono na podstawie testu Zeleny'ego (Zeleny i in., 1960). Skład podjednostek białek gluteninowych (frakcje wysokocząsteczkowe) analizowano metodą elektroforezy zasadowej z dodatkiem soli sodowej siarczanu dodecyłu wg standardowej metody Laemmli (Laemmli, 1970). Obrazy elektroforetyczne interpretowano na podstawie katalogu Payne'a (Payne i Lawrence, 1983). Analizy biochemiczne wykonano w Zakładzie Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż IHAR w Krakowie.

Opracowanie wyników

Na podstawie analizy elektroforetycznej dla każdej populacji mieszańcowej utworzono dwie grupy osobników różniących się pod względem glutenin HMW kodowanych chromosomem 1A:

- genotypy zawierające kodujący wariant białkowy (podjednostki *GluA1-1* i *Glu A1-2*);
- genotypy zawierające wariant niekodujący (*Glu A1-null*).

Grupa pierwsza obejmowała zarówno homozygoty pod względem genu w locus *Glu A1* (intensywnie wybarwiony prążek) jak i heterozygoty (słabiej wybarwiony prążek). W obrębie każdej kombinacji i metody selekcji określono procentowy udział roślin należących do poszczególnych grup genotypów.

W następnej kolejności populacje mieszańcowe podzielono na trzy klasy (A, B i C) pod względem wartości każdej z czterech badanych cech użytkowych. Do klasy A zaliczano rośliny o najniższych, do klasy B o średnich natomiast do klasy C o najwyższych wartościach poszczególnych cech. W obrębie utworzonych klas określono procentowy

udział wariantów kodujących i niekodujących uzyskanych drogą wyboru losowego i selekcji.

WYNIKI

Dla każdej kombinacji krzyżowań utworzono po dwie populacje mieszańcowe: pierwsza z nich obejmowała pojedynki roślinne wybrane w sposób losowy, a druga w wyniku zastosowania presji selekcyjnej. Określono procentowy udział osobników zawierających wariant kodujący glutenin HMW (podjednostki *Glu A1-1* lub *Glu A1-2*) oraz zawierających wariant null (tab. 1).

Tabela 1

Częstotliwość alleli: *Glu A1-1* lub 2 i *Glu A1-null* w badanych populacjach mieszańcowych (%)
The frequency (%) of alleles *Glu A1-null* and *Glu A1-1* or 2 in the investigated hybrids of winter wheat

Kombinacja Combinations	Wybór losowy Random choice		A1-Null/A1	Selekcja Selection		A1- Null/A1
	Glu A1- Null	Glu A1-1 lub 2		Glu A1-Null	Glu A1-1 lub 2	
Begra × Mikon	5,7	94,3	0,06	17,5	82,5	0,21
Begra × Astron	18,7	81,3	0,23	17,8	82,2	0,22
Begra × MIB 496	24,7	75,3	0,33	17,7	82,3	0,22
Euris × Mikon	0,0	100,0	0,00	0,0	100,0	0,00
Euris × Astron	50,7	49,3	1,03	14,5	85,5	0,17
Euris × MIB 496	29,4	70,6	0,42	22,9	77,1	0,30
Średnio dla kombinacji z allelem <i>Glu A1-1</i> Average of combinations with <i>Glu A1-1</i>	18,8	81,2	0,33	12,5	87,5	0,15
Średnio dla kombinacji z allelem <i>Glu A1-2</i> Average of combinations with <i>Glu A1-2</i>	27,1	72,9	0,38	20,3	79,7	0,26
Średnio dla wszystkich kombinacji Average of all combinations	21,5	78,5	0,35	15,1	84,9	0,19

Wśród pojedynków wybranych losowo obserwowano zróżnicowanie liczebności osobników z gluteninami typu 1 i 2, których procentowy udział wahał się w przedziale od 50 do 100%. Zastosowanie presji selekcyjnej ustabilizowało ich częstotliwość na poziomie 80%. Wyjątek stanowiła kombinacja Euris × Astron, w której ponownie warianty kodujące wyparły całkowicie formy typu null, co z punktu widzenia właściwości technologicznych wydaje się być zjawiskiem korzystnym, jednakże trudnym do jednoznacznej interpretacji.

Kierunek modyfikacji puli genowej w populacjach wybranych losowo i poddanych selekcji odzwierciedlają zmiany wskaźnika N/K (stosunek liczebności wariantów niekodujących: kodujących). Zmniejszenie jego wartości odzwierciedla korzystny trend zmian, do jakich należy zaliczyć zwiększenie liczebności wariantów kodujących. Znaczący korzystny wpływ selekcji obserwowano w przypadku kombinacji Euris × Astron — tutaj udział osobników z wariantem kodującym zwiększył się prawie dwukrotnie — natomiast obniżenie ich liczebności odnotowano dla kombinacji Begra × Mikon. W pozostałych kombinacjach selekcja spowodowała nieznaczne zwiększenie liczebności genotypów zawierających wariant kodujący.

W następnej kolejności analizowano populacje mieszańcowe pod kątem czterech cech użytkowych: MTZ, PZK, PZBO i LS. Określono udział wariantów kodujących i nie kodujących w trzech klasach: wysokiej, średniej i niskiej wartości każdej cechy (tab. 2).

Tabela 2

Częstotliwość (%) występowania wariantów Glu A1-1, Glu A1-2 oraz Glu A1-null w 3 klasach wartości (A, B, C) analizowanych cech użytkowych populacji F₃ pszenicy ozimej
The frequency (%) of Glu A1-1, GLU A1-2 and GLU A1-null variants in 3 classes (A, B, C) of the analyzed traits in F₃ winter wheat hybrids

Kombinacja Combinations	Wybór Choice	Wariant Variant	Białko Protein			Liczba sedymentacji Number of sedimentations			Plon ziarna z kłosa Grain yield per ear			Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains		
			A	B	C	A	B	C	A	B	C	A	B	C
Begra × Mikon	losowy	Null	3,8	1,9	0,0	0,0	6,0	0,0	0,0	1,9	3,8	1,9	3,8	0,0
	random	A1	50,0	34,6	9,7	10,0	70,0	14,0	21,2	46,2	26,9	25,0	38,5	30,8
	selekcja	Null	6,0	9,6	1,9	7,7	7,7	1,9	3,8	9,7	3,8	1,9	11,5	3,8
Begra × Astron	selekcja	A1	51,7	26,8	3,8	3,8	63,2	15,6	11,5	42,3	28,9	9,7	63,5	9,6
	losowy	Null	3,1	12,5	3,1	1,6	12,3	4,7	6,3	10,8	1,8	6,3	10,9	1,6
	random	A1	17,4	48,4	15,5	9,6	53	18,8	31,3	45,1	4,7	25,0	34,3	21,9
Begra × MIB 496	selekcja	Null	6,5	9,7	1,6	6,5	9,7	1,6	4,8	11,3	1,6	1,6	12,9	3,2
	selekcja	A1	45,1	32,3	4,8	32,3	45,1	4,8	24,2	45,2	12,9	25,8	45,2	11,3
	losowy	Null	13,4	10,3	1,0	3,1	18,6	3,1	3,1	19,6	2,0	4,1	13,4	7,2
Euris × Mikon	random	A1	33,0	37,1	5,2	5,2	45,3	24,7	10,3	52,6	12,4	17,5	40,3	17,5
	selekcja	Null	5,9	10,8	1,0	0,0	12,7	4,9	1,0	10,8	5,9	1,0	11,8	4,9
	selekcja	A1	26,4	51,0	4,9	1,0	53,9	27,5	3,9	48,0	30,4	16,7	51,9	13,7
Euris × Astron	losowy	Null	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	random	A1	41,7	54,2	4,1	22,4	49,0	28,6	12,0	56,0	32,0	16,0	46,0	38,0
	selekcja	Null	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Euris × MIB 496	selekcja	A1	51,0	46,9	2,1	24,5	61,2	14,3	12,0	41,1	46,9	14,3	65,6	20,1
	losowy	Null	20,5	24,4	5,1	16,5	32,9	1,3	15,0	17,5	18,8	6,3	34,2	10,1
	random	A1	14,1	29,5	6,4	10,0	35,4	3,9	18,8	22,4	7,5	2,5	40,6	6,3
Euris × MIB 496	selekcja	Null	9,2	3,9	1,3	6,6	6,6	1,3	0,0	3,9	10,5	0,0	7,9	6,6
	selekcja	A1	42,2	35,6	7,8	13,2	63,2	9,1	1,3	27,6	56,7	0,0	59,2	26,3
Euris × MIB 496	losowy	Null	8,8	18,4	2,2	19,1	8,1	2,2	1,5	11,0	16,9	6,6	16,9	5,9
	random	A1	14,7	49,3	6,6	41,2	28,7	0,7	0,0	28,7	41,9	14,0	41,2	15,4
	selekcja	Null	5,3	16,8	0,8	14,5	8,4	0,0	0,8	9,2	13,0	1,5	19,1	2,3
	selekcja	A1	18,3	54,2	4,6	39,7	36,6	0,8	4,6	39,7	32,7	18,3	52,7	6,1

A — niska; low

B — średnia; medium

C — wysoka; high

Równocześnie zwrócono szczególną uwagę jak selekcja zmienia wzajemne proporcje w poszczególnych klasach wartości cechy. Porównanie struktury populacji osobników wybranych losowo i uzyskanych na drodze selekcji pozwala stwierdzić zarysowujący się ukierunkowany wpływ selekcji na częstotliwość genów warunkujących podjednostki 1 i 2 w przypadku MTZ, PZK i PZBO. Zarówno dla MTZ jak i PZBO obserwowano zmniejszenie udziału wariantów kodujących w grupie osobników o najwyższych wartościach cech we wszystkich kombinacjach z wyjątkiem Euris × Astron. W przypadku MTZ efekt równoważenia tego trendu był widoczny w klasie średnich wartości cechy, w których liczebność osobników z wariantem kodującym wyraźnie wzrosła, natomiast

w przypadku PZBO efekt taki obserwowano zarówno w klasie niskich jak i średnich wartości cechy.

Inaczej zachowują się badane populacje mieszańcowe pod względem PZK. W czterech spośród sześciu badanych kombinacji obserwowano wzrost liczebności wariantów kodujących w klasie o najwyższej wartości, a spadek w klasach o niskich i średnich wartościach cechy.

Trudno byłoby natomiast wnioskować o jednoznacznie ukierunkowanym wpływie selekcji na częstotliwość genów warunkujących gluteniny HMW w przypadku LS. Obserwując zmiany pod wpływem selekcji stwierdzono w przypadku jednej kombinacji krzyżowań wzrost, w dwóch spadek a w trzech brak zmiany liczebności genotypów z wariantem kodującym w klasie najwyższych wartości cechy.

DYSKUSJA

Związek bloków białek zapasowych z cechami użytkowymi pszenicy był przedmiotem wielu prac badawczych. Ich strategia najczęściej polegała na określeniu zróżnicowania średnich wartości badanych cech pomiędzy grupami genotypów, w których uprzednio identyfikowano odmienne warianty białkowe kodowane genami należącymi do jednej serii alleli wielokrotnych (Branlard i Dardevet, 1985; Payne i in. 1987; Węgrzyn i Waga, 1999). Podobne zależności badano w opisanym doświadczeniu jednakże zastosowano odmienne podejście do tego problemu. Badane populacje mieszańcowe poddano selekcji według kryteriów stosowanych na najwcześniejszym etapie hodowli zbóż (pokrój rośliny, odporność na choroby). W następnej kolejności oceniano jak presja selekcyjna wpływa na częstotliwość allelicznych wariantów glutenin HMW kodowanych chromosomem 1A. Analizowano więc zmiany w strukturze populacji mieszańcowych i stwierdzono, że modyfikacje puli genowej mogą wynikać ze związku między białkami a cechami użytkowymi. Uzyskano także informacje jak zmienia się częstotliwość wariantów kodujących podjednostki *Glu A1-1* i *Glu A1-2* w grupach mieszańców o niskich, średnich i wysokich wartościach rozpatrywanych cech użytkowych.

Okazało się, że selekcja na wczesnych etapach hodowli ogranicza udział genotypów zawierających warianty kodujące wśród mieszańców o najwyższej MTZ i PZBO. Wynik taki do pewnego stopnia tłumaczy, dlaczego wśród polskich odmian i rodów występuje znaczna przewaga form zawierających wariant *Glu A1-null*. Wczesny wybór genotypów o korzystnych wartościach tych dwóch cech może — w późniejszych etapach hodowli — automatycznie ograniczać ilościowy udział genotypów zawierających warianty kodujące. Obserwowany efekt jest prawdopodobnie wynikiem sprzężenia, a to utrudnia selekcję form o wysokiej MTZ i PZBO oraz zawierających jednocześnie korzystne z punktu widzenia technologii warianty *Glu A1-1* i *Glu A1-2*. Przypuszczalnie uzyskanie takich genotypów jest możliwe na drodze identyfikacji rekombinantów, w których nastąpiło połączenie korzystnych genów w wyniku crossing-over.

Takie ograniczenia nie powinny występować w przypadku PZK, co sugeruje fakt zwiększenia procentowego udziału podjednostek 1 i 2 w grupie mieszańców o najwyższych wartościach tej cechy.

Warto podkreślić, iż nie zawsze obecność wariantu *Glu A1*-null jest czynnikiem pogarszającym właściwości technologiczne. Bardzo mocny gluten i duża energia ciasta pogarszają niekiedy jego właściwości elastyczne, co w znacznym stopniu utrudnia wypiek. Wprowadzenie null wariantu białek gluteninowych do form pszenicy o takich właściwościach reologicznych może przyczyniać się do ukształtowania właściwości fizykochemicznych glutenu na optymalnym poziomie, co wyraźnie poprawia przydatność mąki dla potrzeb produkcji (Rogers i in., 2001).

Wartość uzyskanych informacji jest tym większa, iż doświadczenie prowadzono zgodnie z metodą stosowaną w praktycznym procesie hodowlanym, stąd uzyskane wyniki wydają się być silniej osadzone w realiach praktycznej hodowli niż badania realizowane wcześniej. Można przypuszczać, iż kontynuacja tych badań pozwoli w przyszłości opracować nową strategię hodowli z wykorzystaniem bloków białek zapasowych jako markerów biochemicznych cech użytkowych, w której istotnym elementem będą: ocena biometryczna, biochemiczna i elektroforetyczna.

WNIOSKI

1. Presja selekcyjna u większości kombinacji mieszańcowych spowodowała nieznaczne zwiększenie liczebności genotypów zawierających wariant kodujący. Wyraźnie korzystny wpływ selekcji odnotowano dla kombinacji Euris × Astron.
2. Selekcja ograniczyła udział genotypów zawierających warianty kodujące wśród mieszańców o najwyższej masie 1000 ziaren i wysokiej zawartości białka ogółem.
3. Wpływ selekcji na częstotliwość wariantów kodujących powiązanych z liczbą sedimentacji nie jest jednoznaczny i zależy od kombinacji mieszańcowej.
4. Stwierdzono brak istotnego wpływu selekcji na częstotliwość *Glu A1*-1 lub 2 oraz *Glu A1*-null w przypadku plonu ziarna z kłosa. Dla obu grup pojedynków (losowych i selekcionowanych) odnotowano znaczny udział wariantów kodujących.

LITERATURA

- Branlard G., Dardevet M. 1985. Diversity of grain protein and bread wheat quality. II. Correlation between high molecular subunits and flour quality characteristics. *J. Cereal Sci.* 3: 345 — 354.
- Gianibelli M. C., Larroque O. R., MacRitchie F., Wrigley C. W. 2001. Biochemical, genetic and molecular characterization of wheat glutenin and its component subunits. *Cereal Chem.* 78 (6): 635 — 646.
- Halford N. G., Field J. M., Blair H., Urwin P., Moore K., Robert L., Thompson R., Flavell R. B., Tatham A. S., Shewry P. R. 1992. Analysis of HMW glutenin subunits encoded by chromosome 1A of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) indicates quantitative effects on grain quality. *Theor. Appl. Genet.* 83: 373 — 378.
- Kączkowski J. 2002. Nowe poglądy na strukturę i funkcje białek zapasowych zbóż na przykładzie pszenicy (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 3 — 31.
- Lafiandra D., Splendido R., Tomassini C., Porceddu E. 1985. Lack of expression of certain storage proteins in bread wheats; distribution and genetic analysis of null forms. In: Laszity R., Bekes F. (eds.). *Proceedings from 3rd International Workshop on Gluten Proteins*. Singapore: World Scientific Publishing: 71 — 90.
- Laemmli V. K. 1970. Cleavage of structural proteins during assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature* 227: 680 — 685.
- MacRitchie F., du Cros D. L., Wrigley C. W. 1990. Flour polypeptides related to wheat quality. *Adv. Cereal Sci. Technol.* 10: 79 — 145.

- Payne P. I., Lawrence G. J. 1983. Catalogue of alleles for the complex gene loci *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Res. Commun.* 11/1: 29 — 35.
- Payne P. I., Holt L. M., Jackson E. A., Law C. N. 1984. Wheat storage proteins: Their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. *Phill. Trans. Royal. Soc. London B* 304: 259 — 371.
- Payne P. I., Nightingale M. A., Krattiger A. F., Holt L. M. 1987. The relationship between HMW glutenin subunits composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. *J. Sci. Food Agric.* 40: 51 — 65.
- Popineau Y., Cornec M., Lefebvre J., Marchylo B. 1994. Influence of high *Mr* glutenin subunits on gluten polymers and rheological properties of glutes and gluten sub-fractions of near-isogenic lines of wheat Sicco. *J. Cereal Sci.* 19: 231 — 241.
- Rogers W. J., Sayers E. J., Ru K. L. 2001. Deficiency of individual high molecular weight glutenin subunits affords flexibility in breeding strategies for bread-making quality in wheat *Triticum aestivum* L. *Euphytica* 117: 99 — 109.
- Waga J. 1997. Polimorfizm białek gliadynowych i gluteninowych a jakość pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 204: 205 — 218.
- Waga J. 2000. Syntetyczna metoda klasyfikacji białek gliadynowych. *Biul. IHAR* 215:35 — 60.
- Węgrzyn S., Waga J. 1999. Powiązanie białek gluteninowych ze zmiennością ważniejszych cech użytkowych odmian i rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 211: 55 — 69.
- Zeleny L., Greenway W. T., Gurney G. M., Fifield C. C., Lebsock K. L. 1960. Sedimentation value as the index of dough mixing characteristics in early-generation wheat selections. *Cereal Chem.* 37: 67.

JACEK WAGA

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Dziedziczenie wybranych frakcji białek gliadynowych u mieszańców orkiszu z pszenicą zwyczajną

Inheritance of certain gliadin proteins in spelt and common wheat hybrid genotypes

Analizowano dziedziczenie frakcji białkowych należących do grupy β -gliadyn u odmian i rodów pszenicy ozimej z kolekcji Zakładu Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż IHAR w Krakowie (ZOJiMHZ). Dwie linie orkiszu: kbh-sp1 i kbh-sp2 krzyżowano z dwoma formami pszenicy zwyczajnej — rodem LAD 480 i odmianą Flair. Obrazy elektroforetyczne rodziców różniły się między sobą w strefie β -gliadyn. Analizowano częstotliwość występowania różnych kombinacji frakcji białkowych u mieszańców F_2 . Zidentyfikowano sześć bloków gliadyn: cztery kodowane chromosomem 6B i dwa kodowane chromosomem 6D. Wyniki testu χ^2 potwierdziły, że bloki należące do poszczególnych grup chromosomowych są allelicznymi wariantami genów zlokalizowanych na chromosomach 6B i 6D. Obliczono wartości wskaźnika R_m dla wszystkich prążków wchodzących w skład zidentyfikowanych bloków, na podstawie których włączono je do utworzonego wcześniej katalogu białek gliadynowych.

Słowa kluczowe: analiza elektroforetyczna, β -gliadyny, dziedziczenie białek gliadynowych, katalog bloków białek gliadynowych

Inheritance of some β -gliadin protein fractions observed in Polish winter wheat cultivars and strains was analyzed. Two cross combinations: kbh-sp1 $\times$ LAD 480 and kbh-sp2 $\times$ Flair were made. Lines kbh-sp1 and kbh-sp2 were the biotypes selected from spelt cultivar Oberkummmler Rotkorn, and LAD 480 and Flair were the genotypes of common wheat. Parental forms differed from each other in β -gliadins. A frequency of different β -gliadin combinations in F_2 generation was estimated, and six blocks: four coded by chromosome 6B and two coded by chromosome 6D, were identified. Results of χ^2 test confirmed the hypothesis that blocks belonging to particular chromosome groups are inherited as single Mendelian units. R_m values were calculated for all electrophoretic bands belonging to the identified blocks. New blocks were included to the existent catalogue of gliadin proteins.

Key words: electrophoretic analysis, β -gliadins, inheritance of gliadin proteins, catalogue of gliadin protein blocks

WSTĘP

Białka zapasowe pszenicy należące do grupy prolamin (gliadyny i gluteniny są zbudowane z polipeptydów o różnej masie cząsteczkowej i ładunku elektrycznym. Analiza elektroforetyczna dzieli je na frakcje i podjednostki, które tworzą specyficzne kombinacje powiązane z cechami użytkowymi, głównie jakością technologiczną (Waga, 1997). Dzięki temu obrazy elektroforetyczne są wykorzystywane w hodowli jako markery biochemiczne cech jakościowych, a także — z uwagi na znaczny polimorfizm białek zapasowych — do identyfikacji materiałów hodowlanych, badania tożsamości odmianowej i wyrównania genetycznego (Payne i in., 1980; Brzeziński, 2003).

Istotną rolę w wymienionych aplikacjach odgrywa interpretacja obrazów elektroforetycznych uwzględniająca zasady dziedziczenia białek zapasowych pszenicy. Geny warunkujące syntezę gliadyn i glutenin skupione są w obrębie loci zlokalizowanych na chromosomach pierwszej i szóstej grupy homeologicznej (Payne i in., 1984). W przypadku gliadyn zidentyfikowano sześć, a w przypadku glutenin — trzy takie loci. Każdy locus składa się z kilku silnie sprzężonych genów, rzadko ulegających rozszczepieniu w wyniku crossing-over. Na skutek mutacji nieletalnych loci białek zapasowych ulegały różnicowaniu. W efekcie powstały serie alleli wielokrotnych, których produktami ekspresji są liczne, zróżnicowane pod względem budowy fizykochemicznej, polipeptydy tworzące prążki obrazu elektroforetycznego. Grupę prążków kodowanych jednym allelem określa się mianem bloku białkowego.

Prawidłowa identyfikacja glutenin wysokocząsteczkowych nie przysparza większych problemów. Tworzą je na ogół pary prążków występujące w łatwych do odróżnienia kombinacjach (Payne i Lawrence, 1983). Bardziej złożonym problemem jest interpretacja gliadyn. Wynika to zarówno z większej liczby zidentyfikowanych bloków, jak również większej liczby prążków w obrębie poszczególnych bloków (od jednego do sześciu). Problem dodatkowo komplikuje nakładanie się frakcji o jednakowej masie i ładunku, lecz kodowanych różnymi chromosomami. W szczególności dotyczy to białek z grupy β i γ -gliadyn (Sozinov, 1987).

Opisane bloki zebrane są w katalogach. Dwa z nich zasługują na szczególną uwagę. Pierwszy, historycznie wcześniejszy katalog Poperelli, został opracowany z początkiem lat osiemdziesiątych i służył do interpretacji rozdziałów elektroforetycznych na żelu skrobiowym (Sozinov i Poperella, 1980). Drugi, opracowany przez Metakovsky'ego, powstał w latach dziewięćdziesiątych jako efekt kontynuacji badań Poperelli z wykorzystaniem elektroforezy na żelu poliakryloamidowym. (Metakovsky, 1991). Jego zastosowanie do oceny zróżnicowania gliadyn u różnych form pszenicy często bywa jednak utrudnione z uwagi na znaczną liczebność wariantów białkowych nieznacznie różniących się między sobą lokalizacją pojedynczych prążków bądź intensywnością ich wybarwienia w żelu. Ponadto odmiany i rody pszenicy ozimej badane w Polsce często zawierają frakcje specyficzne, nie ujęte w katalogu. Stąd też bezpośrednie porównanie zilustrowanych w nim schematów z prążkami obserwowanymi na obrazie elektroforetycznym, i używanie symboli zamieszczonych w katalogu, może niekiedy prowadzić do błędów interpretacji. W ZOJiMHZ podjęto próbę opracowania własnej

metody identyfikacji gliadyn, a jej zasady przedstawiono w jednej z wcześniejszych prac (Waga, 2000). Gliadyny identyfikowano porównując obrazy elektroforetyczne odmian i rodów pszenicy różniących się pojedynczymi frakcjami białkowymi. Na tej podstawie opisano grupy prążków różnicujących badane genotypy, które prawdopodobnie wchodziły w skład bloków gliadyn. Obecnie poszerzono zakres badań nad identyfikacją bloków o analizę genetyczną mieszańcowego potomstwa F_2 uzyskanego z form pszenicy różniących się wzorcami obrazów elektroforetycznych. Jej wyniki są dowodem przemawiającym za poprawnością klasyfikacji rozpatrywanych frakcji białkowych.

Celem niniejszej pracy było stwierdzenie, które prążki elektroforetyczne z grupy β -gliadyn, obserwowane u czterech form pszenicy z kolekcji ZOJiMHZ, tworzą bloki białkowe kodowane allelicznymi wariantami jednego genu, a które są kodowane genami zlokalizowanymi na różnych chromosomach.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

Badano dwie populacje mieszańcowe F_2 pszenicy ozimej. Komponentami rodzicielskimi w wykonanych kombinacjach krzyżowań były dwa biotypy orkisz, uzyskane drogą selekcji z odmiany Oberkummler Rotkorn (oznaczone symbolami kbh-sp1 i kbh-sp2) oraz dwie formy pszenicy zwyczajnej: ród LAD 480 oraz odmiana Flair. Wymienione formy różniły się składem frakcji gliadynowych. W 2002 roku wykonano następujące kombinacje krzyżowań:

1. kbh-sp 1 $\times$ LAD 480
2. kbh-sp 2 $\times$ Flair

W roku 2003 zebrano rośliny pokolenia F_1 , a uzyskane z nich ziarniaki należące do pokolenia F_2 badano metodą rozdzielania elektroforetycznego.

Elektroforeza

W badaniach wykorzystano metodę elektroforezy kwaśnej (A-PAGE) opracowaną przez Bushuka i Zillmana, dostosowaną do warunków laboratorium ZOJiMHZ w Krakowie (Bushuk i Zillmann, 1978). Białka ekstrahowano 70% roztworem etanolu przez całą dobę i rozdzielano na żelu poliakryloamidowym w buforze mleczanowo-glinowym o pH = 3,1.

Dla każdej kombinacji analizowano po 300 ziarniaków. W analizie dziedziczenia gliadyn wykorzystano 212 obrazów elektroforetycznych potomstwa kbh-sp1 $\times$ LAD 480 oraz 282 obrazy elektroforetyczne potomstwa kbh-sp2 $\times$ Flair.

Charakterystyka β -gliadyn

W analizie uwzględniono tylko te frakcje, które w sposób jednoznaczny różnicowały komponenty rodzicielskie w strefie β obrazu elektroforetycznego.

Rozpatrywane prążki oznaczono symbolami składającymi się z litery pochodzącej od formy pszenicy użytej do krzyżowań („O” dla linii orkisz, „L” dla rodu LAD 480, „F” dla odmiany Flair) oraz indeksu. Pierwsza cyfra tego indeksu oznacza numer kombinacji (zgodnie z oznaczeniem w akapicie „Materiał roślinny”), natomiast druga numer prążka. Prążki numerowano zgodnie z kierunkiem migracji cząstek w żelu, a więc frakcje położone

wyżej na obrazie elektroforetycznym (migrujące wolniej) otrzymywały niższe wartości indeksu, natomiast frakcje położone niżej (migrujące szybciej) wartości wyższe. Np. prążek należący do linii kbh-sp1 zlokalizowany w górnej strefie β -gliadyn (migrujący wolniej) oznaczono symbolem $O_{1.1}$, natomiast podobnie zlokalizowany prążek rodu LAD 480 — „ $L_{1.1}$ ”.

Identyfikacja bloków białkowych

Mieszańce pokolenia F_2 dzielono na grupy. Osobniki włączone do jednej grupy zawierały identyczne kombinacje prążków natomiast osobniki należące do różnych grup różniły się pod względem tej cechy. Określono liczebność genotypów w poszczególnych grupach, a następnie porównywano je ze stosunkami rozszczepień teoretycznie oczekiwanymi dla jednej i dwóch par genów. Dla dwóch alleli jednego genu kodującego gliadyny, które dziedziczą się w sposób pośredni oczekiwano rozszczepienia w stosunku 1:2:1, natomiast dla dwóch par genów 1:2:1:2:4:2:1:2:1. W przypadkach, w których specyficzna kombinacja prążków elektroforetycznych utrudniała jednoznaczne odróżnienie typu homozygoty od heterozygoty łączono te dwie klasy w jedną. Wówczas teoretyczny stosunek rozszczepień zmieniał się z 1:2:1 na 3:1 oraz z 1:2:1:2:4:2:1:2:1 na 3:6:3:1:2:1 odpowiednio dla jednej i dwóch par genów. Zgodność teoretycznie oczekiwanych stosunków rozszczepień obrazów elektroforetycznych z rozszczepieniami obserwowanymi w doświadczeniu testowano na podstawie χ^2 .

Grupy prążków wchodzących w skład bloków białkowych wprowadzono do utworzonego wcześniej katalogu (Waga, 2000). Symbole genów kodujących gliadyny użyte w niniejszej pracy są zgodne z powszechnie obowiązującymi w nomenklaturze międzynarodowej (np. *Gli B1* to locus na chromosomie *1B* natomiast *Gli B2* — locus na chromosomie *6B*) (Mc Intosh, 1983). Zidentyfikowane bloki oznaczano numerami katalogowymi. Przykładowo, symbol *Gli B2-1* oznacza pierwszy blok kodowany chromosomem *6B*.

Dla wszystkich analizowanych prążków elektroforetycznych obliczono wskaźniki R_m , na podstawie których wprowadzono je do katalogu bloków białkowych z grupy β -gliadyn.

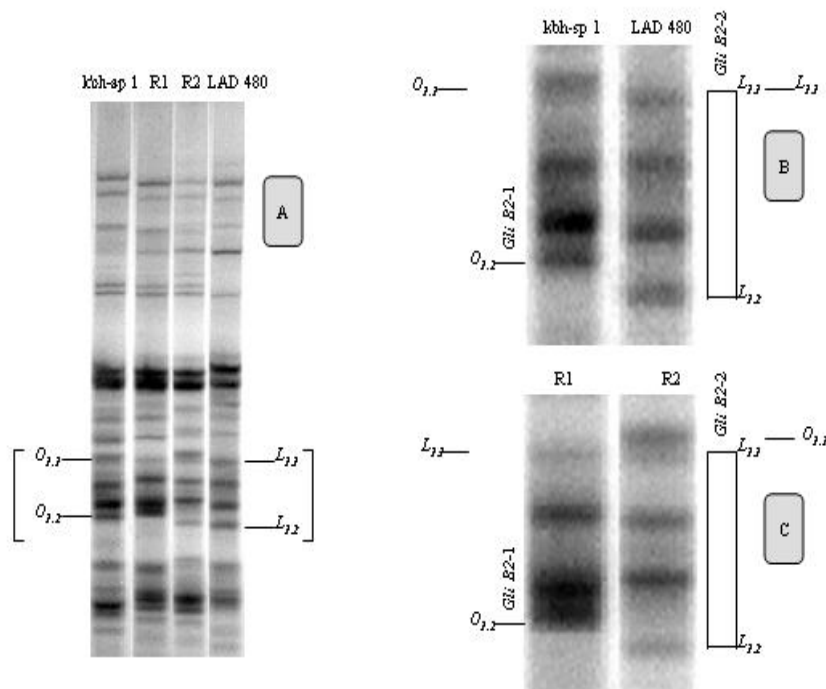
WYNIKI

Kombinacja kbh-sp 1 $\times$ LAD 480

Formy rodzicielskie użyte do krzyżowań — linia kbh-sp1 i ród LAD 480 — różniły się między sobą gliadynami w strefie beta obrazu elektroforetycznego. Frakcje białkowe oznaczono symbolami: $O_{1.1}$, $O_{1.2}$ (linia kbh-sp1) oraz $L_{1.1}$, $L_{1.2}$ (ród LAD 480) (rys. 1 a i b). Dwa niespecyficzne prążki zlokalizowane pomiędzy wyżej wymienionymi, obecne zarówno w linii kbh-sp1, jak i u rodu LAD 480, zostały pominięte w analizie genetycznej.

Wzorując się na katalogu Metakovsky'ego przyjęto założenie, iż prążki zlokalizowane w górnej strefie β -gliadyn ($O_{1.1}$ i $L_{1.1}$) są kodowane chromosomem *6D*, natomiast położone niżej ($O_{1.2}$ i $L_{1.2}$) — chromosomem *6B*. We wszystkich genotypach mieszańcowych zawierających $L_{1.2}$ pojawiał się również $L_{1.1}$ co sugeruje, że tworzą one blok białkowy. Z kolei $L_{1.1}$ obserwowano zarówno w połączeniu z $L_{1.2}$, jak i $O_{1.2}$. Przypuszczalnie prążek $L_{1.1}$ składa się z dwóch zachodzących na siebie frakcji białkowych kodowanych dwoma

genami na chromosomach 6B i 6D. Przemawia za tym obraz rekombinantów łączących w jednym osobniku frakcje obu rodziców — $L_{1.1}iO_{1.2}$ (rys. 1 a i 1 c). W takich genotypach $L_{1.1}$ był słabiej wybarwiony niż, gdy występował wspólnie z $L_{1.2}$ (jak ma to miejsce w formie rodzicielskiej LAD 480). Świadczy to o obniżonej zawartości białka frakcji $L_{1.1}$, która w genotypie rekombinanta jest produktem ekspresji jednego genu, a w formie rodzicielskiej — dwóch genów.



A. Obraz elektroforetyczny gliadyn komponentów rodzicielskich i rekombinantów (R1 i R2). Analizowane frakcje białkowe w strefie β -gliadyn zaznaczono ramkami. B. Powiększenie fragmentu obrazu elektroforetycznego zawierającego frakcje β -gliadyn charakterystyczne dla komponentów rodzicielskich. C. Powiększenie fragmentu obrazu elektroforetycznego zawierającego frakcje β -gliadyn charakterystyczne dla rekombinantów

Rys. 1. Obrazy elektroforetyczne gliadyn obserwowane w potomstwie F_2 kombinacji krzyżowań kbh-sp $1 \times$ LAD 480. Symbole prążków elektroforetycznych i bloków białkowych opisano w tekście

A. Electrophoregrams of parental forms and two recombinant genotypes (R1 and R2). Analyzed β -gliadin fractions are marked by the frames. B. Enlargement of β -gliadin fractions observed in parental forms. C. Enlargement of β -gliadin fractions observed in recombinant genotypes

Fig. 1. Gliadin protein patterns of F_2 single kernels obtained from the combination kbh-sp1 $\times$ LAD 480. Symbols of protein bands and blocks are described in the text

Analizując badaną populację mieszańcową pod względem obecności lub braku prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ i $O_{1.2}$, wyodrębniono trzy klasy genotypów:

- zawierających parę prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$, nie zawierających prążka $O_{1.2}$,
- zawierających prążek $O_{1.2}$, nie zawierających pary prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$,

- zawierających parę prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ oraz prążek $O_{1.2}$.
Rozpatrując prążki $L_{1.1}$ i $O_{1.1}$ wyodrębniono również trzy klasy genotypów:
- zawierających prążek $L_{1.1}$, nie zawierających prążka $O_{1.1}$,
- zawierających prążek $O_{1.1}$, nie zawierających prążka $L_{1.1}$,
- zawierających prążki $O_{1.1}$ i $L_{1.1}$.

Założono więc hipotezę, iż:

- para prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ oraz prążek $O_{1.2}$ tworzą dwa odrębne bloki białkowe kodowane dwoma allelicznymi wariantami genu zlokalizowanego przypuszczalnie na chromosomie *6B* (locus *Gli B2*). Genotypy zawierające parę prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ są homozygotami typu LAD 480, genotypy zawierające prążek $O_{1.2}$ są homozygotami typu kbh-sp1, natomiast genotypy zawierające parę prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ i $O_{1.2}$ są heterozygotami;
- prążki $L_{1.1}$ i $O_{1.1}$ są kodowane dwoma allelicznymi wariantami genu zlokalizowanego przypuszczalnie na chromosomie *6D* (locus *Gli D2*). Genotypy zawierające prążek $L_{1.1}$ są homozygotami typu LAD 480, genotypy zawierające prążek $O_{1.1}$ są homozygotami typu kbh-sp1, natomiast genotypy zawierające parę prążków $L_{1.1}$ i $O_{1.1}$ są heterozygotami.

Celem weryfikacji założonej hipotezy porównywano zgodność liczebności genotypów obserwowanych w trzech klasach mieszańców z teoretycznie oczekiwanym stosunkiem rozszczepień 1:2:1 dla jednej pary genów i testowano za pomocą χ^2 (tab. 1 i 2).

Wysoka wartość testu w obu przypadkach nie pozwoliła uznać prawdziwości założonej hipotezy, dlatego też w następnej kolejności grupę mieszańców heterozygotycznych przyłączano kolejno do mieszańców reprezentujących homozygoty typu kbh-sp1, a następnie do homozygot typu LAD 480. Liczebność nowo utworzonych grup genotypów porównywano z teoretycznie oczekiwanym rozkładem 3:1 i testowano za pomocą χ^2 (tab. 1 a, 1 b, 2 a i 2 b).

Tabela 1

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.2}$ oraz $L_{1.1} + L_{1.2}$ w potomstwie F_2 kombinacji kbh-sp1 $\times$ LAD 480
Test χ^2 for gliadins $O_{1.2}$ and $L_{1.1} + L_{1.2}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination kbh-sp1 $\times$ LAD 480

Grupy genotypów Groups of genotypes	Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
1	O _{1,2}	1	53	62	2,151	0,3–0,5
2	O _{1,2} + (L _{1,1} +L _{1,2})	2	106	98		
3	L _{1,1} +L _{1,2}	1	53	52		
		212	212			

Tabela 1 a

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.2}$ oraz $L_{1.1} + L_{1.2}$ w potomstwie F_2 kombinacji $kbh-sp1 \times Lad\ 480$ po połączeniu 1. i 2. grupy genotypów

Test χ^2 for gliadins $O_{1.2}$ and $L_{1.1} + L_{1.2}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination $kbh-sp1 \times LAD\ 480$ when first and second group of genotypes were joined together

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$2 \times O_{1.2} + (L_{1.1} + L_{1.2})$	3	159	160	0,024	0,8–0,9
$L_{1.1} + L_{1.2}$	1	53	52		
		212	212		

Tabela 1 b

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.2}$ oraz $L_{1.1} + L_{1.2}$ w potomstwie F_2 kombinacji $kbh-sp1 \times Lad\ 480$ po połączeniu 2. i 3. grupy genotypów

Test χ^2 for gliadins $O_{1.2}$ and $L_{1.1} + L_{1.2}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination $kbh-sp1 \times LAD\ 480$ when second and third group of genotypes were joined together

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$O_{1.2} + 2 \times (L_{1.1} + L_{1.2})$	3	159	150	2,037	0,1–0,2
$O_{1.2}$	1	53	62		
		212	212		

Tabela 2

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.1}$ oraz $L_{1.1}$ w potomstwie F_2 kombinacji $kbh-sp1 \times Lad\ 480$

Test χ^2 for gliadins $O_{1.1}$ and $L_{1.1}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination $kbh-sp1 \times LAD\ 480$

Grupy genotypów Groups of genotypes	Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
1	$L_{1.1}$	1	53	48	5,17	0,05–0,1
2	$L_{1.1} + O_{1.1}$	2	106	122		
3	$O_{1.1}$	1	53	42		
			212	212		

Tabela 2 a

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.1}$ oraz $L_{1.1}$ w potomstwie F_2 kombinacji $kbh-sp1 \times Lad\ 480$ po połączeniu 1. i 2. grupy genotypów

Test χ^2 for gliadins $O_{1.1}$ and $L_{1.1}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination $kbh-sp1 \times LAD\ 480$ when first and second group of genotypes were joined together

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$2 \times L_{1.1} + O_{1.1}$	3	159	170	3,044	0,05–0,01
$O_{1.1}$	1	53	42		
		212	212		

Tabela 2 b

Test χ^2 dla gliadyn $O_{1.1}$ oraz $L_{1.1}$ w potomstwie F_2 kombinacji $kbh-sp1 \times Lad\ 480$ po połączeniu 2. i 3. grupy genotypów

Test χ^2 for gliadins $O_{1.1}$ and $L_{1.1}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination $kbh-sp1 \times LAD\ 480$ when second and third group of genotypes were joined together

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$L_{1.1} + 2 \times O_{1.1}$	3	159	164	0,629	0,3-0,5
$L_{1.1}$	1	53	48		
		212	212		

Wysoką zgodność dla prążków $L_{1.1}+L_{1.2}$ i $O_{1.2}$ ($p = 0,8-0,9$) uzyskano, gdy heterozygoty połączono z homozygotami typu $kbh-sp1$ (tab. 1 a). W przypadku prążków $L_{1.1}$ i $O_{1.1}$ niższą wartość χ^2 uzyskano po przyłączeniu grupy heterozygot do homozygot typu LAD 480 (tab. 2 b). Niemniej jednak prawdopodobieństwo zgodności z oczekiwanym stosunkiem 3:1 było wciąż zbyt niskie ($p = 0,3-0,5$), by w sposób jednoznaczny przyjąć, iż rozpatrywane frakcje gliadynowe są allelicznymi wariantami jednego genu, a więc blokami białkowymi.

Można więc oczekiwać, iż w przypadku rozpatrywanej kombinacji krzyżowań jedynie para $L_{1.1} + L_{1.2}$ oraz prążek $O_{1.2}$ są allelicznymi wariantami jednego genu (prawdopodobnie zlokalizowanego na chromosomie 6B), a tym samym, że tworzą one bloki białkowe. Nadano im symbole:

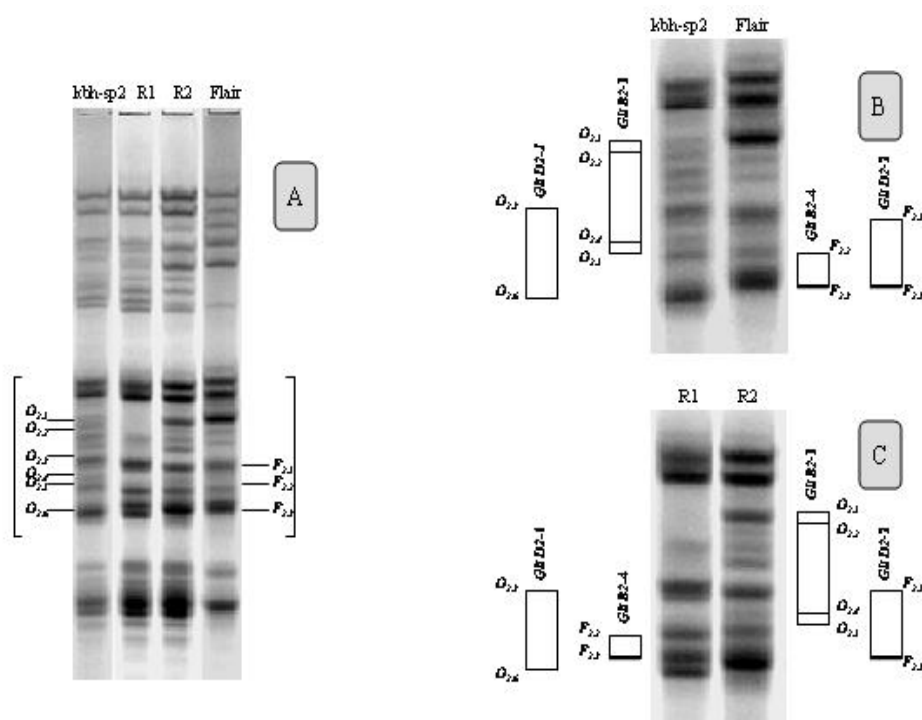
- frakcja $O_{1.2}$ — blok *Gli B2-1*,
- frakcje $L_{1.1}+L_{1.2}$ — blok *Gli B2-2*.

Kombinacja $kbh-sp2 \times Flair$

Formy rodzicielskie w drugiej kombinacji krzyżowań — linia $kbh-sp2$ i odmiana Flair — także różniły się układem prążków elektroforetycznych w strefie β -gliadyn. Oznaczono je symbolami: $O_{2.3}$, $O_{2.4}$, $O_{2.5}$ i $O_{2.6}$ (linia $kbh-sp2$) oraz $F_{2.1}$, $F_{2.2}$, $F_{2.3}$ (odmiana Flair) (rys. 2 a i b). Stwierdzono, iż w pokoleniu F_2 prążki $O_{2.4}$ i $O_{2.5}$ występowały razem zarówno w kombinacji z $O_{2.3}$ i $O_{2.6}$ (podobnie jak w linii rodzicielskiej $kbh-sp2$) jak i z $F_{2.1}$ i $F_{2.3}$ (tworząc układ jakiego można oczekiwać w przypadku genotypu rekombinantów). Ponadto obserwowano, iż wspomniana para $O_{2.4}$ i $O_{2.5}$ występowała zawsze w połączeniu z dwoma prążkami zlokalizowanymi w strefie γ -gliadyn oznaczonymi jako $O_{2.1}$ i $O_{2.2}$. Z kolei para prążków $F_{2.2}$ i $F_{2.3}$ występowała zarówno w połączeniu z $F_{2.1}$ i $F_{2.3}$ (jak u formy rodzicielskiej Flair) jak i z prążkami $O_{2.3}$ i $O_{2.6}$ (genotyp rekombinantów) (rys. 2 c). Spostrzeżenia te mogą sugerować, iż prążek $F_{2.3}$ tworzą dwie "nakładające się" frakcje białkowe kodowane dwoma różnymi genami, a także że bloki białkowe tworzą grupy prążków: $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ i $F_{2.2}+F_{2.3}$ (przypuszczalnie dwa alleliczne warianty genu na chromosomie 6B) oraz $O_{2.3}+O_{2.6}$ (przypuszczalnie dwa allele genu na chromosomie 6D).

Analizując mieszańce F_2 pod względem obecności lub braku prążków $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ oraz $F_{2.2}+F_{2.3}$, wyodrębniono dwie klasy genotypów:

- zawierających $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ oraz $F_{2.2}+F_{2.3}$. Mieszańce zawierające obie grupy prążków połączono w jedną z uwagi na nakładanie się $O_{2.5}$ i $F_{2.2}$,
- zawierających $F_{2.2}+F_{2.3}$ i nie zawierających $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$.



A. Obraz elektroforetyczny gliadyn komponentów rodzicielskich i rekombinantów (R1 i R2). Analizowane frakcje białkowe w strefie β -gliadyn zaznaczono ramkami. B. Powiększenie fragmentu obrazu elektroforetycznego zawierającego frakcje β -gliadyn charakterystyczne dla komponentów rodzicielskich. C. Powiększenie fragmentu obrazu elektroforetycznego zawierającego frakcje β -gliadyn charakterystyczne dla rekombinantów

Rys. 2. Obrazy elektroforetyczne gliadyn obserwowane w potomstwie F_2 kombinacji krzyżowań kbh-sp2 $\times$ Flair. Symbole prążków elektroforetycznych i bloków białkowych opisano w tekście

A. Electrophoregrams of parental forms and two recombinant genotypes (R1 and R2). Analyzed β -gliadin fractions are marked by the frames. B. Enlargement of β -gliadin fractions observed in parental forms. C. Enlargement of β -gliadin fractions observed in recombinant genotypes

Fig. 2. Gliadin protein patterns of F_2 single kernels obtained from the combination kbh-sp2 $\times$ Flair. Symbols of protein bands and blocks are described in the text

Z kolei rozpatrując grupy prążków $O_{2.3}+O_{2.6}$ i $F_{2.1}+F_{2.3}$ wyodrębniono trzy klasy mieszańców:

- zawierających $O_{2.3}+O_{2.6}$, nie zawierających $F_{2.1}+F_{2.3}$,
- zawierających $F_{2.1}+F_{2.3}$, nie zawierających $O_{2.3}+O_{2.6}$,
- zawierających $O_{2.3}+O_{2.6}$ i $F_{2.1}+F_{2.3}$.

Założono hipotezę, iż:

- grupa prążków $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ oraz para $F_{2.2}+F_{2.3}$ są kodowane dwoma allelicznymi wariantami genu zlokalizowanego przypuszczalnie na chromosomie 6B (locus *Gli B2*). Genotypy zawierające prążki $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ i $F_{2.2}+F_{2.3}$ obejmują

homozygoty typu kbh-sp2 i heterozygoty, natomiast genotypy zawierające $F_{2.2}+F_{2.3}$ są homozygotami typu Flair,

- pary prążków $O_{2.3}+O_{2.6}$ i $F_{2.1}+F_{2.3}$ są kodowane dwoma allelicznymi wariantami genu zlokalizowanego przypuszczalnie na chromosomie 6D (locus *Gli D2*). Genotypy zawierające parę prążków $O_{2.3}+O_{2.6}$ są homozygotami typu kbh-sp2, genotypy zawierające parę prążków $F_{2.1}+F_{2.3}$ są homozygotami typu Flair natomiast genotypy zawierające $O_{2.3}+O_{2.6}$ i $F_{2.1}+F_{2.3}$ są heterozygotami.

Celem weryfikacji założonej hipotezy porównywano zgodność liczebności genotypów obserwowanych w trzech klasach mieszańców z teoretycznie oczekiwanym dla jednej pary genów stosunkiem rozszczepień 3:1 w pierwszym i 1:2:1 w drugim przypadku i testowano za pomocą χ^2 (tab. 3 i 4).

Tabela 3

Test χ^2 dla gliadyn $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ oraz $F_{2.2}+F_{2.3}$ w potomstwie F_2 kombinacji kbh-sp2 $\times$ Flair po połączeniu homozygot typu Flair i heterozygot

Test χ^2 for gliadins $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ and $F_{2.2}+F_{2.3}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination kbh-sp2 $\times$ Flair when homozygotes of Flair type and heterozygotes were joined together

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$2 \times (O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}) + (F_{2.2}+F_{2.3})$	3	211,5	210	0,043	0,8-0,9
$F_{2.2}+F_{2.3}$	1	70,5	72		
		282	282		

Tabela 4

Test χ^2 dla gliadyn $O_{2.3}+O_{2.6}$ oraz $F_{2.1}+F_{2.3}$ w potomstwie F_2 kombinacji kbh-sp2 $\times$ Flair

Test χ^2 for gliadins $O_{2.3}+O_{2.6}$ and $F_{2.1}+F_{2.3}$ in F_2 hybrid genotypes coming from the combination kbh-sp2 $\times$ Flair

Prążki gliadynowe Gliadin bands	Stosunek rozszczepień Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
$O_{2.3}+O_{2.6}$	1	70,5	70	0,157	0,9-0,95
$(O_{2.3}+O_{2.6}) + (F_{2.1}+F_{2.3})$	2	141	144		
$F_{2.1}+F_{2.3}$	1	70,5	68		
		282	282		

Wynik testu potwierdził zgodność teoretycznej i obserwowanej częstotliwości genotypów w poszczególnych klasach w obu przypadkach, co dowodzi że rozpatrywane grupy prążków stanowią bloki białek gliadynowych. Oznaczono je następującymi symbolami:

frakcje $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ — blok *Gli B2-3*,

frakcje $F_{2.2}+F_{2.3}$ — blok *Gli B2-4*,

frakcje $O_{2.3}+O_{2.6}$ — blok *Gli D2-1*,

frakcje $F_{2.1}+F_{2.3}$ — blok *Gli D2-2*.

Analizując obrazy elektroforetyczne mieszańców F_2 pod względem czterech wymienionych bloków gliadyn podzielono grupę badanych mieszańców na sześć klas:

- zawierających $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$, $F_{2.2}+F_{2.3}$ oraz $O_{2.3}+O_{2.6}$ — rekombinanty typu *Gli B2-3+(3+4)/Gli D2-1*,
- zawierających $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$, $F_{2.2}+F_{2.3}$, $O_{2.3}+O_{2.6}$ oraz $F_{2.1}+F_{2.3}$ — rekombinant typu *Gli B2-3+(3+4)/Gli D2-1+2* (podwójna heterozygota),
- zawierających $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ oraz $F_{2.1}+F_{2.3}$ — rekombinant typu *Gli B2-3+(3+4)/Gli D2-2*,
- zawierających $F_{2.2}+F_{2.3}$ i $O_{2.3}+O_{2.6}$ — rekombinant typu *Gli B2-4/Gli D2-1*,
- zawierających $F_{2.2}+F_{2.3}$ i $O_{2.3}+O_{2.6}$ oraz $F_{2.1}+F_{2.3}$ — rekombinant typu *Gli B2-4/Gli D2-1+2*,
- zawierających $F_{2.2}+F_{2.3}$ i $F_{2.1}+F_{2.3}$ — rekombinant typu *Gli B2-4/Gli D2-2*.

Celem stwierdzenia, czy zidentyfikowane bloki gliadyn są kodowane dwoma genami zlokalizowanymi na różnych chromosomach (6B i 6D) testowano zgodność obserwowanych częstotliwości mieszańców w sześciu klasach z teoretycznym stosunkiem 3:6:3:1:2:1 dla dwóch par genów (uzyskany z połączenia 3:1 z 1:2:1) na podstawie χ^2 (tab. 5). Wynik testu potwierdza założoną hipotezę o niezależnym dziedziczeniu genów kodujących dwie pary allelicznych bloków białkowych zlokalizowanych na różnych chromosomach.

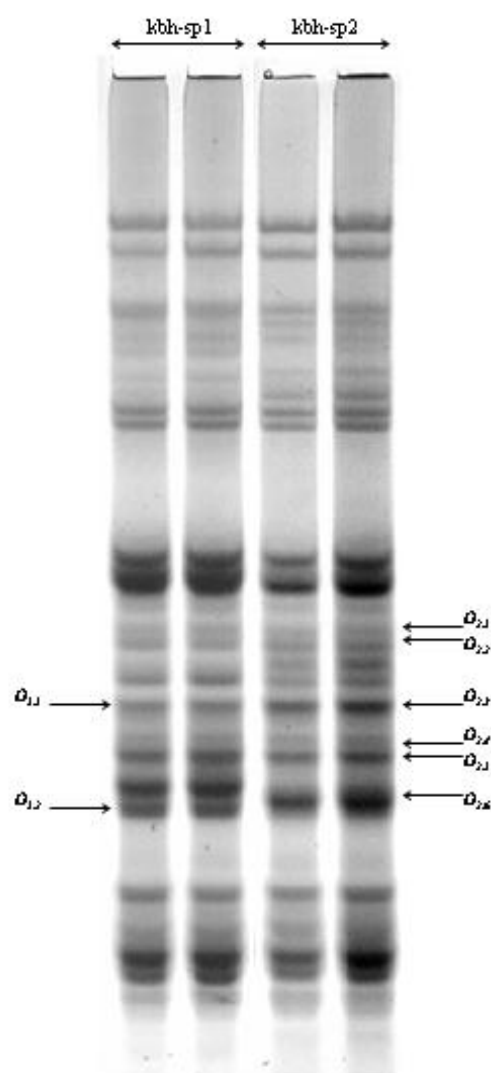
Tabela 5

Test χ^2 dla bloków gliadyn kodowanych chromosomami 6B (locus Gli B2) i 6D (locus Gli D2) w potomstwie F₂ kombinacji kbh-sp2 × Flair
Test χ^2 for gliadin blocks coded by chromosomes 6B (locus Gli B2) and 6D (locus Gli D2) in F₂ hybrid genotypes coming from the combination kbh-sp2 × LAD 480

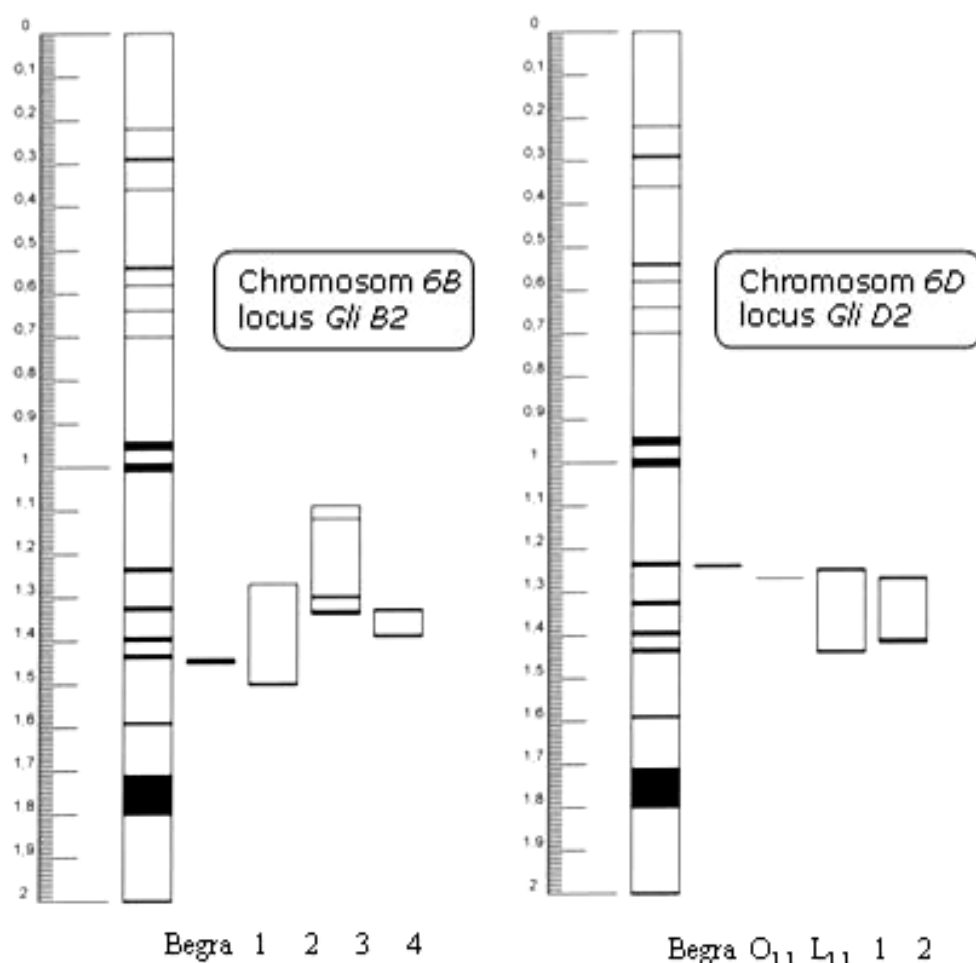
Locus-blok gliadyn Locus-gliadin block		Stosunek rozszerzenie Segregation	Liczebność oczekiwana Expected	Liczebność obserwowana Observed	χ^2	P
<i>Gli B2</i>	<i>Gli D2</i>					
<i>Gli B2-3+(3+4)</i>	<i>Gli D2-1</i>	3	52,875	56	1,764	0,8-0,9
<i>Gli B2-3+(3+4)</i>	<i>Gli D2-1+2</i>	6	105,75	104		
<i>Gli B2-3+(3+4)</i>	<i>Gli D2-2</i>	3	52,875	50		
<i>Gli B2-4</i>	<i>Gli D2-1</i>	1	17,625	14		
<i>Gli B2-4</i>	<i>Gli D2-1+2</i>	2	35,25	40		
<i>Gli B2-4</i>	<i>Gli D2-2</i>	1	17,625	18		
		282	282			

Porównanie kombinacji β -gliadyn u dwóch biotypów orkiszu

Badane linie orkiszu wykazują znaczne podobieństwo frakcji białkowych w strefie β -gliadyn. Bezpośrednie porównanie obrazów elektroforetycznych dowodzi, iż prążki $O_{2.1}+O_{2.2}+O_{2.4}+O_{2.5}$ tworzące blok *Gli B2-3* w linii kbh-sp2 można obserwować również u siostrzanej linii kbh-sp1 (rys. 3). Prążek $O_{2.3}$ jest identyczny z $O_{1.1}$, natomiast $O_{2.5}$ z jednym z pary prążków niespecyficznych kbh-sp1, których dziedziczenia nie analizowano z uwagi na znaczne podobieństwo do zlokalizowanych w tym samym rejonie obrazu elektroforetycznego prążków rodzaju LAD 480. Istotną różnicę między dwoma biotypami orkiszu można natomiast obserwować w dolnej strefie β -gliadyn i dotyczy ona prążka $O_{2.6}$ linii kbh-sp2, który jest usytuowany pośrodku w stosunku do dwóch prążków kbh-sp2: prążka $O_{1.2}$ i bezpośrednio położonego nad nim jednego z pary prążków niespecyficznych.



Rys. 3. Zróżnicowanie frakcji β gliadyn w liniach orkisz (kbh-sp1 i kbh-sp2) użytych jako komponenty rodzicielskie do krzyżowań z rodem LAD 480 i odmianą Flair
 Fig. 3. Differentiation of β gliadins in two spelt biotypes: kbh-sp1 and kbh-sp2 used as parental components in cross combinations with strain LAD 480 and cultivar Flair



Rys. 4. Schemat bloków białek gliadynowych kodowanych chromosomami 6B (z lewej strony) oraz 6D (z prawej strony). Bezpośrednio obok skali R_m przedstawiono schemat obrazu elektroforetycznego odmiany Begra

Fig. 4. Schemes of gliadin protein blocks coded by chromosomes 6B (left) and 6D (right). Nearby the scale of R_m values diagram of protein pattern of cv. Begra is presented

Dla wszystkich frakcji wchodzących w skład opisanych bloków obliczono wartości wskaźnika R_m , których zadaniem jest ułatwienie ich identyfikacji w przyszłych badaniach. Dodatkowo wskaźnik ten informuje o wzajemnej lokalizacji różnych prążków na obrazie elektroforetycznym (tab. 6). Uzyskane wartości R_m umożliwiły przedstawienie opisanych bloków w postaci graficznej i umieszczenie ich w katalogu (rys. 4). W przypadku prążków $O_{1.1}$ i $L_{1.1}$, dla których nie wykazano, iż są one allelicznymi wariantami jednego genu, lecz

które również zamieszczono w katalogu, pozostawiono oznaczenia identyczne, jak dla frakcji białkowych.

Tabela 6

Wartości wskaźnika R_m prążków elektroforetycznych wchodzących w skład bloków gliadyn kodowanych chromosomami 6B i 6D

R_m values of electrophoretic bands composing gliadin blocks coded by chromosomes 6B and 6D

Locus	Numer bloku gliadyn Number of gliadin block	Numer prążka Number of band	Symbol prążka Symbol of band	R_m
<i>Gli B2</i>	1	1	O _{1,2}	1,45
	2	1	L _{1,1}	1,27
		2	L _{1,2}	1,5
	3	1	O _{2,1}	1,09
		2	O _{2,2}	1,12
		3	O _{2,4}	1,3
		4	O _{2,5}	1,34
	4	1	F _{2,2}	1,33
		2	F _{2,3}	1,39
	<i>Gli D2</i>	1	O _{1,1}	1,24
		1	L _{1,1}	1,27
		1	O _{2,3}	1,25
		2	O _{2,6}	1,44
		1	F _{2,1}	1,27
		2	F _{2,3}	1,42

DYSKUSJA

Analiza dziedziczenia białek z grupy β -gliadyn u mieszańców F_2 dwóch kombinacji krzyżowań pozwoliła zidentyfikować sześć bloków: cztery z grupy chromosomu 6B i dwa z grupy chromosomu 6D. Uzyskane wyniki dają odpowiedź na pytania formułowane we wstępie. Frakcje gliadynowe wchodzące w skład bloków *Gli B2*: 1, 2, 3 i 4 oraz *Gli D2*: 1 i 2 są allelicznymi wariantami białkowymi genów zlokalizowanych na krótszych ramionach chromosomów 6B i 6D. Z kolei pary bloków *Gli B2*-3/*Gli D2*-3 oraz *Gli B2*-4/*Gli D2*-4 są kodowane genami zlokalizowanymi na różnych chromosomach i dziedziczą się w sposób niezależny.

Cztery spośród sześciu opisanych bloków stanowią grupy składające się z dwóch prążków, w drugim przypadku zidentyfikowano grupę utworzoną z czterech prążków, w jednym przypadku blokiem okazała się pojedyncza frakcja białkowa. Bloki opisane w katalogu Metakovsky'ego składają się na ogół z większej liczby prążków (od dwóch do ośmiu) aniżeli w niniejszej pracy (Metakovsky, 1991). W grupie chromosomu 6B zdecydowana ich większość zawiera prążki zarówno w strefie β jak i γ gliadyn (analogicznie jak *Gli B2*-3 w linii kbh-sp2). Z kolei bloki z grupy chromosomu 6D zlokalizowane są głównie w strefie β obrazu elektroforetycznego oraz w strefie α , gdzie nakładają się na prążki kodowane chromosomem 6A. Identyfikacja analogicznych frakcji w polskich materiałach hodowlanych będzie wymagać w przyszłości doboru kompo-

mentów rodzicielskich zawierających mniejszą liczbę bardziej zróżnicowanych prążków w strefie α -gliadyn.

Interpretacja dwóch niespecyficznych β -gliadyn, obecnych zarówno w linii kbh-sp1, jak i u rodu LAD 480 również wymaga dodatkowych badań. Uzyskane wyniki sugerują, że mogą one wchodzić zarówno w skład bloków kodowanych chromosomem 6B jak i 6D bądź też obu bloków jednocześnie. Bezpośrednie porównanie obrazów elektroforetycznych biotypów orkiszu częściowo wyjaśnia problem ich klasyfikacji. Zaobserwowane podobieństwa β -gliadyn sugerują, iż poza prążkiem O_{1.2} blok kodowany chromosomem 6B w linii kbh-sp1 może składać się również z prążków tworzących blok *Gli B2-3* linii kbh-sp2. Biorąc pod uwagę ogólne podobieństwo β -gliadyn obu linii, hipoteza taka wydaje się prawdopodobna. W konsekwencji różnicę pomiędzy biotypami orkiszu można interpretować jako efekt genetycznego różnicowania jednego z alleli wielokrotnych należących do serii kodowanej chromosomem 6B. Jedną z możliwych przyczyn takiego różnicowania jest proces rekombinacji wewnątrzgenowej, w wyniku którego silne sprzężenie genów gliadyn w obrębie jednego locus ulega rozerwaniu. Proces taki został opisany w literaturze (Pogna i in., 1993). W efekcie można obserwować nowe kombinacje białek nieznacznie różniące się od bloku z którego powstały. Dalszą konsekwencją różnicowania jest powstanie całej rodziny podobnych bloków, których obecność u odmian i rodów pszenicy przemawia za ich bliskim pokrewieństwem (Metakovsky i in., 1986). Prawdopodobnie taki mechanizm zróżnicował gliadyny obu badanych linii orkiszu.

Identyfikacja bloków w strefie β -gliadyn pozwoliła zmodyfikować opracowany wcześniej katalog, który nie uwzględniał bloków kodowanych chromosomami 6B i 6D, a jedynie wprowadzał podział obserwowanych frakcji na podstrefy. Uzyskane wyniki będą stanowić punkt wyjścia dla identyfikacji kolejnych, nierzadko wysoce specyficznych, wariantów białkowych obserwowanych w materiałach hodowlanych wytwarzanych przez polskich hodowców.

LITERATURA

- Bushuk W., Zillman R. R. 1978. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature. Can J. Plant Sci. 58: 505 — 515.
- Brzeziński W. 2003. Katalog elektroforetyczny zarejestrowanych w Polsce odmian pszenicy, pszenżyta, jęczmienia i owsa. Wiadomości Odmianoznawcze, COBORU, Słupia Wielka, z. 78: 21 — 45.
- Mc Intosh R. A. 1983. A catalogue of gene symbols for wheat. Proc. 6th Intern. Wheat Genetics Symp. Kyoto, Japan: 1197 — 1284.
- Metakovsky E. V. 1991. Gliadin allele identification in common wheat. II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat. J. Genet. Breed. 45: 325 — 344.
- Metakovsky E. V., Akhmedov M. G., Sozinov A. A. 1986. Genetic analysis of gliadin-encoding genes reveals gene cluster as well as single remote genes. Theor. Appl. Genet. 73: 278 — 285.
- Payne P. I., Harris P. A., Law C. N., Holt L. M., Blackman J. A. 1980. The high-molecular-weight subunits of glutenin: structure, genetics and relationships to bread-making quality. Ann. Technol. Agric. 29: 309 — 320.
- Payne P. I., Lawrence G. J. 1983. Catalogue of alleles for the complex gene loci GluA1, GluB1, GluD1, which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. Cereal Res. Commun. 11/1: 29 — 35.

- Payne P. I., Holt L. M., Jackson E. A., Law C. N. 1984. Wheat storage proteins: Their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. *Phil. Trans. R. Soc. London B* 304: 259 — 371.
- Pogna N. E., Metakovsky E. V., Redaelli R., Raineri F., Dachkevitch T. 1993. Recombination mapping of Gli-5, a new gliadin-coding locus on chromosomes 1A and 1B in common wheat. *Theor. Appl. Genet.* 87: 113 — 121.
- Sozinov A. A. 1987. Blocks of cereal storage proteins as genetic markers. Vavilov Institute of General Genetics, USSR Academy of Science, Moscow.
- Sozinov A. A., Poperella F. A. 1980. Genetic classification of prolamins and its use for plant breeding. *Ann. Techn. Agric.*, 28: 229 — 245.
- Waga J. 1997. Polimorfizm białek gliadynowych i gluteninowych a jakość pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 204: 205 — 218.
- Waga J. 2000. Syntetyczna metoda klasyfikacji białek gliadynowych. *Biul. IHAR* 215: 35 — 60.

PAWEŁ CZ. CZEMBOR**ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Zastosowanie selekcji wspomaganej markerami molekularnymi do wprowadzenia genu *Lr50* odporności na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) do pszenicy

The use of marker-assisted selection for introduction of leaf rust resistance gene *Lr50* (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) to wheat

Do odmiany pszenicy Flair wprowadzano gen odporności *Lr50* na rdzę brunatną przy wykorzystaniu selekcji wspomaganej markerami molekularnymi. Wspomniany gen odporności wprowadzano na drodze dwukrotnego krzyżowania wstecznego. Dwa markery mikrosatelitarne gwm382 i gdm87 flankujące gen *Lr50* pozwoliły na wybór obiektów zawierających ten gen w kolejnych populacjach potomnych. Dodatkowo wśród obiektów pokolenia F₁BC₁ przeprowadzono analizę zawartości genomu rodzica wypierającego. W tym celu wykorzystano zestaw 21 markerów mikrosatelitarnych (po jednym dla każdego chromosomu) zlokalizowanych w pobliżu centromeru danego chromosomu. Niestety, z powodu braku polimorfizmu DNA lub nie występowania produktów reakcji PCR, uzyskana na ten temat informacja była bardzo ograniczona. Niemniej jednak, selekcja wspomagana markerami molekularnymi pozwoliła na wybór linii zawierających gen *Lr50*, które włączono do programu wytwarzania materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian pszenicy odpornych na rdzę brunatną.

Słowa kluczowe: odporność, pszenica, rdza brunatna, selekcja wspomagana markerami

The leaf rust resistance gene *Lr50* was introduced to the wheat variety Flair using marker-assisted selection strategy. Two backcrosses to the recurrent parent were performed. Two microsatellites gwm382 and gdm87 flanking gene *Lr50* were used to select individuals with the resistance gene in offspring populations. In addition, recipient genome content was evaluated on F₁BC₁ population using a set of 21 microsatellite markers. Therefore, in the centromer region of each chromosome one marker was located. Unfortunately, due to the lack of DNA polymorphism or absence of expected PCR products, the information obtained was limited. Nevertheless, the marker-assisted selection strategy allowed to select lines carrying gene *Lr50*. The lines were transferred to the wheat breeding program focused on the resistance to leaf rust.

Key words: leaf rust, marker-assisted selection, resistance, wheat

WSTĘP

Rdza brunatna pszenicy powodowana przez grzyba *P. recondita* f. sp. *tritici* jest jedną z najważniejszych chorób liści pszenicy o dużym znaczeniu ekonomicznym na świecie. Rokrocznie notuje się straty w plonach sięgające 10%, a w latach szczególnie sprzyjających rozwojowi choroby obniżka plonu wynosiła nawet 30% (Roelfs i in., 1992). W głównej mierze decydują o tym właściwości patogena: specjalizacja pasożytnictwa, wysoka wirulencja, zmienność genetyczna w populacji jak również mała liczba odmian odpornych. W Polsce rdza brunatna obserwowana jest na pszenicy corocznie w różnym nasileniu w zależności od warunków pogodowych.

W literaturze opisano ponad 50 genów warunkujących odporność pszenicy na porażenie przez *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* (Helguera i in., 2000; Huang i Gill, 2001; Knott, 1989; McIntosh i in., 1995; Raupp i in., 2001; Saini i in., 2002). W przeprowadzonych badaniach nad obecnością genów odporności na rdzę brunatną w odmianach europejskich (w tym również polskich) stwierdzono występowanie następujących genów: *Lr1*, *Lr3a*, *Lr3ka*, *Lr10*, *Lr13*, *Lr14a*, *Lr17b*, *Lr20*, *Lr26* i *Lr37* (Winzeler i in., 2000; Singh i in., 2001). Niestety, stwierdzono jedynie częściową ich efektywność lub w niektórych przypadkach jej całkowity brak w stosunku do występującego spektrum wirulencji patogena. Do ostatnio opisanych nowych efektywnych genów odporności na rdzę brunatną w pszenicy należy gen *Lr50*, który został przeniesiony z *Triticum timopheevii* subsp. *armeniacum* (Jakubcz.) van Slageran do pszenicy heksaploidalnej *T. aestivum* (Brown-Guedira i in., 1997) i został zlokalizowany na chromosomie 2B (Brown-Guedira i in., 2003). Mimo odnotowania izolatów rdzy brunatnej w Ameryce Północnej wirulentnych odnośnie genu *Lr50*, wydaje się że w warunkach europejskich ten gen przyczyni się wydatnie do zwiększenia zdrowotności upraw pszenicy.

Postępy w biologii molekularnej ostatniego dziesięciolecia zaowocowały również lepszym poznaniem genomu pszenicy i jej gatunków pokrewnych. Zastosowanie markerów molekularnych pozwoliło na stworzenie dokładnych map genetycznych dla poszczególnych chromosomów, w których również uwzględniono takie cechy jak odporność na rdzę brunatną (McIntosh i in., 1998; Langridge i in., 2001). Powstała możliwość manipulacji genetycznej w oparciu o markery molekularne określonymi regionami genomu odpowiedzialnymi za ekspresję pożądanej cechy (odporności). W ten sposób zdefiniowana metoda została określona mianem selekcji wspomagananej markerami (ang. marker-assisted selection, MAS) (Ribaut i Hoisington, 1998). Najczęściej wykorzystuje się pojedyncze markery molekularne do określenia obecności lub braku specyficznego allela, który w przeciwnym razie musiałby być zidentyfikowany fenotypowo. Tego typu procedura została nazwana częściową selekcją wspomaganą markerami (ang. partial MAS) w odróżnieniu od pełnej MAS (ang. full MAS), która zakłada zastosowanie dodatkowo większej liczby markerów do charakterystyki całego genomu roślinnego. Ponieważ pełny MAS pozwala na selekcję opartą o wiedzę bezpośrednią o genomie indywidualnych roślin, można znacząco podnieść skalę korzyści hodowlanych. Ribaut i Hoisington (1998) szacują, że całkowita

konwersja linii pod względem pojedynczej cechy monogenicznej można osiągnąć po trzech krzyżowaniach wypierających używając metody MAS, podczas gdy konwencjonalne metody hodowli wymagają przynajmniej sześciu krzyżowań wypierających dla osiągnięcia tego samego celu. W niniejszej pracy przedstawiono próbę zastosowania markerów molekularnych przy wprowadzeniu genu *Lr50* odporności na rdzę brunatną do odmiany pszenicy ozimej Flair, dobrze adaptowanej do polskich warunków klimatyczno-glebowych.

MATERIAŁ I METODY

W celu wprowadzenia genu *Lr50* do pożądanej odmiany skrzyżowano linię KS96WGRC36 (dawca genu odporności *Lr50*) z odmianą pszenicy jarej Flair. Rośliny pokolenia F_1 krzyżowano wstecznie z odmianą Flair i otrzymane pokolenie F_1BC_1 w liczbie 56 osobników poddano analizie molekularnej na obecność genu *Lr50* jak i zawartości genomu rodzica wypierającego w potomstwie. Do ponownego krzyżowania z populacji F_1BC_1 wybrano 5 osobników charakteryzujących się największą liczbą badanych *loci* w stanie homozygotycznym rodzica wypierającego i zawierających gen *Lr50*. W wyniku drugiego krzyżowania wypierającego uzyskano populację F_1BC_2 w liczbie 70 osobników, którą badano tylko na obecność genu *Lr50*.

W celu izolacji DNA dla każdego obiektu pobrano ok. 200 mg młodej tkanki roślinnej, którą homogenizowano w próbówce 2 ml uzupełnionej buforem lizującym AP1 zestawu DNeasy Plant Mini zgodnie z zaleceniami producenta (Qiagen Inc., 27220 Turnberry Lane, Valencia, CA 91355, USA). Do homogenizacji próbek roślinnych wykorzystano młynek miksujący MM301 (Retsch, Verder, Katowice, Polska) przy ustawieniu częstotliwości wytrząsania 30/sek. w dwóch cyklach pięciominutowych (jednocześnie można było homogenizować 48 próbek). Po etapie homogenizacji izolacja DNA przebiegała zgodnie z procedurą załączoną do zestawu DNeasy Plant Mini (Qiagen). Stężenie DNA otrzymanych preparatów oznaczono spektrofotometrycznie przy użyciu aparatu Genesys 10 (ThermoSpectronic, Rochester, NY 14625, USA).

W celu określenia występowania genu *Lr50*, wykorzystano dwa flankujące *loci* mikrosatelitarne (SSR, ang. Simple Sequence Repeats) *Xgwm382* (allel 139 pz — par zasad) i *Xgdm87* (allel 110 pz) (Röder i in., 1998; Pestsova i in., 2000) oddalone odpowiednio o 6,7 cM i 9,4 cM od *locus* odporności (Brown-Guedira i in., 2003). Natomiast, aby wstępnie określić zawartość genomu rodzica wypierającego w potomstwie, testowano *loci* mikrosatelitarne zlokalizowane w pobliżu centromerów 21 chromosomów pszenicy (tab. 1) (Röder i in., 1998; Pestsova i in., 2000). Niektóre zestawy starterów reakcji PCR dla wybranych *loci* mikrosatelitarnych amplifikowały w reakcji PCR dodatkowe 11 *loci* (tab. 1), które również włączono do ogólnej oceny. Łącznie analizowano 32 *loci* mikrosatelitarne. Wszystkie startery reakcji PCR zostały dostarczone przez Sigma-Genosys Ltd. (London Road, Pampisford, Cambridge, CB2 4EF, W. Brytania). W każdej parze starterów amplifikujących *loci* mikrosatelitarne, jeden ze starterów został wyznakowany na końcu 5' barwnikiem fluorescencyjnym

(jednym z trzech: 6-FAM, HEX lub TET). Wspomniane mikrosatelity amplifikowano w reakcji PCR (ang. Polymerase Chain Reaction) przy zastosowaniu niskoprofilowanych cienkościennych probówek (MJ Research, Inc., 149 Grove Street, Watertown, MA 02172, USA). W skład mieszaniny reakcyjnej o objętości 8 μ l wchodziły następujące komponenty: 1 $\times$ buforu (MBI Fermentas, V. Graiciuno g. 8, 02241 Vilnius, Litwa), 2,5 mM $MgCl_2$, 0,2 mM każdego z deoksynukleotydów, 0,5 μ M startera i 1 jednostka *Taq* polimerazy (Fermentas). W termocyklerze UNO II (Biometra GmbH, P.O.B. 1544, 37005 Göttingen, Niemcy) z pokrywą grzewczą ustawioną na 105°C mieszaninę reakcyjną poddawano cyklicznym zmianom temperatury w czasie według programu: 94°C/2 min. wstępnej denaturacji, następnie 10 cykli składających się z etapów 94°C/30 sek., 60°C/30 sek. i 72°C/1 min. oraz 30 cykli 90°C/30 sek., 60°C/30 sek. i 72°C/1 min. Końcowy etap polimeryzacji przy temperaturze 72°C przedłużono do 5 min.

Produkty reakcji PCR w zależności od potrzeb rozdzielano i analizowano w dwóch systemach. W pierwszym z nich wykorzystano analizator DNA ABI 377XL (Applied Biosystems, Foster City, CA 94404, USA) i 4,5% denaturujący żel poliakrylamidowy (Sigma-Aldrich, Poznań, Polska). W drugim układzie, rozdział produktów amplifikacji przeprowadzono na 2,75% żelu agarozowym MetaPhor (FMC Bioproducts, 191 Thomaston Street, Rockland, ME 04841, USA) przy napięciu 240 V w buforze 0,5 $\times$ TBE. Po wybarwieniu żelu bromkiem etydy dokumentowano obraz rozdziału produktów PCR wykorzystując system Gel Logic 200 (Eastman Kodak Company, Rochester, NY 14650, USA).

WYNIKI

Wśród 56 osobników populacji F_1BC_1 wykryto 16 osobników, które miały obydwa specyficzne allele *loci* mikrosatelitarnych (odpowiednio 139 pz i 110 pz dla *Xgwm382* i *Xgdm87*) flankujących gen odporności *Lr50*. Z łącznej liczby 32 *loci* mikrosatelitarnych wybranych do analizy zawartości genomu rodzica wypierającego w potomstwie, jedynie 15 wykazywało polimorfizm DNA w tym dla 12 SSR zlokalizowanych w pobliżu centromerów chromosomów pszenicy. Pozostałe *loci* SSR nie wykazywały polimorfizmu DNA między rodzicem wypierającym (odmiana Flair) i dawcą (linia KS96WGRC36) lub nie uzyskano produktów reakcji PCR. Obiekty 104, 108, 109, 119 i 120 wykazywały największą liczbę (7) badanych *loci* homozygotycznych, co zadecydowało o wyborze ich do drugiego krzyżowania wstecznego (tab. 1). Z pośród 70 obiektów pokolenia F_1BC_2 stwierdzono występowanie obydwu specyficznych markerów sprzężonych z genem *Lr50* dla 35 obiektów. Wybrane genotypy z określonym genem *Lr50* włączono do programu wytwarzania materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian odpornych na rdzę brunatną.

Tabela 1

Występowanie mikrosatelitarnych *loci* homozygotycznych i heterozygotycznych dla wybranych obiektów z populacji F₁BC₁

Homozygous and heterozygous microsatellite *loci* identified in the selected F₁BC₁ individuals

Locus w pobliżu centromeru Locus adjacent to centromer	Dodatkowe locus poza centromerem Additional locus beyond centromer	Osobniki populacji F ₁ BC ₁ F ₁ BC ₁ individuals															
		87	89	93	95	98	100	104	108	109	111	116	119	120	123	140	144
<i>Xgwm131-3B</i>																	
	<i>Xgwm131-1B</i>																
<i>Xgwm357-1A</i>																	
<i>Xgwm494-6A</i>																	
<i>Xgwm55-6D</i>																	
	<i>Xgwm55-2B</i>																
	<i>Xgwm55-2B</i>																
<i>Xgwm337-1D</i>																	
<i>Xgwm473-2A</i>																	
<i>Xgwm43-7B</i>																	
<i>Xgwm304-5A</i>																	
<i>Xgwm497-3D</i>																	
	<i>Xgwm497-2A</i>																
	<i>Xgwm497-1A</i>																
<i>Xgwm111-7D</i>																	
	<i>Xgwm111¹</i>																
<i>Xgwm319-2B</i>																	
<i>Xgwm515-2D</i>																	
	<i>Xgwm515-2D</i>																
<i>Xgwm159-5B</i>																	
<i>Xgwm260-7A</i>																	
<i>Xgwm601-4A</i>																	
<i>Xgwm413-1B</i>																	
<i>Xgwm16-5D</i>																	
	<i>Xgwm16-2B</i>																
	<i>Xgwm16-7B</i>																
<i>Xgwm608-4D</i>																	
	<i>Xgwm608-2D</i>																
<i>Xgwm518-6B</i>																	
<i>Xgwm368-4B</i>																	
<i>Xgwm30-3A</i>																	
	<i>Xgwm30-2D</i>																
Liczba loci homozygotycznych rodzica wypierającego Number of homozygous <i>loci</i> for the recipient parent		4	3	6	6	2	4	7	7	7	4	6	7	7	3	6	3

¹ — Nieznana lokalizacja w genomie pszenicy; Unknown localization in the wheat genome

— Brak produktów PCR; Absence of PCR products

— Homozygotyczne *locus* rodzica wypierającego; Homozygous *locus* of the recipient parent

— Heterozygotyczne *locus*; Heterozygous *locus*

DYSKUSJA

Wprowadzanie do odmian pszenicy genów odporności na rdzę brunatną na drodze kilkakrotnych krzyżowań wstecznych jest metodą szeroko stosowaną w programach hodowlanych. Wzbogacenie tej metody o selekcję pożądaných genotypów przy użyciu markerów molekularnych zwiększyło znacznie jej atrakcyjność przez polepszenie efektywności i przyspieszenie procesu selekcji oraz możliwość kumulacji w jednym genotypie kilku genów odporności (piramidowanie) w tym również genów o charakterze ilościowym (Koebner i Summers, 2003). Przejście od teorii do praktycznego wykorzystania ostatnich dokonań genomiki pszenicy i nowej strategii hodowlanej znalazło swoje odzwierciedlenie w licznych inicjatywach badawczych np. Australian National Wheat Molecular Marker Program (Australia) (Eagles i in., 2001) i MASWheat konsorcjum (USA) (Dubcovsky, 2004). We wspomnianych programach hodowlanych wspomaganych markerami molekularnymi wprowadza się do odmian pszenicy również kilka genów odporności w tym *Lr50* na rdzę brunatną. Wspomniany przykład skłonił autorów do podjęcia próby wprowadzenia *Lr50* do odmiany Flair i wypracowania własnych metod postępowania w trakcie selekcji opartej o MAS. Odmiana Flair charakteryzuje się dobrą odpornością polową na rdzę brunatną z oceną 7,7 w skali 9-stopniowej (1 — podatny, 9 — odporny; COBORU, 2004) świadczącą o występowaniu bliżej nieokreślonych genów odporności na rdzę. W klasycznym podejściu, gdy genotyp już posiada gen(y) odporności, wprowadzanie kolejnego genu odporności na tego samego patogena wiąże się z przeprowadzeniem testu fitopatologicznego z odpowiednią rasą fizjologiczną grzyba nie zawsze będącą w dyspozycji hodowcy. Dlatego też, wprowadzanie nowego genu odporności (*Lr50*) do odmiany Flair w oparciu o markery molekularne znajduje swoje uzasadnienie.

Markery SSR gwm382 i gdm87 sprzężone z genem *Lr50* potwierdziły w pełni swoją uniwersalność w trakcie selekcji kolejnych pokoleń pochodzących ze skrzyżowania odmiany Flair i linii KS96WGRC36, tj. obserwowany polimorfizm DNA (rozmiary fragmentów amplifikowanych w reakcji PCR) potwierdza wyniki uzyskane przez Brown-Guedira i wsp. (2003). W pracy podjęto również próbę oszacowania zawartości genomu biorcy (ang. Recipient Genome Content, RGC) dla osobników pokolenia F_1BC_1 . Ograniczono się tylko do F_1BC_1 , ponieważ przeprowadzenie selekcji w tym pokoleniu może przynieść największe korzyści hodowlane. Przy zastosowaniu dwóch markerów ulokowanych w optymalnych pozycjach (około 20 cM od telomeru przy rozmiarach chromosomu 100 cM) na obu ramionach dla każdego z chromosomów, można uzyskać zawartość genomu biorcy (wypierającego) rzędu 93,4% w porównaniu do 75% przy braku selekcji w klasycznym podejściu (Servin, Hospital, 2002). Niestety, z przyczyn technicznych i finansowych ograniczono się tylko do selekcji markerów zlokalizowanych w pobliżu centromeru każdego z chromosomów, co ograniczyło zakres uzyskanej informacji. Co więcej, brak polimorfizmu DNA lub nie występowanie produktów PCR przyczyniło się do dalszego zubożenia informacji o RGC. Określenie największej liczby *loci* homozygotycznych rodzica wypierającego dla 15 z spośród 32 badanych *loci* mikrosatelitarnych z pewnością nie jest w pełni wartościowym wynikiem. W związku z tym

w przyszłości konieczna jest wcześniejsza wstępna selekcja przydatnych markerów i zwiększenie liczby badanych *loci* do przynajmniej dwóch na chromosom (przy optymalnej lokalizacji), aby uzyskać pełną informację o zawartości genomu rodzica wypierającego w potomstwie. Wiąże się to jednak z dodatkowymi kosztami analizy kolejnych markerów molekularnych. Aby selekcja oparta o markery molekularne była bardziej atrakcyjna (finansowo) należy w opisywanej procedurze poszukać oszczędności głównie odnośnie metody izolacji DNA, która stanowi zasadniczą część całkowitych kosztów analizy.

WNIOSKI

1. Zastosowane markery mikrosatelitarne gwm382 i gdm87 wykazały pełną przydatność w selekcji osobników zawierających gen *Lr50*.
2. Procedura określenia zawartości genomu rodzica wypierającego w potomstwie powinna być zmodyfikowana, aby uzyskać pełniejszą informację.

LITERATURA

- Brown-Guedira G. L., Gill B. S., Cox T. S., Leath S. 1997. Transfer of disease resistance genes from *Triticum araraticum* to common wheat. *Plant Breeding* 116: 105 — 112.
- Brown-Guedira G. L., Singh S., Fritz A. K. 2003. Performance and mapping of leaf rust resistance transferred to wheat from *Triticum timopheevii* subsp. *armeniaceum*. *Phytopathology* 93: 784 — 789.
- COBORU. 2004. Lista opisowa odmian, COBORU, Słupia Wielka. Część I. Rośliny rolnicze zbożowe i przemysłowe: 34 s.
- Dubcovsky J. 2004. Marker-assisted selection in public breeding programs: the wheat experience. *Crop Science* 44: 1895 — 1898.
- Eagles H. A., Bariana H. S., Ogonnaya F. C., Rebetzke G. J., Hollamby G. J., Henry R. J., Henschke P. H., Carter M. 2001. Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Aust. J. Agric. Res.* 52: 1349 — 1356.
- Helguera M., Khan I. A., Dubcovsky J. 2000. Development of PCR markers for wheat leaf rust resistance gene *Lr46*. *Theor. Appl. Genet.* 100: 1137 — 1143.
- Huang L., Gill B. S. 2001. An RGA-like marker detects all known *Lr21* leaf rust resistance gene family members in *Aegilops tauschii* and wheat. *Theor. Appl. Genet.* 103: 1007 — 1013.
- Knott D. R. 1989. The wheat rusts: breeding for resistance. *Monographs on Theoretical and Applied Genetics* 12. Springer, Berlin.
- Koebner R. M. D., Summers R. W. 2003. 21st century wheat breeding: plot selection or plate detection? *Trends in Biotechnology* 21 (2): 59 — 63.
- Langridge P., Lagudah E. S., Holton T. A., Appels R., Sharp P. J., Chalmers K. J. 2001. Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. *Aust. J. Agric. Res.* 52: 1043 — 1077.
- McIntosh R. A., Hart G. E., Devos K. M., Gale M. D., Rogers W. J. 1998. Catalogue of gene symbols for wheat. In: Slinkard A. E. (ed.). *Proc. 9th Int. Wheat Genet Symp.* 5: 13–72. Univ. Extension Press. Univ. of Saskatchewan. Saskatoon.
- McIntosh R. A., Wellings C. R., Park R. F. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. CSIRO Australia/ Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.
- Pestova E., Ganai M. W., Röder M. S. 2000. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome* 43: 689 — 697.
- Raupp W. J., Sukhwinder-Singh, Brown-Guedira G. L., Gill B. S. 2001. Cytogenetic and molecular mapping of the leaf rust resistance gene *Lr39* in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 102: 347 — 352.

- Ribaut J. M., Hoisington D. 1998. Marker-assisted selection: new tools and strategies. *Trends in Plant Science* 3 (6): 236 — 239.
- Röder M. S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M. H., Leroy P., Ganal M. W. 1998. A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149: 2007 — 2023.
- Roelfs A. P., Singh R. P., Saari E. E. 1992. Rust Disease of Wheat. Concepts and methods of disease management. Mexico, D.F. CIMMYT: 81 p.
- Servin B., Hospital F. 2002. Optimal positioning of markers to control genetic background in marker assisted backcrossing. *The Journal of Heredity* 93 (3): 214 — 217.
- Winzeler M., Mesterházy A., Park R. F., Bartoš P., Csösz M., Goyeau H., Ittu M., Jones E., Löschnerberger F., Manninger K., Pasquini M., Richter K., Rubiales D., Schachermayr G., Strzembicka A., Trottet M., Unger O., Vida G., Walther U. 2000. Resistance of European winter wheat germplasm to leaf rust. *Agronomie* 20: 783 — 792.

HALINA GÓRAL**GRZEGORZ JAGODZIŃSKI**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza, Kraków

Zmienność wykształcenia pylników w obrębie roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą *Triticum timopheevi**

Variation of anther development in individual plants of winter triticales with *Triticum timopheevi* cytoplasm

Przeprowadzono ocenę wizualną wykształcenia pylników u roślin populacji F_2 pochodzącej z krzyżowania męskosterylnej linii Salvo 15/1 z linią przywracającą płodność Bogo 5/3. Ocenę prowadzono w skali 5 punktowej. Stwierdzono istotne zróżnicowanie stopnia wykształcenia pylników między roślinami, kłosami, stronami kłosa, lokalizacjami kłoska w kłosie i kwiatu w kłosku. W obrębie roślin największą zmienność zaobserwowano w obrębie kłosa (28,75% ogólnej zmienności) i pomiędzy pylnikami w obrębie kwiatu (21,25%). Pylniki szczytowej części kłosa były bardziej zdeformowane niż pylniki części środkowej i dolnej.

Słowa kluczowe: męska sterylność, pszenżyto ozime, wykształcenie pylników

Winter triticales anthers were evaluated in F_2 plants obtained by crossing male sterile line Salvo 15/1, with fertility restoring line Bogo 5/3. The anthers were scored using a 5 grade scale. The results showed a varying degree of anther development among plants, ears, sides of ear, spikelets in ear and flowers in spikelet. The highest variation was observed among spikelets (28.75%) and anthers in flowers (21.25%). The anthers in apical spikelets were deformed more than those in the middle and basal parts of the ear.

Key words: anther development, male sterility, winter triticales

WSTĘP

W systemie cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterylności u pszenżyta opartej na cytoplazmie *Triticum timopheevi* większość rodów i odmian przywraca męską płodność w potomstwie męskosterylnych roślin (Warzecha i in., 2002; Góral, 2002). Przywracanie płodności nie zawsze jest pełne. Pokolenie F_1 , pochodzące z krzyżowania męskosterylnych

* Praca finansowana w ramach projektu 6 PO6 2002C/05926

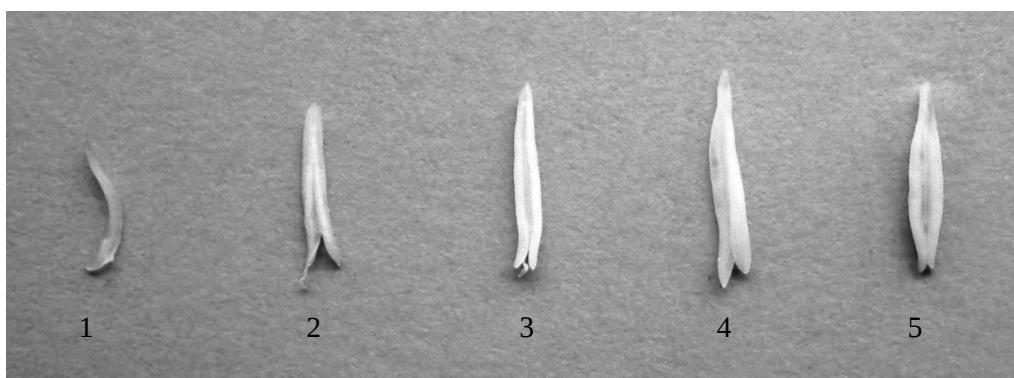
roślin z roślinami odmian i rodów jest często różnicowane pod względem męskiej płodności (Góral, 2002). Zmienność stopnia męskiej płodności w pokoleniu F_1 może wynikać z heterozygotyczności lub braku kompletu alleli przywracających płodność u różnych ojcowskich genotypów pszenżyta, ale także — ze zmienności tej cechy w różnych warunkach środowiska. Różnicowanie przywracania płodności w potomstwie roślin męskosterylnych w zależności od warunków środowiska, szczególnie od temperatury, występuje u pszenicy z cytoplazmą *T. timopheevi* (Sage, 1972; Mihaljev, 1976), żyta (Scoles i Evans, 1979; Geiger i Miedaner, 1996; Geiger i in., 1995), rzepaku w systemie *polima* (Bartkowiak-Broda 1996). Występowanie zmienności męskiej płodności w obrębie roślin stwierdzono u żyta (Łapiński, 1977) i pszenżyta (Góral, 2002). W całym procesie hodowli heterozyjnej z wykorzystaniem cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterility konieczna jest ocena męskiej płodności. Zwykle wykonuje się ją w czasie kwitnienia, określając wizualnie stopień degeneracji pylników i obecność lub brak w nich pyłku. Ze względu na obserwowaną zmienność tej cechy w obrębie roślin pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi*, szczególnie tych o niepełnej ekspresji cechy, należało określić źródła tej zmienności, co może ułatwić miarodajną ocenę sterility/płodności poszczególnych roślin w czasie kwitnienia.

Celem badań było określenie zmienności stopnia wykształcenia pylników w obrębie roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą *T. timopheevi* oraz ocena udziału poszczególnych źródeł zmienności w ogólnej zmienności stopnia degeneracji pylników.

MATERIAŁ I METODY

Obserwacje stopnia wykształcenia pylników przeprowadzono w 2004 roku w Stacji Doświadczalnej AR Prusy, koło Krakowa. Materiał badawczy stanowiła populacja F_2 roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą *T. timopheevi*, otrzymana z krzyżowania męskosterylnej linii Salvo 15/1 (pokolenie B_{13}) z linią przywracającą płodność Bogo 5/3 (pokolenie S_7). Przed kwitnieniem na 12 roślinach o różnym stopniu degeneracji pylników dokonano wizualnej oceny wykształcenia pylników. Ocenę przeprowadzono na 4 kłosach z rośliny wybieranych sukcesywnie, w miarę zbliżania się do kwitnienia. Oceniono pylniki w trzech kolejnych kwiatach w trzecim, siódmym i jedenastym kłosku, po obu stronach osadki kłosowej. W obrębie kwiatów pylniki były oceniane w tej samej kolejności. Do oceny zastosowano skalę 5-stopniową, w której ocenę 1 — przyznawano pylnikom najslabiej rozwiniętym, tj. zdeformowanym, krótkim, cienkim, ostro zakończonym, zasychającym, niepekającym i pozbawionym pyłku, natomiast 5 — pylnikom prawidłowo wykształconym, dużym, pekającym i uwalniającym po roztarciu pyłek. Ocenę 2–4 przyznawano pylnikom o pośrednim stopniu degeneracji (rys. 1).

Analizę zmienności przeprowadzono według klasyfikacji hierarchicznej dla modelu mieszanego. Uwzględniono wpływ sześciu czynników, z których zmienność roślin, kłosów i stron kłosa traktowano jako czynniki losowe, natomiast zmienność części kłosa, kwiatów i pylników były czynnikami stałymi. Oszacowano komponenty wariancyjne, które wyrażono w procentach w stosunku do całej zmienności.



Rys. 1. Ocena wizualna pylników (1 — męskosterylne, 2 — męskosterylne pośrednie, 3 — pośrednie, 4 — pośrednie męskopłodne, 5 — męskopłodne)

Fig. 1. Visual score of anthers (1 — male sterile, 2 — male sterile intermediate, 3 — intermediate, 4 — intermediate male fertile, 5 — male fertile)

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji wykazała wysoce istotne zróżnicowanie stopnia wykształcenia pylników między roślinami, kłosami, stronami kłosa, lokalizacjami kłosa w kłosie i kwiatu w kłosku (tab. 1).

Tabela 1

Analiza zmienności stopnia wykształcenia pylników u roślin pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi*
Analysis of variance of anther development in winter triticale plants with *T. timopheevi* cytoplasm

Zródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square
Całkowita — Total	2591	
Rośliny — Plants	11	125,66**
Kłosa w roślinie — Ears in plant	36	3,39**
Strony kłosa — Ear's sides	48	0,85**
Kłoski w kłosie — Spikelets in ear	192	4,51**
Kwiaty w kłosku — Flowers in spikelet	576	0,82**
Pylniki w kwiecie — Anthers in flower	1728	0,34

** Istotne przy $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

Największa zmienność, tj. 35,63% ogólnej zmienności wynikała z różnic pomiędzy roślinami (tab. 2). W obrębie roślin największą zmienność (28,75%) zaobserwowano między kłoskami kłosa oraz pomiędzy pylnikami w kwiatach (21,25%). Zmienność między kłosami, stronami kłosa i kwiatami w kłosku były znacznie mniejsze (tab. 2). Pylniki w kwiatach szczytowej części kłosa były bardziej zdegenerowane niż w części środkowej i dolnej (tab. 3). Podobne wyniki otrzymał Łapiński (1977) badając zróżnicowanie sterylności pyłku w obrębie roślin *Secale montanum* z cytoplazmą *Secale cereale*. Zwiększoną sterylność apikalnej części kłosa u roślin pszenicy z cytoplazmą *T.*

timopheevi zaobserwował Sage (1972). Według tego autora w wyniku ekspresji genów przywracających płodność powstaje substancja o charakterze hormonalnym, która jest transportowana akropetalnie do kłosa. Jej stężenie maleje w szczytowej części kłosa, co w konsekwencji powoduje występowanie sterylnych pylników.

Tabela 2

Wartości oczekiwane średnich kwadratów i udział komponentów wariancji w ogólnej zmienności stopnia wykształcenia pylników
Expected mean square values and proportion of variance components in total variation of anther development

Źródło zmienności Source of variation	Wartości oczekiwane średnich kwadratów Expected values of mean squares	Komponenty wariancji Components of variance (%)
Rośliny — Plants (<i>r</i>)	$\sigma_p^2 + pkc\sigma_s^2 + pkcs\sigma_k^2 + pkcskl\sigma_r^2$	35,63
Kłosa — Ears (<i>kl</i>)	$\sigma_p^2 + pkc\sigma_s^2 + pkcs\sigma_k^2$	3,12
Strony — Sides (<i>s</i>)	$\sigma_p^2 + pkc\sigma_s^2$	1,25
Kłoski — Spikelets (<i>c</i>)	$\sigma_p^2 + pk\sigma_c^2$	28,75
Kwiaty — Flowers (<i>k</i>)	$\sigma_p^2 + p\sigma_k^2$	10,00
Pylniki — Anthers (<i>p</i>)	σ_p^2	21,25

Tabela 3

Średni stopień wykształcenia pylników w różnych kłoskach kłosa
Mean development of anthers in different spikelets in the ear

Kłosek Spikelet	Skala 5° 5° scale
Trzeci — Third	2,29
Siódmy — Seventh	2,05
Jedenasty — Eleventh	1,19

Otrzymane wyniki wskazują, że ocenę męskiej płodności roślin w czasie kwitnienia należy prowadzić na kilku kłosach zwracając szczególną uwagę na wykształcenie pylników w różnych częściach kłosa i w obrębie kwiatu. Klasyfikacja roślin tylko na podstawie oceny stanu pylników w środkowej części kłosa jest niewystarczająca i może być błędna szczególnie w przypadku roślin zaliczanych do klasy męskosterylnych.

WNIOSKI

1. Wykazano wysoce istotne zróżnicowanie stopnia wykształcenia pylników między roślinami i w obrębie roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą *T. timopheevi*.
2. W obrębie roślin największa zmienność (28,75% ogólnej zmienności) występowała między kłoskami kłosa oraz między pylnikami w kwiatach (21,25%). Zmienność między kłosami, stronami kłosa i kwiatach w kłosku były znacznie mniejsze.
3. Pylniki w kwiatach szczytowej części kłosa były bardziej zdegenerowane niż w części środkowej i dolnej.
4. Ocenę męskiej płodności roślin w czasie kwitnienia należy prowadzić na kilku kłosach zwracając szczególną uwagę na wykształcenie pylników w różnych częściach kłosa i w obrębie kwiatu.

LITERATURA

- Bartkowiak-Broda I., Popławska W., Liersch A., Gazecka B. 1996. Badania nad genowo-cytoplazmatyczną niepłodnością typu CMS pol u rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste*, XVII: 21 — 32.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male fertility restoration in rye. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 35: 27 — 38.
- Geiger H. H., Yuan Y., Miedaner T., Wilde P. 1995. Environmental sensitivity of cytoplasmic genic male sterility (CMS) in *Secale cereale* L. In: *Genetic Mechanisms for Hybrid Breeding*. Eds. U. Kück, G. Wricke. *Adv. Plant Breed.* 18: 7 — 17.
- Góral H. 2002. Ocena męskiej płodności mieszańców F₁ pszenżyta ozimego z cytoplazmą *Triticum timopheevi*. *Folia Univ. Agric. Stetin., Agricultura* 228 (91): 17 — 22.
- Łapiński M. 1977. Genowa i cytoplazmatyczna męska niepłodność u żyta (*Secale* spp.). *Rozprawy, Akademia Rolnicza w Szczecinie*, 49.
- Mihaljev I. 1976. The influence of some factors on the fertility restoration in cytoplasmic male sterile wheat lines. *Poljoprivredna Znanstvena Smotra*, 38 (48): 79 — 84.
- Sage G. C. M. 1972. The inheritance of fertility restoration in male sterile wheat carrying cytoplasm derived from *Triticum timopheevi*. *Theor. Appl. Genet.* 42: 233 — 243.
- Scoles G. J., Evans L. E. 1979. The genetics of fertility restoration in cytoplasmic male-sterile rye. *Can. J. Genet. Cytol.* 21: 417 — 422.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticales — prospects for research and breeding — Part II: Development of male sterile lines. In: *Proc. 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June 5 July 2002*, vol. I: 193 — 198.

MIŁOSZ SMOLIK**DANUTA RZEPKA-PLEVNEŠ****KATARZYNA GRYS**

Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych

Akademia Rolnicza w Szczecinie

Genetyczne zróżnicowanie białek zapasowych kilkunastu odmian pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittmack)

Genetic variability of storage proteins in some winter triticale (*X Triticosecale* Wittmack) varieties

Celem niniejszej pracy było określenie genetycznego polimorfizmu 15 odmian pszenżyta (Dagro, Moniko, Salvo, Fidelio, Lamberto, Pronto, Kitaro, Woltario, Tevo, Disco, Moreno, Presto, Prego, Chrono, Lasko) w oparciu technikę SDS-PAGE. Na otrzymanych dla wymienionych odmian pszenżyta elektroforegramach obserwowano od 19 (Presto) do 27 (Salvo, Fidelio i Lamberto) prążków białkowych. Ich masa wahała się od 105,8 do 18,4 kDa. W zależności od masy zaliczono je do czterech frakcji białkowych: HMW, ω , γ_{75} , γ_{40} o masach odpowiednio: > 100 , $100 - 75$, $75 - 40$ i < 40 kDa. We frakcji białek najcięższych — HMW, u większości odmian stwierdzono obecność 2 polipeptydów o masie 105,8 i 101 kDa. Wyjątek stanowiły odmiany: Dagro, Lamberto i Kitaro, u których w omawianej frakcji białek wykazano obecność 1 polipeptydu o masie 101 kDa. We frakcji białek ω wykazano obecność od 1 (Kitaro) do 6 (odmiana Lamberto) prążków białkowych. Polimorficznymi okazały się prążki o masie: 99,2; 95,09; 87,9; 83,44 i 81,6 kDa. Obserwowano je bowiem na elektroforegramach w różnych układach. Frakcja białek γ_{75} liczyła od 7 do 9 prążków o masie od 74,9 do 41,9 kDa. Polimorficznymi okazały się polipeptydy: 72,31; 70; 68,8 i 65,11 kDa. Najlżejsza frakcja białek zapasowych γ_{40} liczyła od 9 do 12 prążków białkowych o masie od 39,6 do 18,4 kDa. Analiza drzewa podobieństwa filogenetycznego wykazała, że badane odmiany pszenżyta były do siebie podobne w zakresie od 73,7 do 93,6%. Podzielono je przy tym na 5 różnych grup podobieństw genetycznych.

Słowa kluczowe: gliadyny, odmiany, polimorfizm, pszenżyto, SDS-PAGE

The aim of this work was to determine the genetic polymorphism of 15 varieties of triticale (Dagro, Moniko, Salvo, Fidelio, Lamberto, Pronto, Kitaro, Woltario, Tevo, Disco, Moreno, Presto, Prego, Chrono, Lasko) on the basis of SDS-PAGE technique. From 19 (Presto) to 27 (Salvo, Fidelio and Lambert) protein bands were observed on the electrophoregrams obtained for the above triticale varieties. Their weight varied from 105.8 to 18.4 kDa. According to the weight they were classified in four protein fractions: HMW, ω , γ_{75} and γ_{40} with weight: > 100 , $100 - 75$, $75 - 40$, and < 40 kDa, respectively. In the fraction including the heaviest proteins (HMW) the majority of varieties showed

the presence of 2 polypeptides of 105.8 and 101 kDa. The exception were varieties Dagro, Lamberto and Kitaro because they showed the presence of 1 polypeptide of 101 kDa. In fraction ω the presence of 1 (Kitaro) to 6 (Lamberto) protein bands was observed. The bands of 99.2, 95.09, 87.9, 83.44 and 81.6 kDa appeared to be polymorphic. In this fraction, they were observed on the electrophoregrams in different arrangements. Protein fraction γ_{75} consisted of 7 to 9 bands of weight ranging from 74.9 to 41.9 kDa. The polypeptides 72.31, 70; 68.8; and 65.11 kDa turned out to be polymorphic. The lightest fraction of the storage proteins (γ_{40}) contained 9 to 12 protein bands of weight ranging from 39.6 to 18.4 kDa. The analysis of the tree of the phylogenetic similarity showed that the examined varieties of triticale were similar to each other in the range from 73.7 to 93.6%. They were divided into 5 different groups of genetic similarities.

Key words: gliadins, polymorphism, SDS-PAGE, triticale, varieties

WSTĘP

Dynamicznie rozwijająca się biologia molekularna stworzyła nowe metody analizowania zmienności genetycznej (Waga, 1987; Marczewski, 1995). Znalazły one szerokie zastosowanie w charakterystyce materiałów wyjściowych, ocenie odrębności genetycznej odmian, ich wyrównania i trwałości a przede wszystkim w wykrywaniu markerów cech.

U roślin zbożowych szczególnie interesującą grupę markerów stanowią prolaminy — białka zapasowe ziarniaków zbóż (Sozinov, 1987; Waga, 1991). Są one bezpośrednimi produktami działania genów, a na zmienność w ich obrębie nie wpływają czynniki środowiskowe (Waga, 1987).

Zdaniem większości autorów charakterystyka prolamin prowadzona z zastosowaniem elektroforezy SDS-PAGE umożliwia w sposób dokładny, szybki i powtarzalny charakterystykę tej grupy białek, rozszerzając tym samym opis badanych odmian roślin zbożowych.

Celem niniejszej pracy było określenie różnic genotypowych między badanymi odmianami pszenżyta w oparciu o analizę składu frakcji białek zapasowych przy użyciu elektroforezy SDS-PAGE.

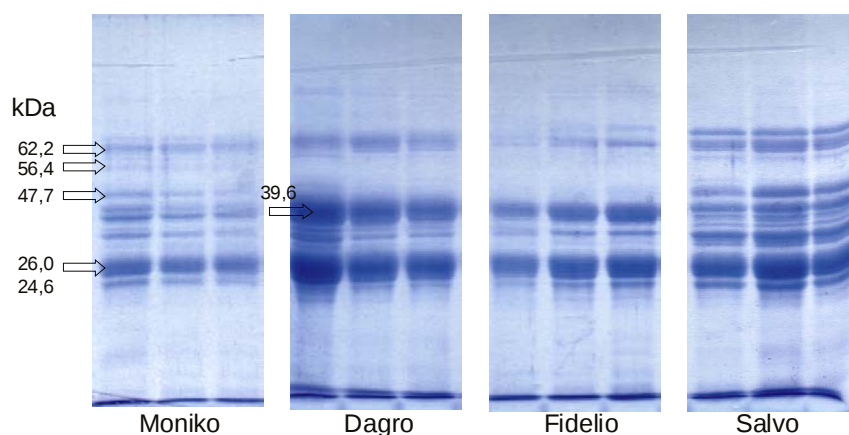
MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły ziarniaki 15 odmian pszenżyta otrzymane z Hodowli Odmian „Danko” Sp. z o.o. Oddział Małyszyn (Chrono) z Hodowli Roślin: Oddział Dębina (Dagro, Moniko, Salvo, Woltario), Oddział Dańków (Kitaro, Tewo, Prego), Oddział Łaski (Fidelio, Pronto, Disco, Lasko) i Oddział Choryń (Moreno, Presto, Lamberto). Białka zapasowe wymienionych genotypów pszenżyta izolowano, rozdzielano elektroforetycznie i barwiono według metod opisanych przez Westermeiera (1997). Prolaminy ekstrahowano z mąki otrzymanej z przemiału 5 pojedynczych ziarniaków każdej z badanych odmian pszenżyta. Do izolacji białek z tak otrzymanej próbki zastosowano 400 μ l — 70% etanolu. Po 18 godzinnej inkubacji próbki zwirowano, a następnie suszono i mieszano je z buforem ekstrakcyjnym składającym się z: ddH₂O, 0,5 M Tris-HCl, o pH 6,8, gliceryny, 10% (w/v) SDS, 2-mercaptoetanolu i 1% błękitu bromofenolowego w ilościach, odpowiednio: 15,2; 4,0; 3,20; 6,40; 1,60 i 1,60 ml w przeliczeniu na 32 ml buforu ekstrakcyjnego. Rozdziały elektroforetyczne przeprowadzono najpierw dla prolamin izolowanych z 5 losowo

wybranych ziarniaków każdej z odmian pszenżyta. Po sprawdzeniu ich jednorodności genetycznej, dla każdej z nich tworzono próbkę zbiorczą składającą się z 40 µl roztworu gliadyn każdego z przebadanych wcześniej ziarniaków. Na żel nanoszono po 15 µl próbki zbiorczej. Elektroforezę prowadzono w układzie nieciągłym w dwóch rodzajach żeli poliakrylamidowych — zagęszczającym (4%) i rozdzielającym (12,5%) w obecności buforu Tris-glicyna z dodatkiem soli sodowej siarczany dodecylu (SDS). Żele polimeryzowano dodając do mieszaniny akrylamidów 15 µl TEMED-u i 150 µl 10% APS (nadsiarczany amonu). Rozdział białek prowadzono w aparacie Multiphor II (Pharmacia LKB), przy stałym natężeniu prądu 50 mA. Wzorcem masowym była mieszanina białek rekombinowanych o masach od 14,4 do 116,0 kDa (Fermentas MBI). Po zakończeniu rozdzielania żele barwiono w roztworze Coomassie Brilliant Blue R-250, a po odbarwieniu utrwalano w 20% roztworze glicerolu. Wysuszone żele skanowano (Sharp JX-330 — Pharmacia LKB), a otrzymane obrazy cyfrowe opracowywano w oparciu o pakiet programu komputerowego „Diversity one 1.3” (Pharmacia LKB). Ustalono liczbę i masę wyodrębnionych na żelu prążków białkowych, klasyfikując je w zależności od masy do odpowiednich frakcji białkowych. Na podstawie obliczonych współczynników podobieństwa genetycznego i analizy skupień UPGMA wykreślono drzewo podobieństwa filogenetycznego (Diversity one 1.3 — Pharmacia LKB).

WYNIKI

Elektroforetyczna analiza białek zapasowych izolowanych z pojedynczych ziarniaków każdej z odmian pszenżyta wykazała ich jednorodność genetyczną (rys. 1).



Rys. 1. Elektroforegramy białek zapasowych izolowanych z pojedynczych ziarniaków wybranych odmian pszenżyta

Fig. 1. Electrophoregrams for storage proteins isolated from individual grains of triticale varieties

Natomiast w obrębie omawianych białek 15 badanych w doświadczeniu odmian pszenżyta stwierdzono dużą zmienność w składzie polipeptydów. Przejawiała się ona

różną liczbą prążków w poszczególnych frakcjach białkowych. Frakcja białek najcięższych (HMW o masie powyżej 100 kDa) liczyła od 1 do 2 prążków o masie od 108,5 do 101 kDa (tab. 1). We frakcji białek ω (100 — 75 kDa) stwierdzono obecność od 1 do 6 polipeptydów, o masie od 99,2 do 76,8 kDa. Frakcję białek γ_{75} reprezentowało od 7 do 10 prążków o masie od 74,9 do 42 kDa, zaś we frakcji białek najlżejszych — γ_{40} widocznych było od 8 do 12 polipeptydów. Ich masa wynosiła od 39,6 do 18,4 kDa.

Ogółem na elektroforegramach obserwowano od 19 do 26 polipeptydów, najwięcej — 26 u odmian: Salvo, Fidelio i Lamberto, najmniej — (19) u odmiany Presto.

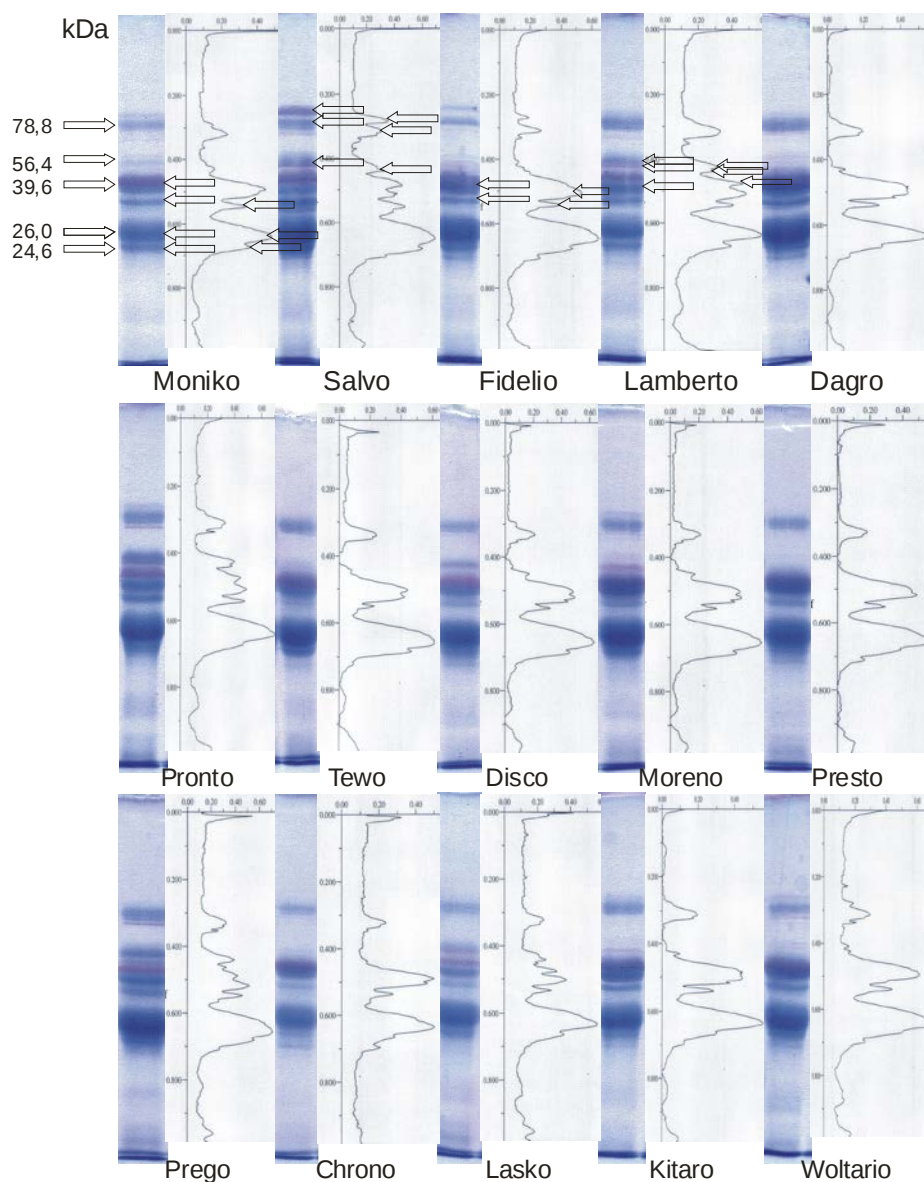
Tabela 1

Liczba prążków białkowych w poszczególnych frakcjach białek badanych odmian pszenżyta
Numbers of protein bands in separated fractions for triticale varieties

Odmiana Varieties	HMW > 100 kDa	ω 100–75	γ_{75} 75–40	γ_{40} < 40	Liczba prążków ogółem Total number of bands
Dagro	1	2	9	9	21
Moniko	1	5	8	8	22
Salvo	1	4	10	11	26
Fidelio	1	6	9	10	26
Lamberto	1	6	9	10	26
Pronto	1	5	8	10	24
Kitaro	1	4	8	10	23
Woltario	2	4	7	8	21
Tewo	2	5	8	9	24
Disco	2	3	8	8	21
Moreno	2	4	8	8	22
Presto	2	1	7	9	19
Prego	2	4	8	10	24
Chrono	2	4	7	10	23
Lasko	2	3	8	9	22
max - min	1–2	1–6	7–10	8–12	19–26
Masa prążków w kDa Mass of bands in kDa	101–108,5	76,8–99,2	74,9–42	39,6–18,4	

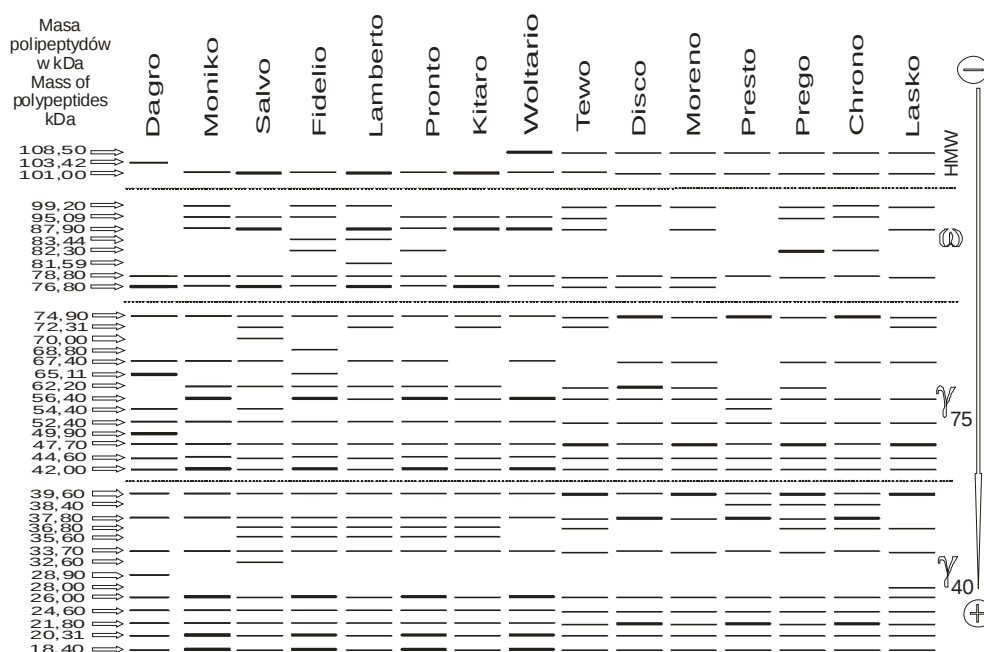
Polimorfizm białek zapasowych charakteryzowanych odmian pszenżyta przejawiał się przede wszystkim różnym układem polipeptydów, specyficznych dla danej odmiany. Ten polimorfizm przedstawiono na rysunku 2 w formie analizy elektroforetycznej i densytometrycznej. Analiza densytogramów wykreślonych dla odpowiednich profili białkowych potwierdziła obserwowany na elektroforegramach, duży zakres zmienności między badanymi odmianami pszenżyta. Przy czym wykorzystano ją jedynie do analizy jakościowej (obecność lub brak pików na densytogramie), obserwowanych w profilach białkowych, polipeptydów.

We frakcji białek HMW stwierdzono obecność trzech polipeptydów o masach: 108,5; 103,42 i 101 kDa widocznych na elektroforegramach w postaci jednego lub dwóch prążków. Charakterystycznym tylko dla odmiany Dagro, okazał się prążek o masie 103,42 kDa.



Rys. 2. Densytometryczna analiza elektroforetycznych rozdzielów białek zapasowych pszenżyta
Fig. 2. Densitometric analysis of electrophoretic storage protein patterns for triticale varieties

U odmian: Moniko, Salvo, Fidelio, Lamberto, Pronto i Kitaro wykazano obecność jednego prążka o masie 101 kDa. U pozostałych zaś odmian obserwowano dwa prążki o masach: 108,5 i 101 kDa (rys. 3).



Rys. 3. Elektroforetyczne obrazy białek zapasowych odmian pszenżyta
Fig. 3. Electrophoretic protein patterns for triticale varieties

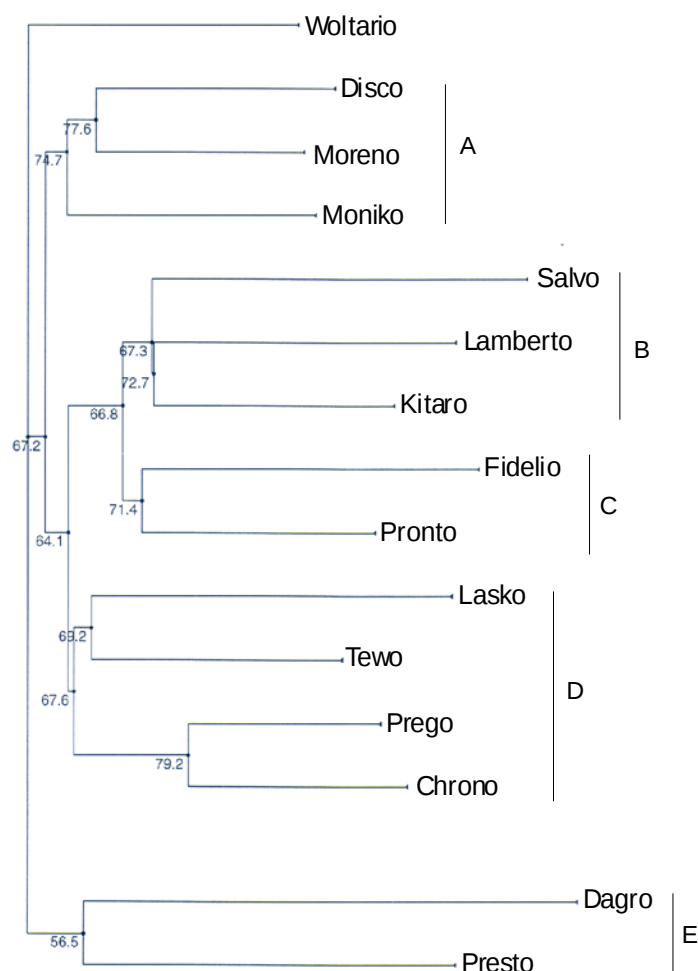
W drugiej z kolei frakcji białek ω wyróżniono od 1 do 6 prążków. Jeden prążek o masie 78,8 kDa był obecny na elektroforegramie odmiany Presto, sześć (o masach od 99,2 do 76,8 kDa) — u odmiany Lamberto. U pozostałych odmian wykazano obecność 3, 4 i 5 polipeptydów (rys. 3). Prążki tej frakcji tworzyły, podobnie jak prążki frakcji HMW, specyficzne układy elektroforetyczne pozwalające zróżnicować większość badanych odmian pszenżyta. Wyjątek stanowiły odmiany Prego i Chrono; Salvo i Woltario oraz Moniko i Tewo o tym samym układzie prążków białkowych (rys. 3).

We frakcji gliadyn — γ_{75} badanych odmian pszenżyta stwierdzono obecność od 7 do 9 polipeptydów tworzących, specyficzne wzory prążkowe charakterystyczne dla poszczególnych odmian pszenżyta. Identyczne układy prążków białkowych stwierdzono dla trzech grup odmian: Moniko, Pronto, Disco, Moreno i Prego, u Chrono i Woltario oraz Kitaro i Tewo.

Najliczniejszą, pod względem liczby wyodrębnionych polipeptydów, była frakcja gliadyn γ_{40} . Odznaczała się ona niewielkim zakresem zmienności. Na elektroforegramach większości odmian, w tej frakcji nie stwierdzono różnic w układach prążków. Wyjątek stanowiły odmiany: Dagro, Moniko, Salvo, Tewo, Presto i Lasko w obrazach których obecne były specyficzne dla nich prążki białkowe (32,6, 28,9, 28 kDa) oraz prążki (38,4, 36,8 i 35,6 kDa), pojawiające się w części badanych odmian (rys. 3).

Analiza dendrogramu podobieństwa filogenetycznego opracowanego w oparciu o zidentyfikowane na żelach prążki białkowe wykazała, że podobieństwo między

badanymi odmianami pszenżyta wahało się od 56,5 do 79,2% (rys. 4). Zaliczono je do 5 grup podobieństw. Do pierwszej grupy — A zaliczono odmiany: Disco, Moreno i Moniko podobne do siebie w granicach 73,5 do 77,6%, do grupy B — odmiany: Salvo, Lamberto i Kitaro (65,5 do 72,7%). Grupę C stanowiły odmiany: Fidelio i Pronto, grupę D odmiany: Lasko, Tewo, Prego i Chrono (69,2 do 79,2%). Do piątej grupy E — zaliczono odmiany: Dagro i Presto (56,5%). Wyjątek stanowiła odmiana Woltario wykreślona poza omówionymi grupami podobieństw.



A, B, C, D i E - grupy podobieństwa (%) - similarity groups (%)

Rys. 4. Dendrogram podobieństwa genetycznego wykreślony dla odmian pszenżyta w oparciu o elektroforetyczny układ białek

Fig. 4. Phylogenetic tree of genetic similarity between triticale varieties, drawn on the basis of electrophoretic protein patterns

DYSKUSJA

Efektem pionierskich prac zmierzających do opracowania logicznego systemu identyfikacji i klasyfikacji prolamin było połączenie metod opartych na biochemicznej i genetycznej ich charakterystyce (Drzewiecki, 1997; Waga, 2000). Uzyskany na drodze rozdziałów elektroforetycznych, w tym przede wszystkim elektroforezy SDS-PAGE, polimorfizm białek zapasowych uprawnych roślin zbożowych umożliwił między innymi charakterystykę uprawnych odmian i linii wsobnych: pszenic (Waga, 2000; Hegde i Singhal, 2000), żyta (Rzepka-Plevneš i Smolik, 2003; Smolik i Rzepka-Plevneš, 2003; Rzepka-Plevneš i in., 2004) i jęczmienia (Hsam i in., 1993).

W niniejszej pracy podjęto próbę scharakteryzowania genetycznej zmienności piętnastu polskich odmian pszenżyta ozimego. W przeprowadzonym doświadczeniu wykazano istotny polimorfizm w obrębie białek zapasowych badanych odmian pszenżyta. Przejawiał się on różną liczbą zidentyfikowanych na żelach prążków białkowych, umożliwiając opracowanie dla nich schematycznych bloków białkowych z zaznaczeniem wspólnych i polimorficznych prążków. Otrzymane wyniki badań pozostają w zgodności z wynikami badań Igrejas i wsp. (1999). Wymienieni autorzy scharakteryzowali genetyczną zmienność gliadyn pszenżyta, poddając elektroforetycznej analizie frakcje białek kodowane genami: *Glu-1*, *Gli-1*, *Glu-3*, *Glu-B2* i *Gli-R2* oraz genami *Glu-1*, *Sec-2* i *Sec-3*. Autorzy ci wskazując na zróżnicowanie genetyczne odmian pszenżyta w obrębie analizowanych *loci*, potwierdzili przydatność elektroforezy SDS-PAGE do tego typu analiz.

Badania własne wykazały, że największą liczbą polipeptydów charakteryzowały się odmiany: Salvo, Fidelio i Lamberto, najmniejszą — odmiana Presto. Masa wyodrębnionych na elektroforegramach polipeptydów wahała się od 18,4 do 108,5 kDa. Najliczniejsze pod względem liczby polipeptydów u badanych odmian pszenżyta okazały się gliadyny γ_{40} , największy zaś ich polimorfizm stwierdzono we frakcji białek γ_{75} . Przedstawione wyniki są potwierdzeniem wyników otrzymanych w innej, poświęconej również elektroforetycznej charakterystyce odmian pszenżyta, pracy (Rzepka-Plevneš i in., 2003).

Różna ruchliwość elektroforetyczna gliadyn badanych odmian pszenżyta jest odzwierciedleniem pewnej odrębności genetycznej każdej z nich. Jest ona determinowana przez różne układy alleli, których widocznym efektem działania są wizualizowane na żelach prążki białkowe. Ocena ich układów połączona z analizą komputerową pozwala określać procent podobieństwa między nimi, wskazując jednocześnie produkty polimorficzne. W niniejszej pracy podobieństwo genetyczne badanych odmian pszenżyta było zróżnicowane i wynosiło od 56,5 do 79,2%.

WNIOSKI

1. Polimorfizm białek zapasowych badanych odmian pszenżyta dotyczy przede wszystkim masy cząsteczkowej wyodrębnionych w poszczególnych frakcjach polipeptydów. Wahała się ona od 18,4 do 108,5 kDa. Dla każdej z badanych odmian można było ustalić specyficzny dla niej wzór prążków białkowych.

2. Każda z badanych odmian charakteryzuje się specyficznym dla siebie składem białek zapasowych, potwierdzającym jej odrębność genetyczną od innych odmian.
3. Podobieństwo genetyczne między ozimymi odmianami pszenżyta mieściło się w granicach od 56,5 do 79,2%.
4. Elektroforeza SDS-PAGE białek zapasowych pszenżyta stanowi przydatne narzędzie identyfikacji odmian pszenżyta.

LITERATURA

- Drzewiecki J. 1997. Ocena tożsamości roślin rolniczych na podstawie nasion i siewek — stan obecny i nowe kierunki. Biul. IHAR 203: 13 — 21.
- Hegde V., S., Singhal N., C. 2000. Identification and cluster analysis of Indian bread wheat varieties by acid PAGE of gliadin marker. Plant Varieties and Seeds 13: 1 — 9.
- Hsam S. L., K., Schickle H., Westemeier R., Zeller F.J. 1993. Identification of cultivars of crop species by polyacrylamide electrophoresis. Monatsschrift für Bauwissenschaft 46: 86 — 94.
- Igrejas G., Guedes-Pinto H., Carnide V., Branlard G. 1999. Seed storage protein in triticales varieties commonly grown in Portugal. Plant Breeding, 118: 303 — 306.
- Marczewski W. 1995. Markery molekularne w genetyce i hodowli roślin. Postępy Biochemii. 41 (4): 237 — 243.
- Rzepka-Plevneš D., Smolik M. 2003. Polymorphism of the storage proteins in rye cultivars and populations selected for tolerance to nutrient deficiency. Plant Breed. Seed Sci. 48 (2/2): 49 — 59.
- Rzepka-Plevneš D., Smolik M., Krupa M. 2003. Zmienność elektroforetyczna białek zapasowych różnych odmian pszenżyta (X *Triticosecale* Wittmack). Biul. IHAR 226/227/1: 181 — 189.
- Rzepka-Plevneš D., Smolik M., Lebiecka K. 2004. Polimorfizm białek zapasowych wybranych form żyta (*Secale* sp.) określony techniką SDS-PAGE. Biul. IHAR 231:247 — 253.
- Smolik M., Rzepka-Plevneš D. 2003. Ocena zmienności genetycznej linii wsobnych i mieszańcowości żyta metodą SDS-PAGE. Biul. IHAR 226/227/2: 309 — 317.
- Sozinov A.A. 1987. Blocks of cereal storage proteins as genetic markers. Vavilov Institute of Cereal Genetics, USSR Academy of Science, Moscow
- Waga J. 1987. Białka gliadynowe i ich rola w hodowli pszenic. Biul. IHAR 164: 181 — 188.
- Waga J. 1991. Zróżnicowanie frakcji białek gliadynowych u wybranych form pszenicy ozimej i jarej. Hod. Rośl. Aklim. 35: 59 — 63.
- Waga J. 2000. Syntetyczna metoda klasyfikacji białek gliadynowych. Biul. IHAR 215: 35 — 61.
- Westemeier R. (ed.) 1997. Electrophoresis in practice. VCH Verlagsgesellschaft mBH.

ANDRZEJ OLEKSY**ALEKSANDER SZMIGIEL**Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin
Akademia Rolnicza w Krakowie

Wielkość i struktura plonu mieszanek pszenżyta z pszenicą ozimą w zależności od udziału komponentów

Amount and structure of yield of triticale and winter wheat mixtures depending on proportions of the components

Doświadczenie polowe prowadzono na terenie Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej (420 m.n.p.m.) w latach 1997–2000. Doświadczenie obejmowało 9 obiektów o różnym składzie gatunkowym i ilościowym mieszanek oraz siewy czyste pszenżyta ozimego (Bogo, Fidelio) i pszenicy (Almari). W przeprowadzonych badaniach porównywano plonowanie i cechy struktury plonu wariantów mieszanek o różnym udziale w nich komponentów z jednogatunkowymi zasiewami pszenżyta i pszenicy. W siewach mieszanych udział pszenżyta wynosił 75, 50 i 25%. Pod względem plonów ziarna zbóż uprawianych w siewie czystym, pszenżyto znacznie przewyższało pszenicę. Z badanych odmian pszenżyta wyżej plonowała odmiana Fidelio. Badane warianty mieszanek przewyższały plonami pszenicę, ale ustępowały pszenżytu. Istotnie wyżej od pszenicy plonowały wszystkie badane mieszanki. Liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren w niewielkim stopniu zależały od udziału pszenicy w mieszance. Udział ziarna pszenżyta w plonie mieszanek zależał od składu ilościowego komponentów mieszanki siewnej i odmiany pszenżyta oraz podlegał znacznym wahaniom w czasie prowadzenia doświadczeń.

Słowa kluczowe: mieszanki, plon, pszenica ozima, pszenżyto ozime, struktura plonu

The field experiment was conducted at the Krakowsko-Częstochowska Upland (420 m a.s.l.) in 1997–2000. The trial was performed in 9 plots, comprising pure sowing of winter triticale (cvs Bogo and Fidelio) and winter wheat (cv. Almari), and mixtures of these crops, in which the proportions of triticale amounted 75, 50 and 25%. Yielding and yield structure of the mixtures were compared to those in triticale and wheat grown in pure sowing. In the latter, the yield of triticale was significantly higher than the yield of wheat, cv. Fidelio yielding at the highest level. The yields of the mixtures were higher than that of wheat, but lower than the yield produced by triticale. It was found that both the number of grains per ear and the weight of 1000 grains only slightly depended on wheat proportion in the mixture. A share of triticale grain in yields of the mixtures depended both on the proportions of triticale and wheat in the sowing material and triticale cultivar. Moreover, it greatly fluctuated depending on the year of the study.

Key words: mixture, winter wheat, winter triticale, yield, yield structure

WSTĘP

Spośród zbóż jarych do uprawy w mieszankach nadają się wszystkie uprawiane w Polsce gatunki. Najczęściej jednak uprawiane są mieszanki jęczmienia z owsem, a w dalszej kolejności jęczmienia z pszenicą, jęczmienia z owsem i pszenicą, a najrzadziej pszenicy z owsem (Rudnicki i Wasilewski, 1993 b; Michalski, 1994 a; Rudnicki, 1999). Dotychczasowe badania nad międzygatunkowymi siewami mieszanymi zbóż koncentrowały się głównie na zbożach jarych, szczególnie dużo prac poświęcono mieszankom z udziałem owsa i jęczmienia, znacznie mniej z udziałem pszenżyta, ze względu na stosunkowo krótki okres czasu jego uprawy. Zagadnieniem uprawy zbóż ozimych w mieszankach międzygatunkowych zajmowali się nieliczni autorzy. Uprawa zbóż ozimych w mieszankach jest znacznie rzadziej spotykana w praktyce rolniczej. Zdaniem Dziamby (1991) mieszanki takie zdarzają się najczęściej w wyniku mechanicznego zanieczyszczenia materiału siewnego innymi gatunkami zbóż. Ponadto rolnicy nie zawsze stosują się do zaleceń agrotechnicznych i najczęściej wykorzystują własny materiał siewny, nie zawsze wolny od nasion innych gatunków zbóż. Również ziarno pochodzące z plantacji nasiennych bywa zanieczyszczone (Grzelak i in., 1990).

Uprawa pszenżyta ozimego w mieszankach z pszenicą jest stosunkowo mało zbadanym zagadnieniem. W nielicznych badaniach mieszanki takie ujmowane były jako wynik zanieczyszczenia materiału siewnego pszenżyta ziarniakami innych zbóż. W literaturze zauważalny jest, zatem brak wielu informacji o zachowaniu się form ozimych w uprawie z siewu mieszanego, tym bardziej odczuwalny w przypadku nowych odmian pszenżyta.

Celem badań była ocena plonowania odmian karłowatych i tradycyjnych pszenżyta ozimego uprawianego w zasiewach jednogatunkowych oraz w mieszankach z pszenicą przy różnym udziale tych gatunków oraz prześledzenie zmian zachodzących w elementach struktury plonu obu komponentów pod wpływem uprawy w mieszance.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie polowe wykonano w latach 1998–2000 metodą losowanych bloków w czterech powtórzeniach w miejscowości Zagórowa położonej na terenie Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej, na glebie kompleksu pszennego dobrego (brunatna kwaśna). W badaniach, które obejmowały 9 obiektów uprawiano dwa gatunki zbóż ozimych: pszenżyto Bogu i Fidelio oraz pszenicę Almari w siewie czystym oraz we wzajemnych mieszankach. W siewie mieszanym udział pszenżyta wynosił: 75, 50, i 25%. Ustalając ilość wysiewu przyjęto gęstość siewu w siewie czystym: pszenżyto 450 szt./m², pszenica 500 szt./m² stosując rozstaw rzędów, co 12,5 cm. W zasiewach mieszanych gęstości siewów gatunków odpowiadały procentowi ich udziału w mieszance. Zboża każdego roku wysiewano w III dekadzie września w stanowisku po ziemniaku uprawianym na oborniku. Wielkość pojedynczego poletka wynosiła 10 m² do zbioru. Przed siewem nasiona zaprawiono preparatem Funaben T. Przedsięwzięcie uprawę gleby przeprowadzono zgodnie z zasadami agrotechnicznymi zalecanymi przy uprawie badanych gatunków. Nawożenie fosforowe zbóż ozimych w ilości 40 kg P₂O₅·ha⁻¹ w formie superfosfatu potrójnego

i potasowe w ilości 60 kg K₂O·ha⁻¹ w postaci 60% soli potasowej zastosowano przed orką siewną. Nawożenie azotowe w ilości 50 kg N·ha⁻¹ w postaci saletry amonowej stosowano wiosną przed ruszeniem wegetacji. Zabiegi pielęgnacyjne w czasie wegetacji zbóż ograniczono do zwalczania chwastów herbicydem Chwastox D w dawce 5 l/ha w fazie krzewienia zbóż. Zbiory plonów przeprowadzano w fazie dojrzałości pełnej pszenicy. W próbach roślinnych pobranych przed zbiorem z powierzchni 1 m² oznaczano liczbę pędów produktywnych oraz na obiektach z mieszankami określano strukturę ładu, czyli udział w nim pszenżyta i pszenicy. Ponadto na 20 losowo wybranych z każdego poletka żdźbłach oznaczano liczebność ziaren w kłosie i masę ziarna z kłosa. Z prób roślinnych pochodzących z obiektów, na których uprawiano mieszanki do analizy pobierano po 20 żdźbeł każdego komponentu mieszanki. W próbach ziarna (po jednej z każdego poletka) określono masę 1000 ziaren i udział ziarna poszczególnych komponentów. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie metodą analizy wariancji na poziomie istotności $\alpha = 0,05$.

Pod względem sumy opadów najbardziej zbliżony do średniej wieloletniej był rok 1998, w pozostałych latach opady kształtowały się na niższym poziomie. Rok 1999 charakteryzował się niską roczną sumą opadów, niższą od przeciętnych o 40%, a w roku 2000 opady były niższe o 20% (tab. 1). Ilość opadów od kwietnia do lipca wynosiła odpowiednio w latach 298, 285, 229 mm przy średniej wieloletniej dla tego okresu 324 mm.

Tabela 1

Przebieg warunków pogodowych w okresie prowadzenia doświadczeń
Weather conditions in the experimental period

Miesiąc Month	1997–1998		1998–1999		1999–2000		1997–2000	
	średnia temperatura mean temperature	suma opadów sum of precipitation	średnia temperatura mean temperature	suma opadów sum of precipitation	średnia temperatura mean temperature	suma opadów sum of precipitation	średnia temperatura mean temperature	suma opadów sum of precipitation
X	5,6	82,2	7,1	151,6	7,3	75,0	8,9	47,1
XI	2,9	54,1	-1,2	74,1	1,1	14,0	3,5	48,8
XII	-0,1	39,1	-2,7	17,1	-0,1	3,0	-1,3	46,3
I	0,0	26,6	-0,1	18,0	-4,0	35,6	-2,7	39,1
II	2,9	37,6	-2,2	11,0	-1,6	28,9	-1,0	37,2
III	1,1	23,2	4,0	22,0	3,9	57,0	2,7	39,2
IV	9,7	41,0	9,2	48,0	7,7	29,0	7,9	49,6
V	13,4	75,9	12,9	44,0	10,2	53,0	13,0	84,8
VI	17,0	95,0	15,9	115,0	14,8	68,0	16,0	88,6
VII	16,9	85,7	19,1	78,0	15,8	79,0	18,0	101,1
VIII	16,7	78,2	16,9	38,0	18,8	51,0	16,9	84,7

Biorąc pod uwagę roczne sumy opadów poszczególnych lat oraz kryteria opracowane przez Kaczorowską (1962) to rok 1999 można uznać za bardzo suchy, rok 2000 za suchy, a 1998 za przeciętny. Kwiecień 2000 roku charakteryzował się niskimi opadami, niższymi od normy o 50%, w pozostałych latach opady były nieznacznie niższe od przeciętnych dla tego miesiąca. Maj 1999 i 2000 roku nie obfitował w opady, były one niższe od przeciętnych odpowiednio o 40 mm, i w 1999 roku o 30 mm. Niekorzystny pod względem ilości opadów był również czerwiec 2000 roku z opadami niższymi od przeciętnych o 20

mm. W 1998 roku opady tego miesiąca były nieznacznie wyższe od przeciętnych a w 1999 roku wyższe o 27 mm. Lipcowe opady we wszystkich latach prowadzenia badań były niższe od przeciętnych. Analizując wartości średniej miesięcznej temperatury powietrza w okresie badawczym należy zwrócić uwagę na niską średnią temperaturę maja i lipca 2000 roku. W latach 1998 i 1999 obserwowano cieplejszy kwiecień z temperaturą wyższą od przeciętnej w 1998 roku o 1,8°C, a w 1999 o 1,3°C. Również czerwiec 1998 roku i lipiec 1999 był nieco cieplejszy ze średnią dobową temperaturą wyższą od przeciętnej o 1°C.

WYNIKI I DYSKUSJA

W przeprowadzonych badaniach plony ziarna zbóż ozimych uprawianych z siewu czystego i w mieszankach układały się w przedziale od 3,78 do 6,08 t·ha⁻¹ w zależności od sezonu wegetacyjnego i sposobu uprawy (tab. 2).

Tabela 2

Plon ziarna odmian pszenżyta i pszenicy oraz ich mieszanek o różnym udziale komponentów (t·ha⁻¹)
The grain yield of triticale and wheat and of their mixtures differing in proportions (t·ha⁻¹)

Odmiany Cultivars	Udział gatunku w zasiewie (%) Share in culture	Lata badań Years of study			Średnio Mean
		1998	1999	2000	
Bogo	100	6,02	5,41	5,44	5,62
	75	5,49	5,37	5,54	5,47
	50	5,18	5,05	5,06	5,09
	25	4,85	4,67	4,80	4,77
Fidelio	100	6,08	5,91	5,86	5,95
	75	5,73	5,69	5,56	5,66
	50	5,44	5,27	5,29	5,33
	25	5,03	4,61	4,86	4,83
Almari	100	3,78	4,50	4,57	4,28
Średnio z lat badań Mean for years		5,29	5,16	5,22	—
NIR ($\alpha=0,05$) — LSD ($\alpha=0,05$) dla; for:					
lat — years					0,088
obiektów — objects					0,202
interakcji lata × obiekty — interaction years × objects					0,349 / 0,263

Największe plony ziarna uzyskano w 1998 roku, średnio 5,29 t·ha⁻¹ i nieznacznie mniejsze w 2000 roku. Najgorzej plonowały zboża w 1999 roku, uzyskany średni plon był istotnie mniejszy w porównaniu do pierwszego roku badań a w porównaniu do 2000 roku kształtował się na zbliżonym poziomie. Spośród badanych gatunków pszenżyto plonowało znacznie lepiej niż pszenica. O wyższym plonowaniu pszenżyta niż pszenicy donoszą również Mazurkowie (1987). Większy poziom plonowania pszenżyta w porównaniu do pszenicy obserwowali również Rudnicki i Wasilewski (1993 c) w badaniach nad plonowaniem mieszanek zbożowych z udziałem pszenżyta jarego, oraz Wasilewski (1994 a). W okresie badań średni plon pszenicy był o 1,34 t·ha⁻¹ mniejszy niż pszenżyta Bogo i o 1,67 t·ha⁻¹ mniejszy niż odmiany Fidelio. Na stosunkowo niskie plonowanie pszenicy i mieszanek z jej 25% udziałem w materiale siewnym, znaczący wpływ wywarły warunki

siedliskowe a zwłaszcza kwaśny odczyn gleby. Pszenżyto Bogo plonowało istotnie niżej w porównaniu do odmiany Fidelio. Zdaniem Rudnickiego i Wasilewskiego (1993 a b), Dziamby i Rachonia (1994), Michalskiego (1994 a b), Noworolnika i Rybickiego (1994) oraz Szemplińskiego i Budzyńskiego (1994) plony ziarna mieszanek zbóż jarych najczęściej układają się na poziomie pośrednim, między wydajnością odpowiednich gatunków uprawianych w siewie czystym, a niekiedy, choć rzadko bywają mniejsze niż każdego z gatunków wysiewanych oddzielnie. Średnie plony ziarna większości mieszanek w okresie badań były mniejsze od plonów badanych odmian pszenżyta uprawianych w siewie czystym. Wyjątkiem była mieszanka z 75% udziałem odmiany Bogo, która plonowała na zbliżonym poziomie do siewu czystego pszenżyta. Wszystkie badane mieszanki przewyższały poziom plonowania pszenicę uprawianą w siewie czystym. Zróżnicowany udział komponentów w materiale siewnym mieszanki w sposób istotny różnicował poziom plonowania mieszanek. W badaniach nad zasiewami mieszanymi zbóż jarych Michalski i wsp. (1994), Michalski (1994 a), Noworolnik (1994) i Wasilewski (1994 a b) również stwierdzili znaczący wpływ udziału komponentów w mieszance siewnej na wysokość uzyskiwanych plonów ziarna.

W latach prowadzenia doświadczeń plony ziarna odmian pszenżyta i jego mieszanek z pszenicą wykazały niejednakową reakcję na uprawę w siewie mieszanym, co zostało potwierdzone istotnym współdziałaniem lat z badanymi obiektami. Mieszanki z 75% udziałem pszenicy plonowały istotnie wyżej w porównaniu do pszenicy uprawianej w siewie czystym z wyjątkiem 1999 roku, w którym plony ziarna były zbliżone. W latach 1999 i 2000 pszenżyto Fidelio uprawiane z siewu czystego plonowało istotnie lepiej niż odmiana Bogo natomiast w roku 1998 poziom plonowania odmian pszenżyta był zbliżony.

Obsada kłosów przed zbiorem wynosiła od 346 do 441 szt. $\cdot$ m⁻² w zależności od gatunku, odmiany pszenżyta i udziału komponentów w mieszance siewnej (tab. 3). Najmniejszą liczbą źdźbeł produktywnych na jednostce powierzchni charakteryzowała się pszenica uprawiana w siewie czystym. Wszystkie badane mieszanki oraz odmiany pszenżyta uprawiane z siewu czystego miały istotnie większą obsadę kłosów na jednostce powierzchni. Liczba źdźbeł produktywnych odmian pszenżyta uprawianego w siewie czystym kształtowała się na zbliżonym poziomie z nieznaczną przewagą na korzyść odmiany Bogo. Mieszanki charakteryzowały się podobnym zagęszczeniem pędów produktywnych i nie różniły się istotnie tą cechą w porównaniu do siewów czystych odpowiednich odmian pszenżyta.

Jedną z charakterystycznych cech mieszanek jest zmienność ich składu. Udział jednego z komponentów w łanie jest zwykle większy niż wynikałoby z zastosowanych proporcji w materiale siewnym mieszanki. W badanych mieszankach udział kłosów pszenżyta i pszenicy był zbliżony do zastosowanych proporcji tych gatunków w czasie siewu. Kłosów odmiany Bogo w mieszance o największym — 75% udziale pszenżyta w materiale siewnym niezależnie od lat prowadzenia badań było o około 7% więcej niż wynikałoby to z proporcji komponentów przy siewie, a odmiany Fidelio o 9%. W łanie mieszanek o 50% udziale komponentów w mieszance siewnej, nieznaczną przewagę miały kłosy odmiany Fidelio, natomiast udział kłosów odmiany Bogo był nieznacznie mniejszy. Znacznie mniej

kłosów pszenżyta od zakładanego udziału obserwowano w mieszance o najmniejszym — 25% udziale odmiany Bogo. Średnio, dla lat kłosy tej odmiany w łanie mieszanki stanowiły tylko 20%, a kłosów odmiany Fidelio było więcej o 3% (tab. 3). W świetle tego porównania można powiedzieć, że bardziej konkurencyjna w stosunku do pszenicy była odmiana Fidelio, a odmiana Bogo charakteryzowała się większą konkurencyjnością tylko w mieszance o 75% udziale pszenżyta. Według Michalskiego (1996) gatunki zbóż występujące w mieszance zwiększają względną liczbę kłosów przy swym niewielkim 25% udziale w mieszance, natomiast w mieszankach z większym udziałem gatunku (50% i 75%) dużą konkurencyjność wykazuje pszenżyto.

Tabela 3

Liczba źdźbeł produktywnych przed zbiorem oraz udział kłosów pszenżyta w łanie mieszanek (powierzchnia 1 m²)
Number of productive culms before harvest and share of triticale ears in the stand of mixtures (area of 1 m²)

Skład mieszanki siewnej (%) Sowing mixture composition	Liczba kłosów ogółem na 1 m ² Total number of heads per 1 m ²	Udział kłosów pszenżyta w łanie (1 m ²) Share of triticale ears in stand (1 m ²)	
		liczba kłosów number of ears	(%)
Bogo 100	430,8	—	—
Bogo 75+Almari 25	441,7	362,2	82
Bogo 50+Almari 50	414,0	202,9	49
Bogo 25+Almari 75	436,0	87,2	20
Fidelio 100	414,1	—	—
Fidelio 75+Almari 25	417,6	350,8	84
Fidelio 50+Almari 50	422,3	219,6	52
Fidelio 25+Almari 75	415,4	116,3	28
Almari 100	346,3	—	—
NIR ($\alpha = 0,05$) — LSD ($\alpha = 0,05$)	22,48	—	—

Warunki rozwojowe panujące w łanie, w przypadku uprawy zbóż w mieszankach zależą nie tylko od warunków środowiskowych, ale również od wpływu roślin gatunku towarzyszącego. Warunki te wywierają znaczący wpływ na wielkości elementów struktury plonu komponentów mieszanki, a tym samym i na efekt końcowy — plon ziarna. Odmiany pszenżyta na uprawę w mieszance z pszenicą pod względem elementów struktury reagowały różnie. Liczba ziaren w kłosach pszenżyta uprawianego w mieszankach była mniejsza niż w kłosach z siewu czystego. Odmiana Bogo w zasiewach mieszanych wykształcała istotnie mniej ziaren w kłosach niż w siewie czystym, a udział komponentów w mieszance nie powodował większego zróżnicowania w wielkości tej cechy. W przypadku odmiany Fidelio istotne zmniejszenie liczby ziaren w kłosie w porównaniu do siewu czystego obserwowano w mieszankach o 50% i 75% udziale pszenicy. Podobnie jak w przypadku odmiany Bogo, udział pszenicy w mieszance nie powodował istotnych zmian w wielkości tego elementu struktury. Dorodność ziarna pszenżyta nie była uzależniona od udziału pszenicy w mieszance. Odmiana Bogo uprawiana w mieszance wydawała mniejszy plon z kłosa. Istotnie mniejszą masą ziarna z kłosa w porównaniu do kłosów z siewu czystego charakteryzowało się pszenżyto w mieszance z 75% udziałem pszenicy. Kształtowanie się wielkości tej cechy u obydwu odmian pszenżyta uprawianego

w mieszance nie było uzależnione od udziału pszenicy. Rudnicki (1994) podaje natomiast, że pszenżyto uprawiane w mieszance z pszenicą w największym stopniu zmniejsza liczbę ziaren w kłosie a w nieco mniejszym masę 1000 ziaren i masę ziarna z kłosa. Pszenica natomiast reaguje zwiększeniem liczby ziaren w kłosie i masy ziarna z kłosa, a w największym stopniu zwiększa masę 1000 ziaren. W badaniach nad reakcją odmian pszenżyta jarego i pszenicy jarej na uprawę we wzajemnych mieszankach Michalski i wsp. (1994 i 1997) stwierdzili, że masa 1000 ziaren oraz liczba ziaren w kłosie zarówno pszenicy, jak i pszenżyta maleją wraz ze spadkiem ich udziału w mieszance, zachowując stabilność w przedziałach 75% i 50% udziału. Dziamba i Rachoń (1994) badając plonowanie i konkurencyjność pszenżyta i pszenicy w siewach mieszanych zauważyli, że lepsze uziarnienie kłosów osiągały badane zboża (pszenżyto i pszenica) w mieszankach z dominacją pszenicy. Natomiast w mieszankach z przewagą pszenżyta o 20% mniejszą liczbę ziaren w kłosie miała pszenica a pszenżyto nie wykazywało istotnych zmian w stosunku do czystego siewu. Masa 1000 ziaren pszenżyta w mieszankach była nieznacznie wyższa, a pszenica nie wykazywała większego zróżnicowania. Pszenżyto ozime, reprezentowane w przeprowadzonych badaniach przez dwie odmiany Bogo i Fidelio, różniło się takimi elementami jak liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren. Istotnie więcej ziaren stwierdzono w kłosach odmiany Bogo (tab. 4).

Tabela 4

Wartości elementów plonowania odmian pszenżyta w zależności od udziału w materiale siewnym oraz roku badań
Values of yield elements of triticale cultivars depending on their share in sowing material and the year of experiment

Odmiana Cultivar	Udział gatunku w zasiewie (%) Share in culture	Liczba ziaren w kłosie (szt.) Kernels per ear (piece)	Masa 1000 ziaren (g) Thousand seeds weight	Masa ziarna z kłosa (g) Grain weight per head
Bogo	100	36,9	37,4	1,44
	75	35,1	37,3	1,36
	50	34,1	37,0	1,41
	25	33,9	35,7	1,30
Fidelio	100	33,8	46,0	1,52
	75	32,3	47,0	1,48
	50	31,1	47,4	1,53
	25	31,6	47,4	1,45
NIR ($\alpha = 0,05$) — LSD ($\alpha = 0,05$)		1,59	1,70	0,108
Lata Years	1998	28,9	45,3	1,40
	1999	33,7	43,1	1,39
	2000	37,0	38,4	1,45
NIR ($\alpha = 0,05$) — LSD ($\alpha = 0,05$)		0,69	0,74	0,047

Odmiana Fidelio charakteryzowała się natomiast dorodniejszym ziarnem i mniejszą liczbą ziaren w kłosie, co w efekcie nie powodowało znaczącego zróżnicowania pomiędzy odmianami w wielkości plonu ziarna z kłosa. Warunki pogodowe w okresie prowadzenia doświadczeń wywarły istotny wpływ na ilość ziaren w kłosie, masę 1000 ziaren i masę ziarna z kłosa. Największą liczbą ziaren z kłosa i masą ziarna z kłosa charakteryzowały się

badane odmiany pszenżyta w 2000 roku. Odmiany pszenżyta uprawiane w mieszankach wykształcały ziarno o zbliżonej masie 1000 ziaren do siewu czystego.

Elementy struktury plonu pszenicy uprawianej w mieszankach różniły się w zależności od odmiany pszenżyta i jego udziału w materiale siewnym mieszanki, a także roku badań (tab. 5).

Tabela 5

Elementy plonowania pszenicy w siewie czystym i w mieszankach z pszenżytem w zależności od udziału w materiale siewnym i roku badań
Wheat yield elements in pure sowing and in mixtures with triticale depending on their share in sowing material and the year of the study

Skład mieszanki siewnej Sowing mixture composition	Liczba ziaren w kłosie (szt.) Kernels per ear (piece)	Masa 1000 ziaren (g) Thousand seeds weight	Masa ziarna z kłosa (g) Grain weight per head
Almari 100	29,9	45,0	1,21
Almari 25+Bogo 75	26,0	43,8	1,08
Almari 50+Bogo 50	29,0	43,6	1,12
Almari 75+Bogo 25	26,1	42,8	1,13
Almari 25+Fidelio 75	26,8	46,4	1,07
Almari 50+Fidelio 50	26,0	47,0	1,06
Almari 75 Fidelio 25	25,0	44,1	1,07
NIR ($\alpha = 0,05$) — LSD ($\alpha = 0,05$)	1,73	1,89	0,091
Lata Years			
1998	21,5	51,0	0,85
1999	27,0	44,9	1,25
2000	32,4	38,0	1,22
NIR ($\alpha = 0,05$) — LSD ($\alpha = 0,05$)	0,89	0,97	0,047

Najwięcej ziaren w kłosie wykształcała pszenica uprawiana w siewie czystym i w mieszance z 50% udziałem pszenżyta Bogo. W pozostałych mieszankach odnotowano istotnie mniejszą liczbę ziaren niż w kłosach z siewu czystego. Uzyskane wyniki świadczą o braku reakcji pod względem tej cechy na różny udział pszenżyta Fidelio w mieszance. Niekorzystnie na kształtowanie się tego elementu wpływała obecność odmiany Bogo, gdy jej udział w mieszance wynosił 75% lub 25%. Masa 1000 ziaren pszenicy uprawianej w mieszankach z odmianą Bogo była mniejsza, a istotną różnicę w porównaniu do siewu czystego odnotowano w mieszance o 25% udziale odmiany Bogo. Zróżnicowany udział pszenżyta Bogo w mieszankach nie powodował znaczących zmian w kształtowaniu się tej cechy pszenicy. Korzystnie na wielkość tego elementu struktury wpływała obecność odmiany Fidelio szczególnie, gdy jej udział w mieszance wynosił 50%. Pszenica ozima uprawiana z siewu czystego charakteryzowała się największą masą ziarna z kłosa. Zbliżony do siewu czystego plon ziarna z kłosa odnotowano w mieszankach o 50% i 25% udziale odmiany Bogo. W pozostałych mieszankach pszenica charakteryzowała się istotnie mniejszą masą ziarna z kłosa, a udział komponentów nie wywierał znaczącego wpływu na omawianą cechę.

Udział ziarna pszenżyta w plonie mieszanek ozimych zależał od składu ilościowego komponentów mieszanki siewnej, odmiany pszenżyta oraz podlegał znacznym wahaniom w czasie prowadzenia doświadczeń (tab. 6).

Tabela 6

Udział ziarna (%) odmian pszenżyta ozimego w plonie mieszanek z pszenicą w zależności od roku badań**Share of grain of winter triticale cultivars in the yield of mixtures depending on the year of the study**

Mieszanki Mixture	Lata Years			Średnio Mean
	1998	1999	2000	
Bogo 75	69,8	82,9	83,1	78,6
Bogo 50	53,1	51,1	55,5	53,2
Bogo 25	30,2	22,8	31,4	28,1
Fidelio 75	71,1	85,0	85,2	80,4
Fidelio 50	52,7	52,8	66,0	57,1
Fidelio 25	31,8	29,3	34,7	31,9

Niezależnie od sezonu wegetacyjnego w mieszankach o 75% udziale pszenżyta, ziarno odmiany Bogo w plonie mieszanki stanowiło około 78,6%, a udział ziarna odmiany Fidelio w plonie z mieszanki o analogicznym udziale był większy, wynosił ponad 80%. W mieszankach o jednakowym składzie ilościowym komponentów (po 50%) udział ziarna pszenżyta w plonie mieszanek wynosił ponad 50%, przy czym udział ziarna odmiany Fidelio w mieszance był większy niż udział ziarna odmiany Bogo w analogicznej mieszance, co wydaje się być zrozumiałe, gdyż odmiana Fidelio charakteryzowała się dorodniejszym ziarnem. Również w plonie ziarna mieszanek o 25% udziale pszenżyta, większy udział w plonie miało ziarno odmiany Fidelio niż odmiany Bogo. Analizując udział ziarna pszenżyta w plonie mieszanek o różnym składzie ilościowym komponentów w poszczególnych sezonach wegetacyjnych stwierdzono znaczne wahania udziału pszenżyta i pszenicy w plonie ziarna mieszanek.

WNIOSKI

1. Nie stwierdzono wyższego plonowania mieszanek pszenżyta z pszenicą ozimą niż pszenżyta uprawianego w siewie czystym. Plonowaniu mieszanek sprzyjał wzrastający w nich udział pszenżyta.
2. Pszenżyto Bogo w porównaniu do odmiany Fidelio zarówno w siewie czystym, jak i w mieszankach wykładało więcej ziaren w kłosie, ale o mniejszej masie 1000 ziaren.
3. Pszenżyto ozime uprawiane w mieszankach z pszenicą wykładało mniej ziaren w kłosach niż w siewie czystym, tym mniej im większy był udział pszenicy w mieszance siewnej.

LITERATURA

- Dziamba Sz. 1991. Badania nad konkurencyjnością pszenżyta i żyta w siewach mieszanych. Biul. IHAR 180: 89 — 91.
- Dziamba Sz., Rachoń L. 1994. Plonowanie i konkurencyjność pszenżyta i pszenicy w siewach mieszanych. Zesz. Nauk. AR w Szczec. 162, Rolnictwo LVIII: 35 — 39.
- Grzelak K., Małuszyńska E., Belotti J., Dul S. 1990. Czystość ziarna pszenżyta z plantacji nasiennych. Biul. IHAR 173/174: 185 — 190.

- Kaczorowska Z. 1962. Opady w Polsce w przekroju wieloletnim. Pr. Geogr. Inst. Geogr. PAN, 33: 1 — 107.
- Mazurek J., Mazurek J. 1987. Produkcyjność pszenżyta i innych zbóż w różnych warunkach siedliskowych. *Frag. Agron.* 14 (2): 31 — 46.
- Michalski T. 1994 a. Agrotechniczne aspekty uprawy mieszanek w świetle literatury. Materiały z konferencji „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”. Poznań, 2.12.1994: 65 — 74.
- Michalski T. 1994 b. Plonowanie i wartość paszowa pszenżyta jarego w siewie czystym i w mieszankach trójgatunkowych z jęczmieniem i owsem. *Zesz. Nauk. AR Szczec., Rol.*, 58: 169 — 173.
- Michalski T. 1996. Ocena przydatności pszenżyta jarego do uprawy w mieszankach zbożowych. *Rocz. Nauk Rol.*, ser A, 112 (1–2): 37 — 43.
- Michalski T., Sulewska H., Dubas A. 1994. Reakcja odmian pszenżyta jarego i pszenicy jarej na uprawę we wzajemnych mieszankach. Materiały z konferencji „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”. Poznań, 2.12.1994: 29 — 34.
- Michalski T., Waligóra H., Sulewska H., Duhr E. 1997. Struktura plonu odmian pszenżyta jarego z siewu czystego i mieszankach z pszenicą jarą. *Zesz. Nauk. AR Szczec. Rolnictwo* 65 (175): 289 — 292.
- Noworolnik K. 1994. Plonowanie mieszanek oraz czystych siewów jęczmienia jarego i owsa w zależności od terminu siewu. *Frag. Agron.* 4, (44): 65 — 70.
- Noworolnik K., Rybicki J. 1994. Porównanie plonowania mieszanek owsa z jęczmieniem jarym o różnym składzie komponentów z czystymi zasiewami obu gatunków. *Biul. IHAR* 190: 77 — 82.
- Rudnicki F. 1994. Biologiczne aspekty uprawy zbóż w mieszankach. Materiały z konferencji „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”. Poznań, 2.12.1994: 7 — 15.
- Rudnicki F. 1999. Środowiskowe uwarunkowania uprawy mieszanek zbożowych i zbożowo strączkowych. Materiały z konferencji „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”. Poznań, 2.12.1994: 28 — 38.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1993 a. Badania nad uprawą jarych mieszanek zbożowych. Cz. 1. Wydajność mieszanek o różnym udziale jęczmienia, owsa i pszenicy. *Rocz. AR Poznań, Rol.* 41: 57 — 64.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1993 b. Badania nad uprawą jarych mieszanek zbożowych. Cz. 2. Reakcja jęczmienia, owsa i pszenicy na uprawę w mieszankach. *Rocz. AR Poznań, Rol.* 41: 65 — 71.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1993 c. Plonowanie mieszanek zbożowych z udziałem pszenżyta jarego. *Roczniki AR w Poznaniu, Rol.* 41, 243: 97 — 104.
- Szempliński W., Budzyński W. 1994. Porównanie plonowania pszenżyta jarego w siewie czystym oraz w mieszance odmian i gatunków. *Zesz. Nauk. AR Szczec., Rolnictwo* 58 (162): 257 — 260.
- Wasilewski P. 1994 a. Plonowanie mieszanek pszenżyta jarego z pszenicą jarą. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 414: 217 — 224.
- Wasilewski P. 1994 b. Wpływ proporcji wysiewu i warunków meteorologicznych na plonowanie mieszanek pszenżyta jarego z owsem. Materiały z konferencji „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”. Poznań, 2.12.1994: 88 — 93.

JAN OLEJNICZAK¹**MAŁGORZATA ADAMCZAK**¹**WOJCIECH MIKULSKI**²¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań² Hodowla Roślin Szelejewo

Ocena struktury składników plonu linii mutantów pszenżyta ozimego w różnych miejscowościach

Estimation of yield components in mutant lines of winter triticales at different locations

Ziarniaki odmiany wyjściowej Grado potraktowano mutagenami chemicznymi (MNUA i SA). W pokoleniu M₃ wyselekcjonowano dużą populację mutantów. Kilka linii mutantów krzyżowano między sobą oraz z formą wyjściową. Do dalszych badań wybrano 11 form i jednego mieszańca, które wykazały wyraźne zwiększenie zmienności wysokości roślin i elementów struktury plonu. Spośród wyżej wymienionych form, 5 linii pszenżyta i formę H-399/86 wysiano w trzech miejscowościach (Smolice, Szelejewo, Fundula — Rumunia). Spośród badanych form tylko linia M-369/86 i forma H-399/86 wykazały wyraźnie wyższy plon ziaren w porównaniu do wzorca Lasko. Wstępne badania rejestracyjne (9 miejscowości) dwóch form wykazały, że tylko linia H-399/86 dała wyższy plon w porównaniu do dwóch wzorców (Lasko, Malno).

Słowa kluczowe: mutanty, plon, pszenżyto, struktura plonu

Grains of winter triticales initial cultivar Grado were treated with chemical mutagens (MNUA and SA). During the vegetation of M₃ generation a great number of mutants were selected. Several mutant lines and the initial cultivar were crossed with each other. For further estimation, 11 mutant lines and a hybrid H-399/86 were chosen based on plant height and yield components. From among the above genotypes, 5 mutant lines and the hybrid were cultivated at three locations: Smolice, Szelejewo and Fundula (Romania). As compared with a standard cv. Lasko, only two mutant lines: H-399/86 and M-369/86 produced a higher grain yield. Preliminary registration trials performed with these genotypes at 9 locations showed that only the line H-399/86 yielded at a higher level than did standard cultivars Lasko and Malno.

Key words: mutants, triticales, yield, yield structure

WSTĘP

Od wielu lat obserwuje się duże zainteresowanie programami hodowlanymi pszenżyta. Mimo, że Rimpau w 1889 roku otrzymał po raz pierwszy stosunkowo stabilną cytologicznie i płodną formę mieszańcową pszenicy z żytem, to intensywne prace hodowlane rozpoczęto dopiero w latach 40. XX wieku. W Polsce pierwszą odmianę pszenżyta — Kruszyńkowskie zarejestrowano przed II wojną światową, natomiast w innych krajach, w Kanadzie i na Węgrzech — w latach 60. Odmiana Lasko została zarejestrowana w Polsce w 1982 roku. Posiada ona wiele zalet, ale również poważną wadę, jaką jest mała odporność na mróz.

W warunkach glebowo-klimatycznych środkowo-wschodniej Europy i Niemiec pszenżyto jest bardzo ważnym zbożem, uprawianym zarówno do celów paszowych, jak i konsumpcyjnych. W programach hodowlanych pszenżyta stosuje się zarówno nowoczesne metody biotechnologiczne, jak również tradycyjne (krzyżowanie czy mutagenezę), wśród których na uwagę zasługują mutacje, będące pożądanym źródłem zmienności genetycznej w programach hodowlanych. W ostatnim okresie zauważono wzrost zainteresowania możliwościami, jakie niesie wykorzystanie mutantów u pszenżyta w Polsce (Olejniczak i Patyna, 1984, 1987; Grzesik, 1991; Wolski i in., 1991), jak również w innych krajach (El-Shoundy i in., 2001 a, 2001 b). Wiele odmian zarejestrowanych u jęczmienia jarego, ryżu czy pszenicy zostało wytworzonych bezpośrednio poprzez mutagenezę lub pośrednio, jako wynik krzyżowań (Micke, 1990). Odmiany wytworzone z mutantów charakteryzowały się korzystnym półkarłowym morfotypem, wczesnym dojrzewaniem nasion, odpornością na choroby oraz wyższym plonowaniem, itp.

Celem pracy było ocena zmienności cech morfologicznych i elementów struktury plonu linii mutantów oraz jednego mieszańca. Dodatkowo określono zdolność plonowania oraz odporności na wyleganie dwóch linii mutantów i jednego rodu (mieszańca) pszenżyta w różnych miejscowościach.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach wykorzystano odmianę Grado, której ziarniaki potraktowano następującymi mutagenami chemicznymi: N-nitrozo-N-metylomocznikiem (MNUA) i azydkiem sodu (SA) (Olejniczak i Patyna, 1987). Zebrane ziarniaki pokolenia M_1 (ramsz) wysiano na polu doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerekwicy. W okresie wegetacji roślin pokolenia M_2 i M_3 przeprowadzono obserwacje polowe, w wyniku których wyselekcjonowano dużą populację kilkuset mutantów o zmienionych cechach morfologicznych. Po zbiorach roślin oceniono elementy struktury plonu. Spośród nich do dalszych badań wybrano 11 mutantów o korzystnym morfotypie i elementach struktury plonu. Formy te prowadzono w chowie wsobnym do pokolenia M_7 . Wybrane linie mutantów krzyżowano jednocześnie między sobą oraz z odmianą Grado. Spośród otrzymanych mieszańców pokolenia F_6 do dalszych badań wyselekcjonowano tylko linię H-399/86 (Grado $\times$ M369/86). Na poletka doświadczalne w Cerekwicy o wielkości 1 m² w trzech powtórzeniach wysiano ziarniaki odmiany wyjściowej Grado i 11 wybranych linii

mutantów oraz mieszańca pokolenia F₆ H-399/86. Po zbiorach określono: wysokość roślin, liczbę ziarniaków w kłosie, ciężar ziaren z kłosa oraz masę 1000 nasion.

Na podstawie analizy elementów struktury plonu wybrano 5 linii i jednego mieszańca, które zostały wysiane na poletkach wielkości 10 m² w trzech miejscowościach (Smolice, Szelejewo i Fundula — Rumunia) celem oceny zdolności plonowania.

W następnym etapie dwie linie (H-399/86, M-369/86), a także wzorce (odm. Lasko i Malno) i inne testowane formy (23) w ramach wstępnych badań rejestracyjnych zostały wysiane w 9 miejscowościach w Polsce na poletkach o powierzchni 10 m² w czterech powtórzeniach, aby określić wielkość plonu oraz ich odporność na wyleganie w skali od 1 — odporne, 9 — słabo odporne (wg skali COBRU).

WYNIKI

Badane linie pszenżyta wykazały wyraźne zróżnicowanie analizowanych cech w porównaniu do odmiany Grado. Wysokość roślin badanych form pszenżyta wahała się od 107 do 129 cm wykazując tendencję do zmniejszania się wysokości roślin (tab. 1) w porównaniu do odmiany Grado (125 cm).

Tabela 1

Wysokość roślin i elementy struktury plonu rodów mutantów i mieszańca w porównaniu do odmiany wyjściowej Grado
Plant height and yield components in triticale strain mutants and one hybrid compared with initial cultivar Grado

Genotyp Genotype	Wysokość rośliny Plant height (cm)	Liczba ziaren w kłosie Number of grain per spike	Ciężar ziaren z kłosa Grains weight per spike (g)	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight (g)
Grado — odmiana wyjściowa; Initial cv. Grado	125,0	63,2	3,5	55,1
M-314/86	109,0	83,0	4,5	54,2
M-359/86	127,0	73,9	4,1	56,2
M-369/86	123,0	69,5	4,3	62,3
M-371/86	125,0	67,9	4,2	61,9
M-372/86	123,0	63,9	3,9	61,3
M-374/86	103,0	65,4	3,7	56,1
M-376/86	107,0	70,0	3,9	55,1
M-380/86	109,0	67,4	3,4	50,3
M-399/86	107,0	66,7	3,7	55,8
M-526/86	108,0	63,3	3,6	56,7
M-568/86	126,0	61,8	3,6	58,3
H-399/86	129,0	76,0	4,5	58,7
$\bar{X} \pm$ odchylenie standardowe $\bar{X} \pm$ SD (standard deviation)	117 $\pm$ 9,7	68,6 $\pm$ 6,0	3,9 $\pm$ 0,1	57,1 $\pm$ 3,4

Najniższą wysokość roślin zaobserwowano u mutantu M-374/86 (103 cm). Stwierdzono również dużą zmienność elementów struktury plonu. Ciężar ziaren z kłosa wahał się od 3,4 do 4,5 g, przy czym wartość tej cechy u odmiany Grado wynosiła 3,5 g. Natomiast masa 1000 ziaren kształtowała się w zakresie od 50,3 do 62,3 g. Najwyższą wartość tej cechy wykazał mutant M-369/86. Wszystkie badane linie wykazały zwiększoną liczbę nasion

w kłosie, za wyjątkiem linii M-568/86 (61,8), w odniesieniu do formy wyjściowej (63,2). Linie wyselekcjonowane spośród wyżej badanych form (tab. 1) wykazały duże zróżnicowanie w plonie ziarna w przeliczeniu na q/ha w trzech badanych miejscowościach (tab. 2) w odniesieniu do wzorca (odm. Lasko). Stwierdzono ponadto, że linia M-369/86 i H-399/86 posiadają wyraźnie wyższy plon w porównaniu do wzorcowej, szczególnie w miejscowości Smolice i Szelejewo. Wartości te wynosiły odpowiednio: 74,6 i 83,6 q/ha. Ogólnie badane linie z miejscowości Fundula wykazały mniejszy plon ziaren w porównaniu do wzorca, z wyjątkiem dwóch linii M-399/86 (48,9q/ha) i M-380/86 (55,9 q/ha).

Tabela 2

Plon ziarna (q/ha) wybranych linii mutantów pszenżyta i jednego mieszańca w trzech miejscowościach
Grain yield (q/ha) of selected triticale mutant lines and one hybrid (H-399/86) at three locations

Genotyp Genotype	Plon ziarna (q/ha) Grain yield (q/ha)			
	Smolice	Szelejewo	Fundula	$\bar{X} \pm$ odchylenie standardowe $\bar{X} \pm$ SD (standard deviation)
Lasko wzorzec Lasko standard	69,1	74,1	41,8	61,7 $\pm$ 17,9
M-369/86	74,6	83,6	48,9	69,0 $\pm$ 18,0
M-380/85	69,6	79,5	55,9	68,3 $\pm$ 11,8
M-399/86	69,5	66,8	42,7	59,7 $\pm$ 14,8
M-526/86	67,6	65,8	44,7	59,4 $\pm$ 12,7
M-371/86	59,3	79,6	48,1	62,3 $\pm$ 16,0
H-399/86	69,1	83,6	44,9	65,9 $\pm$ 19,5
$\bar{X} \pm$ odchylenie standardowe $\bar{X} \pm$ SD (standard deviation)	68,3 $\pm$ 5,0	76,5 $\pm$ 8,1	47,5 $\pm$ 4,7	—

Analiza wartości gospodarczej dwóch linii (tab. 3) we wstępnym doświadczeniu rejestracyjnym dowiodła, iż linia H-399/86 uplasowała się na czwartej pozycji wśród 25 badanych obiektów w 9 miejscowościach wykazując jednocześnie lepszą zdolność plonowania w porównaniu do wzorców: Lasko i Malno, przy czym nieznacznie obniżoną odporność na wyleganie.

Tabela 3

Ocena zdolności plonowania i odporności na wyleganie dwóch linii pszenżyta oraz wzorców z 9 miejscowości
Estimation of yielding and resistance to lodging in two triticale lines and standard cultivars at 9 locations

Genotyp Genotype	Pozycja zajęta w plonowaniu Grain yield rank	Odporność na wyleganie w skali 1-9 Lodging resistance in 1-9 scale
Wzorzec Lasko — Lasko standard	8	4,2
Wzorzec Malno — Malno standard	13	5,0
H-399/86	4	7,0
M-369/86	10	6,7
$\bar{X} \pm$ odchylenie standardowe $\bar{X} \pm$ SD (standard deviation)	8,7 $\pm$ 3,7	5,7 $\pm$ 1,8

Badane linie pszenżyta zostały przekazane jako materiały wyjściowe do spółki Hodowla Roślin Szelejewo. Linia H-399/86 była komponentem mieszańca PAN 399/86 × Ugo, z którego wytworzono odmianę Kazo. Młode rośliny tej odmiany cechuje półstojący typ wzrostu i rozwoju. Posiadają kłos ościsty, biały, średnio długi i zbity. Odmiana ta wykazuje dużą zimotrwałość i stosunkowo wysoką odporność na choroby grzybowe. Średnia wysokość roślin wynosi około 114 cm, przy przeciętnej odporności na wyleganie. Ziarniaki o zabarwieniu czerwonym są odporne na porastanie w kłosie i posiadają dużą masę 1000 ziaren (44,5 g). Na uwagę zasługuje bardzo dobra zdolność plonowania szczególnie w zachodniej części kraju (PDO-2000).

DYSKUSJA

Mutacje punktowe, aberracje chromosomowe i poliploidyzacja odegrały bardzo ważną rolę w ewolucji i udomowieniu gatunków roślin uprawnych. Szczególnie duże zainteresowanie wykorzystaniem mutacji w hodowli roślin uprawnych miało miejsce w latach 60. i 70. Ostatnio często stosowane są mutageny chemiczne MNUA i SA, ponieważ związki te zasadniczo wywołują mutacje punktowe (Olejniczak, 1994). Zastosowanie tych mutagenów w przedstawionej pracy spowodowały zwiększenie zmienności wysokości roślin i elementów struktury plonu warunkujących plon ziaren. Podobne wyniki otrzymali Olejniczak i Patyna (1984, 1987), Ramanatha i Joshi (1976), Rajpur i Malik (1982) oraz De i wsp. (1990), którzy zaobserwowali zwiększenie zmienności indukowanej elementów struktury plonu *Triticale*. Natomiast Reddy i Gupta (1989) wykazali wysoką częstotliwość mutacji morfologicznych u pszenżyta — szczególnie w wielkości liści. Wyraźne mutagenne działanie promieni gamma na wysokość roślin, długość kłosa, liczbę ziaren z kłosa odnotował Latif i wsp. (1995) u pszenżyta. Plon ziaren uwarunkowany jest przez wiele czynników natury genetycznej i środowiskowej podczas wzrostu i rozwoju roślin. Generalnie w zmienności indukowanej roślin uprawnych obserwuje się zmniejszenie zdolności plonowania ze względu na plejotropowy efekt mutacji (Gottschalk, 1976). Wyraźne zmniejszenie wysokości roślin i redukcję elementów struktury plonu pszenżyta stwierdził Reddy i wsp. (1982). Natomiast w prezentowanych wynikach stwierdzono u kilku linii mutantów pszenżyta skrócenie długości słomy, przy jednoczesnym zwiększeniu wartości elementów struktury plonu w porównaniu do odmiany Grado.

Wyselekcjonowane mutanty pszenżyta zostały wykorzystane w hodowli rekombinacyjnej. Otrzymany mieszańiec H-399/86 wykazał widoczne zwiększenie zdolności plonowania w porównaniu do wzorców, co zostało potwierdzone w badaniach rejestracyjnych. Heterozyjny efekt plonu mutantów karłowych pszenżyta zaobserwowała Grzesik (1991, 1995 a, 1995 b). Natomiast Wolski i wsp. (1991) wykorzystali formy półkarłowe w hodowli i miały one znaczny udział w tworzeniu nowych polskich odmian pszenżyta.

WNIOSKI

1. Badane linie mutantów pszenżyta wykazały wyraźne zwiększenie zakresu zmienności cech morfologicznych i elementów struktury plonu.

2. Wyselekcjonowane linie mutantów stanowią dobry materiał do tworzenia nowych odmian pszenżyta.

LITERATURA

- De D. K., Majumdar T. K., Brahmachari S. K. 1990. Induced high mutants in triticale. *Environment and Ecology* 8: 1 — 10.
- El-Shouny K. A., Ibrahim K. I. M., Hassan R. K., El-Halem N. K. A. 2001 a. Frequency and spectrum of induced morphological mutations in triticale. *Annals of Agricultural Science (Cairo)* 46 (2): 681 — 696.
- El-Shouny K. A., Hassan R. K., Ibrahim K. I. M., El-Halem N. K. A. 2001 b. Effect of gamma rays and ethyleneimine on M1 characteristics and M2 chlorophyll mutations in triticale. *Annals of Agricultural Science (Cairo)* 46 (2): 697 — 710.
- Gottschalk W. 1976. Pleiotropy and close linkage of mutation genes. New examples of mutation of closely linked gene. *Induced Mutation in Cross-Breeding*. IAEA, Vienna: 71 — 78.
- Grzesik H. 1991. The results of studies carried out on dwarf mutants of winter haploid triticale. *Cereal. Res. Commun.* 19: 91 — 99.
- Grzesik H. 1995 a. Studies on dwarf mutants of winter triticale (*X Triticosecale* Witt) Part I. Inheritance and effect of gene action for some traits of hybrids of dwarf triticale mutants with their initial forms. *Hod. Rośl. Aklim.* 39: 3 — 18.
- Grzesik H. 1995 b. Studies on dwarf mutants of winter triticale (*X Triticosecale* Witt) Part II. Effect of heterosis in F_1 hybrids of winter triticale. *Hod. Rośl. Aklim.* 39: 21 — 39.
- Latif A., Siddigui S. H., Aqeel M., Khan M., Khan F. H. 1995. Variation in genetic parameters of barley and triticale after seed irradiation. *Sarhad Journal of Agriculture* 11: 627 — 630.
- Micke A. 1990. *Mutation Breeding Newsletter* 35: 32 — 40.
- Olejniczak J., Patyna H. 1984. Agronomic characteristic of induced mutants of triticale. *Wheat Inf. Ser.* 58: 28 — 30.
- Olejniczak J., Patyna H. 1987. Influence of combined treatments of N-nitroso-N-methylourea and sodium azide on physiological injury and the genetic effect in triticale. *Wheat Inf. Ser.* 64: 10 — 13.
- Olejniczak J. 1994. Genetic variability induced through mutations in maize. In: Bajaj Y. P. S. (ed.) *Biotechnology in Agriculture and Forestry*. Vol. 25. Maize. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg: 354 — 365.
- Rajpur M. M., Malik A. J. 1982. Estimation of genetic variability in mutated population of triticale. *Wheat Inf. Ser.* 54: 17 — 19.
- Ramanatha V. R., Joshi M. G. 1976. Induced quantitative characters in hexaploid triticale. *Mutation Res.* 36: 85 — 92.
- Reddy V. R. K., Gupta P. K. 1989. Mutants for leaf character in hexaploid triticale. *Wheat Inf. Ser.* 68: 26 — 32.
- Reddy V. R. K., Pushpalatha K. N., Nalini R., Indra M. 1992. Induced variability for different quantitative characters in hexaploid triticale. *Advances in Plant Sciences* 5: 190 — 196.
- Spiss L., Góral H. 1990. Effect of heterosis in hybrids with dwarf mutants of triticale. *Hod. Rośl. Aklim.* 34: 33 — 37.
- Wolski T., Pojmaj M. S., Sawicka E. J. 1991. Evaluation of short triticale mutants for hybrids breeding. *Cereal. Res. Commun.* 19: 261 — 266.
- Zych J. 2001. Pszenżyto. W: *Lista opisowa odmian 2000*. Szymczyk R. (red.) COBORU. Słupia Wielka: 76 — 83.

ZYGMUNT KACZMAREK¹**WOJCIECH MIKULSKI**²**TADEUSZ ADAMSKI**¹**MARIA SURMA**¹¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu² Hodowli Roślin Szelejewo, Spółka z o.o.

Plonowanie wybranych rodów pszenżyta ozimego na różnych etapach selekcji w perspektywie ich sukcesu hodowlanego

Yielding of winter triticale lines in different phases of selection process as a measure of their breeding success

Analizowano proces selekcji pszenżyta ozimego prowadzony w Hodowli Roślin Szelejewo Sp. z o.o. pod względem plonu ziarna z poletka. Brano pod uwagę dane uzyskane z serii doświadczeń międzystacyjnych, przedwstępnych i wstępnych, zakładanych kolejno w latach 1998–2002. Uzyskane wyniki analizowano statystycznie za pomocą programu komputerowego SERGEN. Porównano rody z odmianami wzorcowymi, określono efekty główne rodów oraz przeprowadzono badania ich interakcji ze środowiskiem. Na podstawie wyników analizy poszczególnych serii doświadczeń wyróżniono rody, które winny znaleźć się w następnych etapach hodowli i porównano je z rodami faktycznie wybranymi przez hodowców. Stwierdzono, że wiele rodów, które na podstawie przeprowadzonej analizy statystycznej powinny być wybrane do dalszej hodowli, zostało wyeliminowanych przez hodowców. Sugerowane jest zmniejszenie intensywności selekcji, aby nie utracić wartościowych genotypów.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenżyto, serie doświadczeń, program SERGEN

The aim of the studies was to give a thorough analysis of the breeding procedure that had resulted in releasing a new cultivar of winter triticale at the Szelejewo Plant Breeding Company. The data obtained for grain yields in the series of experiments carried out in 1998–2002 were processed using SERGEN software. The following analyses were done: genotype $\times$ environment interaction, estimation and testing of the main effects of genotypes, and estimation of differences between breeding lines and standard cultivars. The most promising lines were selected based on the results of statistical analyses, and the outcome of a “virtual” selection was compared with the effects of selection made by breeders. It was revealed that many of the genotypes that had been eliminated by breeders should have been chosen to the next step of the breeding programme if based on the results of statistical analyses. Thus, it cannot be excluded that among the eliminated lines there were also the ones that might have been considered as new cultivars of winter triticale.

Key words: genotype-environment interaction, triticales breeding, series of experiments, SERGEN software

WSTĘP

Najważniejszymi etapami decydującymi o sukcesie hodowli jest dobór odpowiednich form rodzicielskich do krzyżowań oraz właściwa selekcja w kolejnych pokoleniach. Wyboru form do kolejnych etapów hodowli dokonuje się na podstawie wielkości plonu oraz innych cech ważnych z agronomicznego punktu widzenia, takich jak odporność na choroby i wyleganie, wczesność, pokrój rośliny itp. Plonowanie rodów w poszczególnych doświadczeniach lub seriach doświadczeń hodowlanych analizowane jest statystycznie, a wyniki tych analiz są pomocne przy podejmowaniu decyzji. W procesie selekcji często nie uwzględnia się problemu reakcji analizowanych genotypów na warunki środowiska, a więc faktu, czy wybierane do dalszej hodowli rody są stabilne, intensywne czy ekstensywne. W hodowli pszenżyta, prowadzonej w Hodowli Roślin Szelejewo selekcję rodów wykonuje się w doświadczeniach stacyjnych, międzystacyjnych, przedwstępnych i wstępnych. Doświadczenia stacyjne obejmują na ogół około 600 rodów. Zakłada się je w jednym powtórzeniu (w jednym środowisku), a wyboru genotypów do dalszej hodowli dokonuje się na podstawie porównania badanych form ze wzorcem. Zgodnie z przyjętymi w stacji zasadami, do doświadczeń międzystacyjnych przeznacza się około 25% rodów badanych w doświadczeniu stacyjnym. Z kolei do doświadczeń przedwstępnych kieruje się około 30 rodów, spośród których tylko kilka najlepszych badanych jest dalej w doświadczeniach wstępnych. Ograniczenia w liczbie kwalifikowanych do kolejnych etapów hodowli rodów wynikają z konieczności obniżenia kosztów związanych z doświadczalnictwem polowym. Pozostaje zatem pytanie, czy w trakcie selekcji nie eliminuje się rodów, które mogłyby kandydować do rangi odmian.

Celem pracy było prześledzenie przebiegu procesu selekcji pszenżyta pod względem plonowania na podstawie wyników serii doświadczeń oraz próba oceny dokonanego w Stacji Hodowli Roślin Szelejewo wyboru rodów do kolejnych etapów hodowli z punktu widzenia interakcji selekcionowanych genotypów z warunkami środowiska.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono dla danych z doświadczeń hodowlanych z rodami pszenżyta ozimego uzyskanymi w Hodowli Roślin Szelejewo. Analizowano wyniki z doświadczeń stanowiących jeden cykl hodowlany: stacyjnych (1998/1999), międzystacyjnych (1999/2000), przedwstępnych (2000/2001) i wstępnych (2001/2002).

Zgodnie z przyjętą w tej Stacji procedurą, pierwsze z wyżej wymienionych doświadczeń (1998/1999) obejmowało 580 rodów oraz odmianę wzorcową Lambreto. Założone zostało na poletkach o powierzchni 10 m² ze wzorcem powtarzanym co piąte poletko w jednym powtórzeniu i w jednym środowisku.

Doświadczenie międzystacyjne z 138 rodami (wybranymi na podstawie wyników doświadczenia stacyjnego) przeprowadzono w 6 niezależnych grupach po 23 rody każda. Dodanie do poszczególnych grup dwóch wzorców: Lamberto i Tornado sprawiło, że każde

z sześciu doświadczeń obejmowało 25 genotypów. Doświadczenia z obiektami tej samej grupy zakładane były w trzech stacjach (nie zawsze tych samych) na poletkach o powierzchni 10 m² w układzie bloków losowanych w czterech powtórzeniach. Tak więc materiał roślinny obejmujący 138 rodów porównany był na etapie doświadczeń międzystacyjnych w sześciu następujących seriach:

- Seria A — rody 1-23, stacje S1, S2, S3,
- Seria B — rody 24-46, stacje S1, S2, S3,
- Seria C — rody 47-69, stacje S1, S3, S4,
- Seria D — rody 70-92, stacje S1, S3, S4,
- Seria E — rody 93-115, stacje S1, S3, S5,
- Seria F — rody 116-138, stacje S1, S3, S6.

Zgodnie z życzeniem hodowców, nazwy poszczególnych stacji, w których zakładano doświadczenia ukryto pod symbolami od S1 do S6.

Doświadczenia przedwstępne obejmowały serie eksperymentów polowych z 30 obiektami (28 rodów oraz 2 wzorce: Bogo, Lamberto) przeprowadzonych w 5 miejscowościach, w każdej w 4 replikacjach na poletkach o powierzchni 10 m². Oprócz wybranych w doświadczeniu międzystacyjnym 22 rodów i 2 wzorców dołączono 6 nowych rodów. Na podstawie tych doświadczeń do dalszej hodowli (doświadczeń wstępnych) wybrano 5 rodów (SZD131, SZD154/1, SZD620, SZD622, SZD623).

Serię doświadczeń wstępnych z 40 rodami pochodzącymi z różnych stacji hodowlanych i 2 wzorcami założono w 6 środowiskach w układzie bloków losowanych kompletnych z 3 powtórzeniami. Poletka miały powierzchnię 10 m².

W niniejszej pracy przeprowadzono analizy statystyczne wyników serii doświadczeń międzystacyjnych, przedwstępnych i wstępnych. Zastosowano metody zaproponowane przez Kaczmarka (1997), wykorzystując program komputerowy SERGEN (Caliński i in., 2000).

WYNIKI

Doświadczenia stacyjne

Wybór 138 rodów doświadczeń stacyjnych został przeprowadzony na podstawie porównań poszczególnych rodów z wzorcami. Wyboru dokonano kierując się nie tylko wielkością plonu, lecz również wieloma ważnymi z hodowlanego punktu widzenia cechami. Z tego też względu nie zajmowano się szczegółową analizą wyników uzyskanych z tych doświadczeń. Wyselekcjonowane rody stanowiły około 24% wszystkich rodów z doświadczenia.

Doświadczenie międzystacyjne

Przeprowadzone analizy wariancji dla każdej z sześciu serii doświadczeń przedwstępnych, prowadzonych w różnych (trzech) środowiskach wykazały w większości (przeszło 60%) istotne zróżnicowanie obiektów (23 rodów i 2 wzorców) pod względem wysokości plonu. Dla czterech serii (A, B, D, E) istotna była interakcja rodów z miejscowościami. Jedynie w serii F we wszystkich doświadczeniach badane rody

i wzorce plonowały na podobnym poziomie. Dla tej serii nieistotną okazała się także interakcja rody $\times$ środowiska (tab. 1).

W tabeli 2 podano średnie plony testowanych genotypów w poszczególnych seriach doświadczeń oraz średnie plony odmian wzorcowych Lamberto i Tornado.

Tabela 1

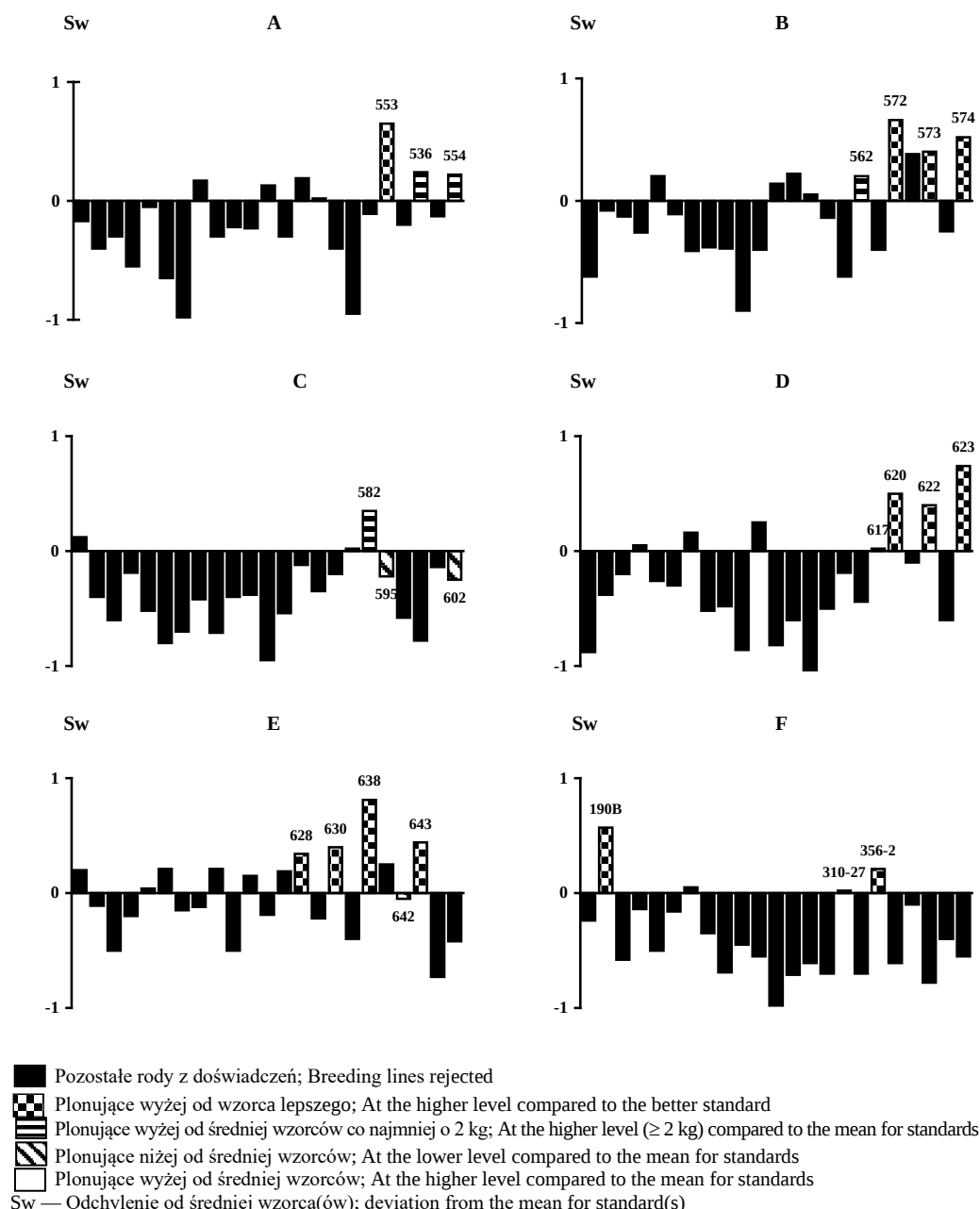
Wyniki testowania hipotez w analizie wariancji plonu ziarna pszenżyta z serii doświadczeń międzystacyjnych (1999–2000)
Results of testing hypotheses in the analysis of variance for grain yield of triticale in a series of pre-registration experiments conducted in 1999–2000

Seria doświadczeń Series of experiments	Wartość statystyki F dla efektów głównych F-statistic value for main effects			Interakcja rody $\times$ środowiska Genotype $\times$ environment interaction F_{GE}
	S1	S2	S3	
A	3,10	5,32	4,77	2,62
B	2,09	3,48	8,20	3,01
C	0,93	2,00	2,89	0,91
D	2,30	1,26	7,27	1,72
E	1,59	1,56	6,36	1,42
F	1,30	0,79	1,41	1,12
F krytyczna $\alpha = 0,05$		1,66		1,41
F critical $\alpha = 0,01$		2,05		1,63

Tabela 2

Średnie wzorców oraz średnie ogólne w poszczególnych seriach doświadczeń międzystacyjnych (w 3 stacjach) 1999/2000
Mean values for standard cultivars and general means in particular series of pre-registration experiments conducted in 1999/2000 (3 breeding stations)

Seria doświadczeń Series of experiments	Średnia rodów i odmian wzorcowych Mean for lines and standard cultivars	Stacja hodowli roślin Plant breeding station			Średnia Mean
		S1	S2	S3	
A	$\bar{x}$	9,66	10,85	7,97	9,50
	wzorców — standards	9,88	10,70	8,50	9,69
B	$\bar{x}$	10,24	11,39	8,58	10,07
	Wzorców — standards	10,72	11,08	8,68	10,16
C	$\bar{x}$	9,65	7,89	8,22	8,59
	Wzorców — standards	9,66	8,25	8,86	8,92
D	$\bar{x}$	9,99	7,81	8,24	8,68
	Wzorców — standards	10,34	7,85	7,98	8,93
E	$\bar{x}$	10,24	8,25	8,28	8,92
	Wzorców — standards	10,24	8,25	8,36	8,95
F	$\bar{x}$	9,25	8,01	7,92	8,39
	Wzorców — standards	9,64	8,26	8,40	8,77
Współczynnik korelacji między średnią genotypów testowanych w różnych seriach doświadczeń i średnią wzorców w poszczególnych stacjach hodowli					
Correlation coefficient between general means and means for standards in particular breeding stations					
		0,882	0,996	0,200	
Współczynnik korelacji między średnią ogólną i średnią wzorców łącznie dla 3 stacji					
Correlation coefficient between general means and means of standards for 3 breeding stations in total					
		0,971			



Rys. 1. Grupy rodów zakwalifikowanych na podstawie doświadczeń międzystacyjnych (A–F) do doświadczeń przedwstępnych

Fig. 1. Group of triticale breeding lines selected for further evaluating in the breeding programme on the basis of pre-registration experiments

Odmiany wzorcowe w zdecydowanej większości przewyższały plonem średnią ogólną (w skrajnym przypadku nawet o około 8%). Wystąpiła także silna korelacja między średnim plonem dla rodów a średnim plonem dla odmian wzorcowych z różnych serii doświadczeń w poszczególnych stacjach. Dlatego też w wyborze najlepszych linii jako podstawowe kryterium przyjęto wynik porównania średniej plonu danego rodu ze średnią plonu wzorców. Nie uwzględniono roli wysokości interakcji rodów z miejscowościami, z uwagi na to, iż w każdej z 6 serii doświadczeń brały udział inne (z wyjątkiem odmian wzorcowych) rody hodowlane. Z tego samego względu nie stosowano jako kryterium selekcji średniej dla badanych rodów.

Do doświadczeń przedwstępnych hodowcy wybrali 22 rody. W niniejszym opracowaniu podzielono je według czterech najczęściej stosowanych kryteriów: plonujące istotnie wyżej od odmian wzorcowych, plonujące wyżej od średniej dla wzorców o 2 kg z poletka, plonujących na poziomie średnich dla wzorców i plonujące niżej od średniej wzorców (rys. 1). Na rysunku 1 pokazano także porównanie rodów wybranych przez hodowców na tle pozostałych rodów biorących udział w doświadczeniach. Jak można zauważyć, nie zawsze wysokość plonu była najistotniejszym kryterium w kwalifikowaniu rodów do dalszej hodowli. Szczególnie widoczne było to w doświadczeniach serii B i E, gdzie pominięto szereg rodów o plonie istotnie wyższym zarówno od odmian wzorcowych, jak i średniej dla rodów. Uwagę natomiast zwraca zakwalifikowanie do dalszych prac form plonujących poniżej zarówno średniej dla odmian, jak i dla wzorców, co miało miejsce w przypadku serii C i E. Fakt ten można tłumaczyć odznaczaniem się tych form szczególnie korzystnymi (poza plonem) cechami rolniczymi.

Seria doświadczeń przedwstępnych

W tabeli 3 zamieszczono wyniki testowania badanych rodów pszenżyta i ich interakcji ze środowiskiem w doświadczeniach przedwstępnych. Do badań zostało włączonych dodatkowo 6 rodów pszenżyta niebiorących udziału w założonym w 2000 roku doświadczeniu międzystacyjnym.

W przeprowadzanej w tej pracy klasyfikacji rodów do dalszej hodowli kierowano się wyłącznie wartościami efektu głównego (porównania plonu danego rodu z średnim plonem dla wszystkich badanych genotypów). Uzasadnieniem tego podejścia jest fakt, iż z odmian wzorcowych tylko Bogo nieznacznie przewyższała plonem średnią dla wszystkich badanych genotypów. Stąd też selekcja rodów do dalszej hodowli na podstawie ich efektów głównych stanowiła bardziej radykalne kryterium, aniżeli na podstawie porównania ze średnią dla odmian wzorcowych.

Istotnymi, dodatnimi wartościami efektu głównego cechowało się 8 rodów (573, 620, 622, 623, 628, 190B, 131, 154/1). Spośród nich do doświadczeń wstępnych zakwalifikowano rody 620, 622, 623, 131, 154/1 (tab. 4). Pozostałe (573, 628 190B) zostały wyeliminowane przez hodowców. Być może formy te (o ile spełniały inne wymagane przez hodowlę kryteria), mogłyby kandydować do rangi nowych odmian.

Seria doświadczeń wstępnych

Ocenę rodów pod względem plonowania przeprowadzano — podobnie jak w serii doświadczeń przedwstępnych — na podstawie ich efektów głównych. Za obraniem tego

kryterium selekcji przemawiał fakt, iż w doświadczeniach wstępnych znajdowały się w większości genotypy plonujące wyżej niż odmiany wzorcowe.

Tabela 3

Wyniki testowania poszczególnych rodów pszenżyta i ich interakcji ze środowiskiem dla plonu w serii doświadczeń przedwstępnych, założonych w roku 2000
Results of testing of triticale breeding lines and their genotype-environment interaction in a series of experiments conducted in 2000

Seria doświadczeń międzystacyjnych Series of pre-registration experiments	Ród Genotype	Ocena efektu głównego Estimate for main effect	Statystyka F dla: F statistic for:	
			efektu głównego main effect	interakcji interaction
A	536	-4,56	4,82	1,63
	553	1,43	0,27	2,83
	554	-10,53	57,21	0,73
B	562	-7,92	15,38	1,54
	572	-1,08	0,03	14,15
	573	8,01	7,85	3,17
	574	-0,34	0,02	2,74
C	582	-9,31	29,71	1,10
	595	-5,62	7,19	1,66
	602	1,67	0,46	2,30
D	617	1,76	0,53	2,20
	620*	0,18	0,04	0,30
	622*	10,14	21,49	1,81
	623*	11,90	32,41	1,65
E	628	5,48	11,12	1,02
	630	-23,97	11,50	18,85
	638	2,65	1,58	1,68
	642	-12,88	21,52	2,91
	643	2,83	0,49	6,21
F	190B	7,04	6,96	2,97
	310-27	-9,76	6,66	5,39
	356-2	4,97	5,40	1,73
Rody zakwalifikowane na podstawie wcześniejszych eksperymentów Lines included based on the results of earlier experiments	131*	9,99	19,41	1,94
	154/1*	14,79	68,20	1,21
	354	-1,86	0,48	2,69
	506	1,85	0,47	2,79
	11500	4,20	2,28	2,92
	P6S108/00	-5,08	3,98	2,45
Wzorce	Bogo	-1,37	1,00	0,71
Standards	Lamberto	5,00	6,12	1,54
F krytyczne	$\alpha = 0,10$		4,54	1,96
F critical	$\alpha = 0,05$		7,71	2,39
	$\alpha = 0,01$		21,20	3,36

* Rody wybrane do dalszych doświadczeń; Lines selected for further experiments

Rody niedocenione w doświadczeniu międzystacyjnym są wyróżnione; Czcionka pogrubiona

Breeding lines underestimated in the interstation experiments; Bold

Rody pszenżyta otrzymane w Hodowli Roślin Szelejewo plonowały na poziomie średniej dla wszystkich badanych genotypów (nieistotne wartości efektów głównych) (tab. 4). Uwagę zwraca brak istotnej interakcji tych rodów z warunkami środowiska, co oznacza,

że były one stabilne w plonowaniu. Najwyższym plonem cechował się ród SZD 622. Został też jako jedyny spośród rodów z Szelejewa zakwalifikowany do doświadczeń rejestracyjnych COBORU.

Tabela 4

Efekty główne rodów SZD pszenżyta i ich interakcja ze środowiskiem w badaniach wstępnych w odniesieniu do średniej ze wszystkich badanych rodów
Main effects of breeding triticale lines and their genotype-environment interaction in relation to the mean for all analysed genotypes in inter-station experiments

Ród Genotype	Ocena efektu głównego Estimate for main effect	Statystyka <i>F</i> dla efektu głównego <i>F</i> statistic for main effect	Statystyka <i>F</i> dla interakcji <i>F</i> statistic for interaction
622*	3,16	2,04	1,24
623	-0,34	0,02	1,65
620	-3,32	4,03	0,69
154/1	2,03	0,58	1,78
131	1,57	1,23	0,51
<i>F</i> krytyczne $\alpha = 0,10$		4,06	6,61
<i>F</i> critical $\alpha = 0,05$		1,86	2,23

* Ród wybrany do badań COBORU; Breeding line selected for evaluating in registration experiments

Można mieć wątpliwości, czy pod względem plonu dokonano właściwego doboru form do badań rejestracyjnych. Do COBORU przekazano tylko ród SZD 622, podczas gdy rody 623 i 154/1, mimo iż w doświadczeniach przedwstępnych i wstępnych plonowały wyżej lub nie odbiegały plonem od wyróżnionego rodu, nie znalazły uznania w oczach hodowców.

Z uwagi na występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej wydaje się konieczne zmniejszenie intensywności selekcji, to jest zwiększenie liczby rodów wybieranych do następnych etapów hodowli.

Mimo znacznego zaawansowania prac dotyczących interakcji genotypów z warunkami środowiska, nie wszystkie zagadnienia zostały rozwiązane. Dotyczy to głównie genetycznych aspektów tego zjawiska (Macher, 1975; Powell i in., 1986; Surma, 1996). Powell i wsp. (1986) stwierdzili, że w wyniku selekcji można uzyskać linie rekombinacyjne o mniejszej lub większej w porównaniu z rodzicami wrażliwości na środowisko. Stąd też wydaje się konieczne, aby na poszczególnych etapach hodowli, gdy jest to możliwe, oceniać nie tylko średnie wartości plonu dla poszczególnych genotypów, ale także ich interakcję ze środowiskiem. Być może wzięcie pod uwagę interakcji $G \times E$ jako jednego z kryteriów selekcji zwiększy efektywność hodowli.

PODSUMOWANIE

Przeprowadzona *post factum* analiza statystyczna wyników doświadczeń hodowlanych pozwoliła na wyróżnienie rodów, które winny znaleźć się w kolejnych etapach hodowli. Wśród nich były zarówno zakwalifikowane przez hodowców do kolejnych doświadczeń, jak i wyeliminowane. Nie można wykluczyć, iż w grupie rodów odrzuconych znajdowały się formy mogące predysponować do rangi nowych odmian. Z uwagi na występowanie

interakcji genotypowo-środowiskowej wydaje się konieczne zwiększenie liczby rodów wybieranych do następnych etapów hodowli.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Karczmarek Z., Krajewski P. 2003. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 4. IGR PAN, Poznań.
- Karczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. AR, Poznań.
- Mather K. 1975. Genotype $\times$ environment interaction. II. Some genetical considerations. *Heredity* 35: 31 — 53.
- Powell W., Caligari P. D. S., Phillips M. S., Jinks J. L. 1986. The measurements and interpretation of genotype by environment interaction in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Heredity* 56: 255 — 262.
- Surma M. 1996. Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego. Rozprawy i Monografie IGR PAN, Poznań, Nr 3: 110 s.

HELENA GRZESIK¹**STANISŁAW WĘGRZYN**¹**HENRYK CICHY**²**GRZEGORZ MILEWSKI**²¹ Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż, IHAR w Krakowie² Hodowla Roślin, Spółka z o.o. Strzelce, Oddział Małyszyn

Zdolność kombinacyjna i efekt heterozji komponentów plonu kilku odmian i rodów pszenżyta jarego (*X Triticosecale* Witt.)

Combining ability and heterosis effect of yield components of some spring triticales varieties and strains

Oszacowano zdolność kombinacyjną oraz efekt heterozji dla komponentów plonu ziarna kilku mieszańców pszenżyta jarego, pochodzących z krzyżowania w układzie czynnikowym trzech form matecznych z czterema formami ojcowskimi. Doświadczenie z mieszańcami F₁ i formami rodzicielskimi przeprowadzono w Krakowie, zaś podobne doświadczenia mieszańcami F₂ w Małyszynie. Analizą objęto pięć cech: długość źdźbła, długość kłosa, liczbę i masę ziaren z kłosa oraz masę 1000 ziaren. Analiza wariancji wykazała istotność średniego kwadratu dla ogólnej zdolności kombinacyjnej dla długości kłosa i liczby ziaren z kłosa u form matecznych, zaś dla wszystkich cech u form ojcowskich, z wyjątkiem długości kłosa. Swoista zdolność kombinacyjna była istotna tylko dla długości źdźbła i długości kłosa. Przeciętny efekt heterozji był istotny w F₁ dla długości źdźbła, masy 1000 ziaren i masy ziaren z kłosa, zaś w F₂ tylko dla długości kłosa.

Słowa kluczowe: heterozja, pszenżyto, zdolność kombinacyjna

Combining ability and heterosis effect for some yield components of spring triticales in the crosses performed according to factorial mating design of three maternal and four paternal forms are reported. The F₁ and F₂ generations were tested in Kraków and Małyszyn, respectively. Five traits were analyzed: culm length, ear length, grain number grain weight per ear, and 1000 grains weight. The analysis of variance for F₁ and F₂ generations and parental forms showed a significant general combining ability of female forms for ear length and grain number per ear. As regards paternal forms, general combining ability was significant for all the traits under study except ear length in F₁. The specific combining ability was significant for culm length and ear length. For grain number per ear, grain weight per ear and 1000-grain weight the specific combining ability was not significant statistically. Heterosis effect was negligible for culm length and ear length, but considerably higher for grain weight per ear and 1000-grain weight.

Key words: combining ability, heterosis, triticales

WSTĘP

Dotychczasowe badania zdolności i wartości kombinacyjnej w Polsce były prowadzone głównie z formami ozimymi pszenżyta. W niektórych rejonach naszego kraju zainteresowanie uprawą pszenżyta jarego systematycznie wzrasta. Stąd też prowadzone prace hodowlane wymagają podjęcia badań nad przydatnością poszczególnych form jako komponentów rodzicielskich do krzyżowania. Na małą skalę temat ten został podjęty przez Góral i wsp. (1999, 2001), wymaga jednak znacznego poszerzenia o większy materiał genetyczny.

Celem niniejszej pracy było oszacowanie ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz efektu heterozji niektórych komponentów plonu kilku odmian i rodów pszenżyta jarego.

MATERIAŁ I METODA

Badania prowadzono w latach 2002–2004. Oceną objęto 12 mieszańców uzyskanych z krzyżowań w układzie czynnikowym trzech form matecznych: MAH 2099, MAH 2300, i Wanad z czterema formami ojcowskimi: MAH 1998, Mieszko, Kargo i CHD 328/99.

Mieszańce i formy rodzicielskie wysiano w doświadczeniu założonym metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Pokolenie F_1 rosło w Zakładzie Oceny Jakości i Metod Hodowli Zboż IHAR w Krakowie a F_2 w Spółce z o o Hodowli Roślin Strzelce, Oddział Małyszyn. Ziarniaki wysiewano punktowo na poletkach 5-rzędkowych w rozstawie 5×25 cm. Po zbiorze wykonano pomiary biometryczne na 50 roślinach zebranych ze środkowych rzędów każdego poletka, odrzucając rośliny brzeżne.

Pomiarami objęto 5 cech: długość źdźbła, długość kłosa, liczbę i masę ziaren z kłosa oraz masę 1000 ziaren. Analizę wariancji dla ocenianych cech wykonano oddzielnie dla każdego pokolenia. Składnik zmienności między genotypami (mieszańce + rodzice) rozdzielono na trzy składniki: rodzice a mieszańce, wewnątrz rodziców i wewnątrz mieszańców. Ostatni składnik rozdzielono dalej na zmienność form matecznych i ojcowskich oraz interakcji matek z ojcami. Istotność składnika „rodzice a mieszańce” wskazuje na występowanie przeciętnego efektu heterozji. Istotność składników „matki”, lub „ojcowie” wskazuje na obecność różnic między rodzicami w ogólnej zdolności kombinacyjnej. Wreszcie, istotność składnika interakcji „matki $\times$ ojcowie” jest wskaźnikiem swoistej zdolności kombinacyjnej. Oprócz analizy wariancji oszacowano efekty ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej. Obliczono również efekty heterozji w stosunku do średniej rodziców (SR) i do lepszego rodzica (LR).

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji (tab. 1) wykazała wysoce istotne zróżnicowanie składnika „genotypy” w obydwóch pokoleniach, zawierającego różnice między mieszańcami i formami rodzicielskimi dla badanych cech. Zmienność ta była spowodowana głównie różnicami między poszczególnymi mieszańcami, podczas gdy formy rodzicielskie wykazywały istotne różnice tylko dla długości źdźbła i długości kłosa.

Tabela 1

Analiza wariancji (średnie kwadraty) komponentów plonu kilku odmian i rodów pszenżyta jarego
Analysis of variance (mean squares) of yield components of some spring triticale varieties and strains

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Długość żdźbła Culm length	Długość kłosa Ear length	Liczba ziaren z kłosa Grain number per ear	Masa ziaren z kłosa Grain weight per ear	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight
F ₁						
Genotypy Genotypes	18	26,19**	0,30**	10,32**	0,04**	6,75**
Rodzice a Mieszańce Parents vs hybrids	1	47,33**	0,17	3,20	0,07*	14,02**
Rodzice Parents	6	11,29**	0,22*	6,02	0,0	3,08
Mieszańce Hybrids	11	32,40**	0,35**	13,31**	0,06**	8,09**
Matki (GCA) Females	2	6,35	0,50**	18,13*	0,01	1,92
Ojcowie (GCA) Males	3	88,53**	0,21	21,36**	0,18**	27,49**
Matki × Ojcowie (SCA) Females × Males	6	13,01**	0,38**	7,69	0,01	0,45
Błąd Error	40	3,21	0,09	3,81	0,01	1,81
F ₂						
Genotypy Genotypes	18	24,72**	0,21**	20,01**	0,05**	5,50**
Rodzice a Mieszańce Parents vs hybrids	1	0,00	0,27**	3,86	0,00	0,52
Rodzice Parents	6	19,27**	0,28**	12,19	0,04	8,07**
Mieszańce Hybrids	11	29,94**	0,16**	25,74**	0,05**	4,55*
Matki (GCA) Females	2	0,48	0,39**	50,73**	0,04	5,32
Ojcowie (GCA) Males	3	89,16**	0,22**	43,75**	0,11**	10,83**
Matki × Ojcowie (SCA) Females × Males	6	10,16*	0,05	8,41	0,02	1,15
Błąd Error	40	3,52	0,03	6,81	0,02	2,17

*, ** Istotne odpowiednio przy P = 0,05 i 0,01

*, ** Significant at P = 0.05 and 0.01, respectively

Wysoka istotność zróżnicowania mieszańców dla pozostałych cech wskazuje, że pomimo braku różnic genotypowych między rodzicami, jednak musiały istnieć różnice genetyczne. Przeciętny efekt heterozji, mierzony istotnością średniego kwadratu „rodzice a mieszańce” kształtował się różnie w obydwóch pokoleniach. Ujawnił się on wysoki w F₁ dla długości żdźbła i masy 1000 ziaren, zaś w F₂ dla długości kłosa. Duża zgodność pomiędzy obydwoma pokoleniami była obserwowana dla ogólnej zdolności kombinacyjnej matek. Średnie kwadraty były wysoce istotne dla długości kłosa i liczby ziaren z kłosa. Podobna zgodność występowała dla ogólnej zdolności kombinacyjnej ojców i obejmowała wszystkie cechy. Natomiast istotność średniego kwadratu dla

interakcji „matki × ojcowie” występowała tylko dla długości źdźbła. Stąd można wnioskować, że w dziedziczeniu badanych cech główną rolę odgrywały geny o działaniu addytywnym. Obserwacje te potwierdzają się z wynikami wielu autorów dla pszenżyta ozimego Węgrzyn i Grzesik (1995, 1996, 2001), Grzesik i Węgrzyn (1998, 2002), Węgrzyn i wsp. (1994, 1995), Pojma i Tarkowski (1998) oraz pszenżyta jarego Barker i Varughese (1992), Góral i wsp. (1999, 2001). Wymienieni autorzy stwierdzili przewagę addytywnego lub jednakową rolę addytywnego i nieaddytywnego działania genów w determinowaniu plonu i jego elementów. Carillo i wsp. (1983), a także Gill (1986) donoszą o przewadze nieaddytywnego działania genów w dziedziczeniu plonu i jego komponentów.

Oszacowane efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla form matecznych i ojcowskich zamieszczono w tabeli 2.

Tabela 2

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej
Effects of general combining ability

Odmiany i rody Varieties and strains	Długość źdźbła Culm length		Długość kłosa Ear length		Liczba ziarn z kłosa Grain number per ear		Masa ziaren z kłosa Grain weight per ear		Masa 1000 ziaren 1000 grains weight	
	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
MAH 2300	-0,93	-0,11	0,40**	0,28**	2,37*	3,75**	0,05	0,09	-0,80	-1,29
MAH 2099	1,43	-0,27	-0,12	0,05	-1,76	-0,42	-0,05	0,01	0,46	0,35
Wanad	-0,50	0,39	-0,28	-0,33**	-0,61	-3,33*	0,00	-0,10	0,34	0,94
Mieszko	4,16**	3,14**	0,23	-0,13	1,09	-3,73**	0,01	-0,10	-0,34	1,15
Kargo	0,54	2,21**	-0,36**	-0,06	2,83**	2,21*	0,25**	0,08	2,71**	-0,67
MAH 1998	3,11**	2,81**	0,16	-0,20**	-0,48	-2,70*	0,07	-0,21**	1,74**	-2,36**
CHD 328/99	-7,82**	-8,16**	-0,04	0,39**	-3,45**	4,21**	-0,33**	0,23**	-4,12**	1,87**

*, ** Istotne odpowiednio przy P = 0,05 i 0,01

*, ** Significant at P = 0.05 and 0.01, respectively

Większość efektów była zgodna pomiędzy obydwoma pokoleniami. Niezgodność efektów można tłumaczyć ewentualnym wpływem interakcji genotypowo-środowiskowej, gdyż doświadczenia były przeprowadzone nie tylko w różnych miejscowościach, ale również w innych latach. Istotnie dodatnie efekty wskazują, że dany komponent rodzicielski będzie zwiększał wartość cechy, podczas gdy ujemny będzie ją zmniejszał. Wydłużenia kłosa i zwiększenia w nim liczby ziarniaków można oczekiwać od komponentu MAH 2300. Odmiana Mieszko będzie powodować wydłużenie źdźbła w przeciwieństwie do rodu CHD 328/99, który powinien go skracać. Zwiększenie liczby ziarniaków w kłosie można oczekiwać od komponentu Kargo.

Większość oszacowanych efektów swoistej wartości kombinacyjnej była nieistotnie różna od zera (tab. 3). Jednak dla niektórych cech i kombinacji krzyżowania były wysoce istotne. Dla długości źdźbła kombinacja MAH 2099 × CHD 328/99 powodowała wydłużenie źdźbła, podczas gdy kombinacja Wanad × CHD 328/99 powodowała jego skrócenie. Podobnie, do tej ostatniej kombinacji, zachowywała się kombinacja MAH 2099 × Mieszko. Można więc przypuszczać, że znaczącą rolę odgrywały tutaj geny o działaniu nieaddytywnym. Wyniki te znajdują potwierdzenie w wielu doniesieniach dla pszenżyta

ozimego, Węgrzyn i Grzesik (1994, 1995, 1996, 2001), Grzesik i Węgrzyn (1998, 2002), Węgrzyn i wsp. (1994, 1995), Pojmaj i Tarkowski (1998) oraz dla pszenżyta jarego Barker i Varughese (1992), Góral i wsp. (1999, 2001).

Tabela 3

Efekty swoistej wartości kombinacyjnej.
Effects of specific combining ability

Odmiany i rody Varieties and strains	Mieszko	Kargo	MAH 1998	CHD 328/89
F₁				
Długość źdźbła Culm length				
MAH 2300	0,41	1,55	-0,04	-1,92
MAH 2099	-2,64*	-1,80	-1,53	5,96**
Wanad	2,23	0,25	1,57	-4,04**
Długość kłosa Ear length				
MAH 2300	0,10	0,42*	0,29	-0,82**
MAH 2099	0,36	-0,39	0,05	-0,01
Wanad	-0,46*	-0,03	-0,34	0,83**
F₂				
Długość źdźbła Culm length				
MAH 2300	2,57	-0,46	0,01	-2,12
MAH 2099	-3,64**	-1,01	-0,26	4,91**
Wanad	1,07	1,47	0,25	-2,79*

Średnie wartości poszczególnych cech dla mieszańców F₁ i F₂, wyrażone w procentach średniej rodziców i lepszego rodzica przedstawiają tabele 4 i 5. Efekty heterozji dla większości cech były niewielkie. Stosunkowo najwyższą heterozję obserwowano dla masy ziaren z kłosa i masy 1000 ziaren. Ośiem mieszańców wykazywało wyższą masę ziaren z kłosa od każdego z rodziców, a trzy wśród nich — MAH 2300 × Kargo, MAH 2099 × Kargo oraz Wanad × Kargo przewyższały lepszego rodzica o ponad 10%. Podobnie dla masy 1000 ziaren siedem mieszańców przewyższało lepszego rodzica, a wśród nich MAH 2300 × Kargo o ponad 10%.

Mały efekt heterozji długości źdźbła i długości kłosa, znaczny zaś dla plonu i jego komponentów w mieszańcach pszenżyta ozimego, opisali między innymi Grzesik (1991, 1995), Spiss i Góral (1992), Węgrzyn i Grzesik (1994, 1995, 2001) oraz Grzesik i Węgrzyn (1998). Wyniki uzyskane w tej pracy są na ogół zgodne z wynikami prac wyżej cytowanych autorów. Natomiast są wyższe od wyników uzyskanych przez Fossatiego i wsp. (1998), a także Oettler i wsp. (1998) przy ocenie heterozji na większych poletkach, a niższe niż przy ocenie na kilku pojedynczych roślinach (Dhindsa i in., 1998). Efekt heterozji, uzyskany w niniejszej pracy jest zbliżony do heterozji opisanej przez Góral i wsp. (2001), wyższy zaś w porównaniu do heterozji ocenianej na większych poletkach (Pfeiffer i in., 1998).

Tabela 4

Wystąpienie efektu heterozji długości źdźbła, długości kłosa i liczby ziaren z kłosa w stosunku do średniej rodziców (ŚR) i do lepszego rodzica (LR)
Manifestation of heterosis of culm length, ear length and grain number per ear in relation to mid-parent (MP) and better parent (BP)

Mieszaniec Hybrid	Długość źdźbła Culm length					Długość kłosa Ear length					Liczba ziaren z kłosa Grain number per ear				
	Matka Female	Ojciec Male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP	Matka Female	Ojciec Male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP	Matka Female	Ojciec Male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP
MAH 2300 × Mieszko	85,71	88,26	93,25	107,2	105,7	10,20	9,55	10,54	106,7	103,3	55,24	59,33	59,35	103,6	100,0
MAH 2300 × Kargo		80,44	90,77	109,3	105,9		9,48	10,27	104,4	100,7		58,38	65,05	114,5	111,4
MAH 2300 × MAH 1998		89,90	91,75	104,5	102,1		10,05	10,66	105,3	104,5		55,85	58,43	105,2	104,6
MAH 2300 × CHD 328/99		85,98	78,93	91,9	91,8		9,90	9,35	93,0	91,7		53,04	52,66	97,3	95,3
MAH 2099 × Mieszko	84,29	88,26	92,57	107,3	104,9	9,16	9,55	10,28	109,9	107,6	54,82	59,33	55,40	97,1	93,4
MAH 2099 × Kargo		80,44	89,79	109,0	106,5		9,48	8,93	95,8	94,2		58,38	58,32	103,0	99,9
MAH 2099 × MAH 1998		89,90	92,63	106,4	103,0		10,05	9,89	103,0	98,4		55,85	54,10	97,8	96,9
MAH 2099 × CHD 328/99		85,98	89,18	104,8	103,7		9,90	9,63	101,0	97,3		53,04	51,17	94,9	93,3
Wanad × Mieszko	89,78	88,26	95,50	107,3	106,4	8,92	9,55	9,30	100,7	97,4	52,93	59,33	58,05	103,4	97,8
Wanad × Kargo		80,44	89,90	105,6	100,1		9,48	9,14	99,3	96,4		58,38	54,65	98,2	93,6
Wanad × MAH 1998		89,90	93,79	104,4	104,3		10,05	9,35	98,6	93,0		55,85	55,55	102,1	99,5
Wanad × CHD 328/99		85,98	77,25	87,9	86,0		9,90	10,32	109,7	104,2		53,04	55,34	104,4	104,3

Tabela 5

Wystąpienie efektu heterozji masy ziaren z kłosa i masy 1000 ziaren w stosunku do średniej rodziców (ŚR) i do lepszego rodzica (LR)

Manifestation of heterosis of grain weight per ear and 1000 grains weight in relation to mid-parent (MP) and better parent (BP)

Mieszaniec Hybrid	Masa ziaren z kłosa Grain weight per ear					Masa 1000 ziaren 1000 grains weight				
	matka female	ojciec male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP	matka female	ojciec male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP
MAH 2300 × Mieszko	2,21	2,33	2,46	108,4	105,6	39,89	39,29	42,00	106,1	105,3
MAH 2300 × Kargo		2,26	2,90	129,8	128,3		38,70	45,27	115,2	113,5
MAH 2300 × MAH 1998		2,34	2,50	109,9	106,8		41,65	42,92	105,3	103,0
MAH 2300 × CHD 328/99		2,30	2,03	90,0	88,3		41,60	37,78	92,7	90,8
MAH 2099 × Mieszko	2,38	2,33	2,37	100,6	99,6	42,45	39,29	42,46	103,9	100,0
MAH 2099 × Kargo		2,26	2,62	112,9	110,1		38,70	45,31	111,7	106,7
MAH 2099 × MAH 1998		2,34	2,46	104,2	103,4		41,65	45,52	108,3	107,2
MAH 2099 × CHD 328/99		2,30	2,05	87,6	86,1		41,60	39,70	94,5	93,5
Wanad × Mieszko	2,27	2,33	2,48	107,8	106,4	43,48	39,29	42,89	103,6	98,6
Wanad × Kargo		2,26	2,50	110,4	110,1		38,70	45,93	111,8	105,6
Wanad × MAH 1998		2,34	2,52	109,3	107,7		41,65	45,16	106,1	103,9
Wanad × CHD 328/99		2,30	2,19	95,8	95,2		41,60	38,53	90,6	88,6

WNIOSKI

1. Ogólna zdolność kombinacyjna badanych odmian i rodów pszenżyta jarego form matecznych była istotna dla długości kłosa i liczby ziaren z kłosa, zaś form ojcowskich dla wszystkich analizowanych komponentów plonu (z wyjątkiem długości kłosa w pokoleniu F₁).
2. Swoista zdolność kombinacyjna była istotna tylko w przypadku długości źdźbła oraz długości kłosa.
3. Badane cechy były warunkowane głównie addytywnym działaniem genów, a w mniejszym stopniu nieaddytywnym.
4. Efekt heterozji długości źdźbła, długości kłosa i liczby ziaren z kłosa był niewielki, większy zaś dla masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren.

LITERATURA

- Barker T. C., Varughese G. 1992. Combining ability and heterosis among eight complete spring hexaploid triticale lines. *Crop Sci.* 32: 340 — 344.
- Carillo J. M., Monteagudo A., Sanchez-Monge E. 1983. Inheritance of yield components and their relationship to plant height in hexaploid triticale. *Z. Pflanzenzüchtung* 90: 155 — 165.
- Dhindsa G. S., Maini G., Nanda G. S., Singh G. 1998. Combining ability and heterosis for yield and its components in triticale. *Proc. of 4th Intern. Triticale Symp. Canada, Alberta 26–31 July 1998, vol. 2:* 116 — 118.
- Fossati D., Jaquiere R., Fossati A. 1998. Agronomical performance of triticale F₁ hybrids. *Proc. of 4th Intern. Triticale Symp. Canada, Alberta 26–31 July 1998, vol. 2:* 124 — 126.
- Gill K. S. 1986. Current status and future prospects of breeding triticale. *Triticale Intern. Symposium, Sydney 1986:* 84 — 104.

- Grzesik H. 1991. The results of studies carried out on dwarf mutants of winter hexaploid triticale. *Cer. Res. Comm.* 19 (1-2): 91 — 99.
- Grzesik H. 1995. Efekt heterozji w mieszańcach F₁ pszenżyta ozimego. *Hod. Rośl. Aklim.* 39, 3: 21 — 39.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 1998. Heterosis and combining ability in some varieties of triticale. *Proc. of 4th Intern. Triticale Symposium, Red Deer, Alberta, Canada 1998*: 129 — 133.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2002. Evaluation of combining ability in some varieties of winter triticale. *Proc. of 5th International Triticale Symposium, Radzików*: 291 — 297.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2003. Odziedziczalność elementów struktury plonu pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 226/227/1: 191 — 195.
- Góral H., Węgrzyn S., Spiss L. 1999. Heterosis and combining ability in spring triticale (*X Triticosecale* Wittm.). *Plant Breed. Seed Sci.* 43/1:25 — 34.
- Góral H., Węgrzyn S., Spiss L. 2001. Wartość kombinacyjna rodów i odmian pszenżyta jarego oraz efekt heterozji mieszańców F₁. *Biul. IHAR* 220: 127 — 137.
- Oettler G., Becker H. C., Hoppe G., Wahle G. 1998. Heterosis for yield and yield components in multi-location trials of winter triticale. *Proc. of 4th Intern. Triticale Symp. Canada, Alberta 26–31 July 1998, vol.2*: 151 — 155.
- Pfeiffer W. H., Sayre K. D., Mergoum M. 1988. Heterosis in spring triticale hybrids. *Proc. of 4th Intern. Triticale Symp. Canada, Alberta 26–31 July 1998, vol. 1*: 86 — 90.
- Pojmaj M. S., Tarkowski Cz. 1998. A diallel analysis of plant height in winter triticale (*X Triticosecale* Wittmack). *Proc. of 4th Intern. Triticale Symp. Canada, Alberta 26–31 July 1998, vol. 2*: 48 — 50.
- Spiss L., Góral H. 1992. Efekt heterozji u pszenżyta. *Zesz. Probl. IHAR. Hodowla Zbóż. Prace Badawcze Grup Problemowych Rok 1990*: 41 — 48.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1994. Oszacowanie zdolności kombinacyjnej odmian i rodów pszenżyta ozimego. *Zesz. Nauk. AR w Szczecinie, nr 162, Rolnictwo LVIII*: 261 — 265.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1995. Zdolność kombinacyjna pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 195/196: 5 — 11.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1996. Odziedziczalność plonu ziarna i cech struktury plonu pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 200: 139 — 143.
- Węgrzyn S., Grzesik H. 1994. Heterozja i zdolność kombinacyjna pszenżyta. *Zesz. Nauk. AR w Szczecinie, nr 162, Rolnictwo LVIII*: 267 — 272.
- Węgrzyn S., Grzesik H. 1995. Zdolność kombinacyjna i heterozja cech użytkowych kilku odmian pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 195/196: 13 — 19.
- Węgrzyn S., Grzesik H. 1996. The combining ability in some varieties and strains of winter triticale (*X Triticosecale* Witt.). *Plant Breed. Seed Sci.* 40: 3 — 4.
- Węgrzyn S., Grzesik H. 2001. Zdolność kombinacyjna i efekt heterozji elementów struktury plonu kilku odmian pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Witt.). *Biul. IHAR* 218/219: 243 — 249.

HALINA GÓRAL**LUDWIK SPISS**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza, Kraków

Hodowla dopełniaczy i restorerów dla systemu *cms-T. timopheevi* u pszenżyta jarego

Development of maintainer and restorer genotypes for *cms-T. timopheevi* system in spring triticale

Otrzymano i oceniono pod względem męskiej płodności 41 mieszańców F₁ pszenżyta jarego pochodzących z krzyżowania męskosterylnych roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą *T. timopheevi* jako matek z polskimi i zagranicznymi odmianami i rodami hodowlanymi pszenżyta jarego. Frekwencja rodów i odmian pszenżyta jarego w pełni dopełniających lub restorujących była mała i wynosiła po 5%. Ponad 40% rodów i odmian charakteryzowało się indeksem restoracji 90%–100%. W wyniku krzyżowań wypierających otrzymano jedną linię w pełni męskosterylną i kilka linii o niepełnej męskiej sterylności w pokoleniach BC₁–BC₇. Zaproponowano schemat szybkiego wytwarzania linii dopełniających.

Słowa kluczowe: genotypy dopełniające i przywracające męską płodność, męska sterylność, pszenżyto jare

Forty-one F₁ hybrids, obtained by crossing male sterile plants (*T. timopheevi* cytoplasm) with Polish and foreign spring triticale varieties, were tested for male fertility. The frequency of genotypes fully maintaining sterility or fully restoring fertility was low and did not exceed 5% each. Over 40% of genotypes exhibited the restoration index of 90%–100%. As a result of backcrossing, one fully and several not fully male sterile lines were obtained in BC₁ to BC₇ generations. A scheme of obtaining sterility maintaining lines is proposed.

Key words: maintaining and restoring genotypes, male sterility, spring triticale

WSTĘP

Podobnie jak w przypadku pszenżyta ozimego hodowla odmian mieszańcowych pszenżyta jarego mogłaby być alternatywną metodą hodowli nowych odmian. Nieliczne badania prowadzone w Polsce (Góral i in., 1999; Węgrzyn i in., 2000; Góral, 2002 a) oraz w innych krajach (Barker i Varughese, 1992; Dhindsa i in., 1998; Naeem i Darvey, 1998; Pfeiffer i in., 1998) wskazują na występowanie nieaddytywnej genetycznej zmienności wśród odmian i rodów pszenżyta jarego oraz efektu heterozji plonu ziarna i cech

plonotwórczych u mieszańców F_1 . Barker i Varughese (1992) wykazali ponadto większy efekt heterozji u mieszańców F_1 w warunkach braku nawadniania, co może mieć szczególnie znaczenie w przypadku wyhodowania odmian mieszańcowych pszenżyta jarego w Polsce ze względu na częste susze, obniżające plon odmian tradycyjnych. Hodowla odmian mieszańcowych wymaga opracowania sposobu otrzymywania nasion mieszańcowych. Zastosowanie systemu cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterility jest jednym z nich.

Celem pracy było zbadanie efektu sterylizacji pyłku odmian i rodów pszenżyta jarego w cytoplazmie *Triticum timopheevi* oraz wytworzenie systemu cms-*T. timopheevi*. Część wyników przedstawiono we wcześniejszym opracowaniu (Góral, 2002 a).

MATERIAŁ I METODY

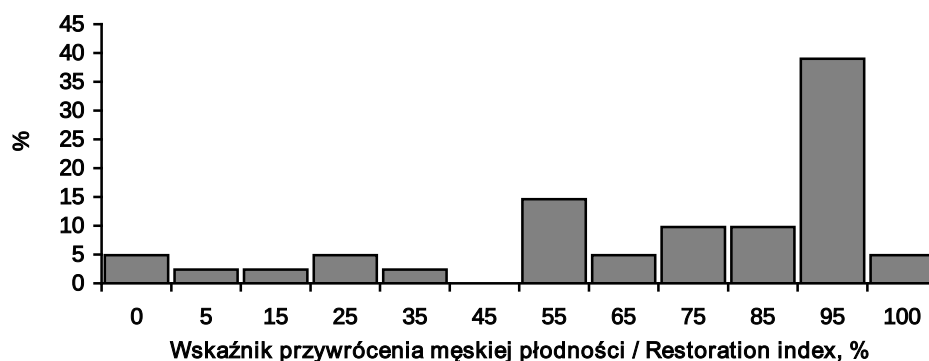
W latach 1997–2004 w Stacji Doświadczalnej Prusy AR w Krakowie wytworzono i oceniono pod względem męskiej płodności 41 mieszańców F_1 pszenżyta jarego. Mieszańce otrzymano w wyniku krzyżowania męskosterylnej linii pszenżyta ozimego — cms Salvo 15/1 (cytoplazma *T. timopheevi*), którą otrzymano wcześniej (Spiss i Góral, 1994) z 6 polskimi odmianami pszenżyta jarego (Jago, Gabo, Maja, Migo, Kargo, Wanad), 8 odmianami meksykańskimi, otrzymanymi z kolekcji AR w Lublinie (Walrus, Papion 4, Lamb 2, Peltra 5-1, Bogal 7, Alamos 83, Fahad 7, Brumbu) oraz 27 rodami, udostępnionymi przez Hodowlę Roślin Danko. Mieszańce F_1 (średnio po 25 roślin) wysadzano w rozstawie 40×20 cm. Na każdej roślinie izolowano przed kwitnieniem 3–5 kłosów. Rośliny oceniano dwukrotnie pod względem męskiej płodności. W czasie kwitnienia określano stopień wykształcenia i pęknięcia pylników, a w czasie dojrzałości oceniano wizualnie osadzenie ziaren w izolowanych kłosach. Za męskopłodne uznano rośliny charakteryzujące się uwalnianiem prawidłowo wykształconych, pękających pylników na zewnątrz kwiatu w czasie kwitnienia, obfitym pyleniem oraz osadzeniem ziaren zbliżonym do osadzenia ziaren u odmian. Jako męskosterylne kwalifikowano rośliny o pylnikach małych, zdeformowanych, nie wysuniętych z kwiatu i kłosach, w których nie zawiązywały się ziarna pod izolatorem. Pozostałe rośliny kwalifikowano jako pośrednie. Frekwencję rodów i odmian, o różnej zdolności przywracania męskiej płodności w potomstwie roślin męskosterylnych, określono na podstawie wskaźnika przywrócenia płodności w pokoleniu F_1 : $N + 0,5 P$, gdzie N oznacza procent roślin męskopłodnych, a P — procent roślin pośrednich (Geiger i Morgenstern, 1975).

W przypadku potomstw F_1 charakteryzujących się większością roślin męskosterylnych lub męskopłodnych prowadzono krzyżowania wypierające z odmianą lub rodem ojcowskim oraz chów wsobny partnera powracającego w krzyżowaniach.

WYNIKI I DYSKUSJA

Z ogólnej liczby 994 ocenionych roślin F_1 11% było męskosterylnych, 68% męskopłodnych i 21% pośrednich. Dwie formy ojcowskie (5%) spośród 41 badanych utrzymywały męską sterility, a dwie inne (również 5%) przywracały w pełni męską

plodność. Większość potomstw F_1 (90%) składała się z roślin męskopłodnych, pośrednich i męskosterylnych, z przewagą roślin męskopłodnych. Wśród badanych odmian i rodów najwięcej (43,9%) było takich, które przywracały płodność u mieszańców F_1 w 90%–100% (rys. 1). Nieliczne formy ojcowskie (14,6%) przywracały płodność potomstwa roślin męskosterylnych w granicach od kilku do 30%. Potomstwa te składały się z roślin męskosterylnych niezawijających ziaren pod izolatorem i pośrednich, zawiązujących do 10 ziaren w wyniku samozapylenia.



Rys. 1. Udział rodów i odmian ($n = 41$) pszenżyta jarego o różnym wskaźniku przywrócenia męskiej płodności

Fig. 1. Distribution of strains and cultivars ($n = 41$) of spring triticale with varying restoration index

U pszenżyta jarego, podobnie jak u ozimego (Góral 2002 a, 2002 b), występowała bardzo mała frekwencja genotypów w pełni dopełniających i restorujących. Zdecydowana większość badanych rodów i odmian przywracała płodność potomstwu męskosterylnych roślin w 50%–100%. Także Nalepa (1990) oraz Warzecha i wsp. (1996, 1998, 2002) stwierdzili większą częstość przywracania płodności niż utrzymywania męskiej sterylności u pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi*.

Prowadząc krzyżowania wypierające roślin męskosterylnych pokolenia F_1 z liniami kolejnych pokoleń wsobnych wyprowadzonymi z odmiany Walrus otrzymano linię dopełniającą i jej męskosterylnego analoga w pokoleniu BC_5 (tab. 1). Duży udział roślin męskosterylnych w kilku innych potomstwach F_1 sugerował także szansę wyselekcjonowania linii dopełniających z odpowiednich form ojcowskich. Rośliny męskosterylne z potomstw nie w pełni męskosterylnych krzyżowano z pojedynczymi roślinami odpowiedniego rodu/odmiany, prowadząc jednocześnie ścisły chów wsobny i selekcję linii, wyprowadzonych z formy ojcowskiej. Indeks restoracji w kolejnych pokoleniach był mały, ale zmienny (tab. 1). Postępując w ten sposób nie otrzymano jednak w pełni skutecznych linii dopełniających.

Linie przywracające płodność próbowano otrzymać w podobny sposób, tj. prowadząc krzyżowania roślin męskopłodnych pokolenia F_1 z liniami wyprowadzanymi

z rodów/odmian nie w pełni restorujących (tab. 2). Indeks restoracji w kolejnych pokoleniach był wysoki, ale tylko w nielicznych przypadkach wynosił 100% (tab. 2).

Tabela 1

Indeks restoracji w pokoleniu F₁ i w kolejnych pokoleniach krzyżowań wypierających roślin męskosterylnych z liniami selekcionowanymi w kierunku dopełniania
Restoration index in F₁ hybrids and successive backcrosses of male sterile plants with lines selected for maintaining male sterility

Pokolenie Generation	Linie Lines				
	CHD 168/93/1	RAH 1052/3	Walrus 1	CHD 328/5	CHD 400
F ₁	10,0	21,7	0,0	3,3	0,0
BC ₁	13,5	43,5	14,7	5,6	
BC ₂	11,3	14,2	0,0		
BC ₃	6,2	9,3	0,0		
BC ₄	6,2	10,0	0,0		
BC ₅	10,7	5,0	0,0		
BC ₆	0,0				
BC ₇	6,2				

Tabela 2

Indeks restoracji w pokoleniu F₁ i w kolejnych pokoleniach krzyżowań wypierających roślin męskosterylnych z liniami selekcionowanymi w kierunku restoracji
Restoration index in F₁ hybrids and successive backcrosses of male sterile plants with lines selected for male fertility restoration

Pokolenie Generation	Linie Lines				
	Migo 8	Wanad 1	Maja 6	Gabo 10	CHD 194/5
F ₁	100,0	94,4	92,9	96,6	92,9
BC ₁	85,7	100,0	100,0	95,0	100,0
BC ₂	89,5	100,0	97,4	86,8	95,0
BC ₃	88,7	100,0	100,0	97,4	95,8
BC ₄	80,0	97,5	89,8	97,8	100,0
BC ₅	83,3	96,4	95,0	94,4	100,0
BC ₆	100,0				100,0

Mimo małej frekwencji genotypów w pełni restorujących przywracanie płodności w systemie cms-*T. timopheevi* nie powinno być problemem, ponieważ indeks restoracji wynoszący około 90% może być wystarczający w produkcji nasion mieszańcowych ze względu na skłonność pszenżyta do obcopłodności i związaną z tym pewną tolerancję na niepełne przywrócenie męskiej płodności. Dużym ograniczeniem wykorzystania tego systemu jest mały udział genotypów utrzymujących męską sterylność. Wyprowadzanie i selekcja linii z rodów/odmian „częściowo” dopełniających dawały zmienne wyniki i były mało efektywne prawdopodobnie z powodu braku kompletu alleli nierestorujących lub bardzo słabych alleli restorujących, wrażliwych na zmiany środowiska, u form ojcowskich. Brak homozygotyczności form ojcowskich oraz złożony sposób dziedziczenia cechy męskiej płodności/sterylności także mógł być przyczyną słabej skuteczności selekcji dopełniaczy wprost z rodów hodowlanych i odmian. Wydaje się, że linie dopełniające

należy tworzyć w sposób zaplanowany. Różne schematy hodowli homozygotycznych linii dopełniających u pszenżyta ozimego z wykorzystaniem techniki otrzymywania linii podwojonych haploidów zaproponowali Góral (2002 a) i Warzecha i Salak-Warzecha (2002). Wykorzystanie techniki linii DH do otrzymywania systemu cms proponują również Bicar i Darvey (1997) u żyta, a Gazecka i wsp. (1994) wykorzystali tę technikę do hodowli stabilnych linii męskosterylnych w systemie typu *polima* u rzepaku.

Hodowlę nowych linii dopełniających i męskosterylnych analogów u pszenżyta jarego można prowadzić także według sposobu zastosowanego przez Łapińskiego (1977) w hodowli dopełniaczy u żyta, przydatnego szczególnie w takich przypadkach, kiedy potomstwo F_1 , otrzymane z krzyżowania roślin męskosterylnych z różnymi genotypami, segreguje na rośliny męskosterylne, pośrednie i męskopłodne. Donorem genów nierestorujących mogłaby być linia Walrus 1. Męskosterylną wersję tej linii należy wykorzystać jako testera w krzyżowaniach z rodami/odmianami. W przypadku otrzymania rozszczepiających się potomstw F_1 należy kontynuować krzyżowania wypierające roślin męskosterylnych z rodem/odmianą w celu otrzymania rozszczepiającej się wersji rodu/odmiany. Męskopłodne segreganty należy krzyżować z rodem/odmianą jako matką. W potomstwach z tych krzyżowań powinny się pojawić „nierestorujące” homozygoty, które można zidentyfikować na podstawie krzyżowań z roślinami męskosterylnymi z rozszczepiającej się wersji rodu/odmiany. Otrzymanie w potomstwie wyłącznie roślin męskosterylnych oznaczać będzie identyfikację linii nie posiadającej genów przywracających płodność. Cały cykl powinien trwać nie dłużej niż 4 lata, a nowe linie dopełniające powinny zawierać średnio nie więcej niż 25% genów linii Walrus 1. Na przykład:

— I rok:

— wytwarzanie F_1 (cms Walrus 1 $\times$ ród A),

— II rok:

— ocena F_1 (cms Walrus 1 $\times$ ród A),

— otrzymanie $BC_1(1)$: męskosterylne segreganty $F_1 \times$ ród A,

— otrzymanie $BC_1(2)$: ród A $\times$ męskopłodne segreganty F_1

— III rok:

— męskosterylne segreganty $BC_1(1) \times BC_1(2)$

— IV rok:

— identyfikacja homozygotycznych linii dopełniających

W przypadkach, gdy potomstwo z krzyżowania linii cms Walrus 1 $\times$ ród A będzie się składać tylko z roślin męskosterylnych i pośrednich technika otrzymywania linii DH wprost z rodu poprzez homozygotyzację poszczególnych linii może także doprowadzić do identyfikacji dopełniających linii DH.

WNIOSKI

1. Frekwencje rodów i odmian pszenżyta jarego, które w pełni utrzymywały męską sterylność lub przywracały męską płodność były małe i wynosiły po 5%. Ponad 40% rodów i odmian charakteryzowało się indeksem restoracji 90%–100%.

2. W wyniku krzyżowań wypierających otrzymano jedną linię w pełni męskosterylną i kilka linii o niepełnej męskiej sterility w pokoleniach BC₁–BC₇.
3. Zaproponowano schemat szybkiego wytwarzania nowych dopełniaczy z wykorzystaniem wyselekcjonowanej linii dopełniającej Walrus 1 i jej męskosterylnej wersji.

LITERATURA

- Bicar E. H., Darvey N. L. 1997. Development of the components of a cytoplasmic male sterility hybrid system in rye through anther culture. *Euphytica* 97: 151 — 160.
- Dhindsa G. S., Maini G., Nanda G. S., Singh G. 1998. Combining ability and heterosis for yield and its components in triticales. In: Proc. 4th Int. Triticale Symp., Red Deer, Alberta, Canada, 26–31 July 1998: 116 — 118.
- Gazecka B., Bartkowiak-Broda I., Popławska W., Liersch A. 1994. Zastosowanie linii homozygotycznych uzyskanych na drodze androgenezy *in vitro* w hodowli mieszańcowej rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Prace Ogródu Botanicznego PAN* 5/6: 525 — 529.
- Geiger H.H., Morgenstern K. 1975. Angewandt-genetische Studien zur cytoplasmatischen Pollensterilität bei Winterroggen. *Theor. Appl. Genet.* 46: 269 — 276.
- Góral H. 2002a. Biologiczno-hodowlane aspekty wykorzystania heterozji u pszenżyta ($\times$ *Triticosecale* Wittm.). *Zesz. Nauk. AR Krak. Ser. Rozpr.* 283.
- Góral H. 2002b. Ocena męskiej płodności mieszańców F₁ pszenżyta ozimego z cytoplazmą *Triticum timopheevi*. *Folia Iniv. Agric. Stetin. Agricultura* 228(91): 17 — 22.
- Łapiński M. 1977. Genowa i cytoplazmatyczna męska niepłodność u żyta (*Secale* spp.). *AR w Szczecinie Rozprawy* 49.
- Naeem H. A., Darvey N. L. 1998. Heterosis for yield and quality in hexaploid triticales. In: Proc. 4th Int. Triticale Symp., Red Deer, Alberta, Canada, 26–31 July 1998: 143 — 150.
- Nalepa S. 1990. Hybrid triticales: present and future. Proc. of the Second Intern. Triticale Symp. Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brasil, 1–5 October 1990, CIMMYT, Mexico: 402 — 407.
- Pfeiffer W.H., Sayre K.D., Mergoum M. 1998. Heterosis in spring triticales hybrids. In: Proc. 4th Int. Triticale Symp., Red Deer, Alberta, Canada, 26–31 July 1998: 86 — 91.
- Spiss L., Góral H. 1994. Hodowla form męskosterylnych i przywracających płodność u pszenżyta. *Zesz. Nauk. AR w Szczecinie* 162, ser. Rolnictwo, 58, 243 — 246.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K., Staszewski Z. 1996. CMS system in hexaploid triticales. Eds. H. Guedes-Pinto, N. Darvey and V. P. Carnide: *Triticales: today and tomorrow*. Kluwer. Acad. Publ. Dordrecht: 225 — 232.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K., Staszewski Z. 1998. Development and use of Triticales CMS system in hybrid breeding. Proc. of the 4th Intern. Triticale Symp. Red Deer, Alberta, Canada, July 26–31, 1998: 79 — 85.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticales — prospects for research and breeding — Part II: Development of male sterile lines. In: Proc. 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June–5 July 2002, vol. I: 193 — 198.

PIOTR NIERÓBCA

Zakład Uprawy Roślin Zbożowych

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy

Reakcja nowych odmian pszenżyta jarego na opóźnienie terminu siewu w warunkach różnego zagęszczenia roślin

Response of new varieties of spring triticale to the delay in sowing term at different plant densities

W latach 2002–2004 przeprowadzono badania, w których określono reakcja nowych odmian pszenżyta jarego na opóźnienie terminu siewu w warunkach różnych gęstości siewu. Stwierdzono, że badane odmiany Matejko (MAH 2601), MAH 2802 i SMH 702 plonują lepiej przy wczesnym siewie i przy obsadzie roślin po wschodach 600 szt./1 m². Nie stwierdzono istotnego wpływu zwiększania obsady roślin w warunkach opóźnionego siewu na poziom plonowania pszenżyta jarego.

Słowa kluczowe: ilość wysiewu, pszenżyto jare, termin siewu, struktura plonu

In the years 2002–2004 the investigations were conducted to evaluate a response of new varieties of spring triticale to the delay in sowing term at different sowing densities. Varieties Matejko (MAH 2601), MAH 2802 and SMH 702 yielded better when planted early, at medium sowing density (600 plants/1 m²). No significant effect on spring triticale yielding of increasing plants population at the delayed sowing was found.

Key words: spring triticale, sowing time, sowing density, yield structure

WSTĘP

Ostatnie lata charakteryzują się trudnymi wiosennymi warunkami agroklimatycznymi, co powoduje opóźnianie terminu siewu zbóż jarych. Ten element agrotechniki wpływa w dużym stopniu na plonowanie, poprzez skrócenie faz rozwojowych, zmniejszanie krzewienia produkcyjnego i pogarszanie parametrów struktury kłosa (Dmowski i in., 2000; Cyfert i in., 2004). Ujemny wpływ opóźniania terminu siewu można częściowo niwelować dobierając odpowiednią ilość wysiewu zboża. Reakcja na takie elementy agrotechniki jak termin siewu i ilość wysiewu w dużej mierze są cechami charakterystycznymi dla danego genotypu. Dlatego postawiono sobie za cel badań określenie reakcji nowych odmian pszenżyta jarego na opóźnianie terminu siewu w warunkach różnej obsady roślin.

MATERIAŁ I METODY

W latach 2002–2004 przeprowadzono równoległe badania z 3 odmianami pszenżyta jarego – Matejko (MAH 2601), MAH 2802, SMH 702, w których oceniano wpływ dwóch czynników:

- termin siewu: najwcześniejszy jaki był możliwy w danym roku oraz opóźniony o 10 dni,
- gęstości siewu: 400, 600, 800 roślin na 1 m².

Przeprowadzono je na nieobetonowanych mikropoletkach o powierzchni do zbioru 0,33 m², w układzie losowanych podbloków, w trzech powtórzeniach. Doświadczenie zlokalizowano na glebie kompleksu pszennego dobrego. Siew wykonano punktowo w rzędy o rozstawie 11 cm. Nawożenie mineralne wynosiło: P₂O₅ — 80 kg/ha, K₂O — 100 kg/ha, N — 90 kg/ha. Fosfor, potas i połowę dawki azotu stosowano przedsięwzię, drugą część dawki azotu w fazie strzelania w źdźbło. Pielęgnację wykonano ręcznie, rośliny zabezpieczono przed wyleganiem stosując metalowe ramy połączone sznurkiem. Choroby i szkodniki zwalczano chemicznie. Zbiór wykonano w fazie dojrzałości pełnej. Oznaczono plon ziarna, liczbę roślin i kłosów na 1 m² oraz masy tysiąca ziaren i komponenty plonu. Wyniki opracowano statystycznie i określono istotność różnic testem Tukeya dla P = 0,95.

WYNIKI

Analiza statystyczna nie wykazała istotnych interakcji między terminem siewu a obsadą roślin po wschodach na plon i cechy struktury plonu, dlatego wyniki przedstawiono jako średnie oddzielnie dla badanych elementów agrotechniki (tab. 1, 2).

Tabela 1

Wpływ ilości wysiewu na plonowanie i strukturę plonu odmian pszenżyta jarego (2002–2004)
Influence of sowing density on yield and yield structure of spring triticale cultivars (2002–2004)

Odmiany Cultivars	Ilość wysiewu szt/m ² Sowing density	Cechy — Traits						
		liczba roślin /1 m ² number of plants /1 m ²	liczba kłosów/1m ² number of heads/m ²	rozkrzewie- nie produkcyjne tillering	plon z rośliny (g) yield of grain per plant	plon z kłosa (g) yield of grain per head	MTZ weight of 1000 grains	plon 1 m ² (kg) yield 1 m ² (kg)
Matejko — MAH 2601	400	354	623	1,77	2,26	1,28	34,8	0,79
	600	488	745	1,55	1,92	1,23	35,1	0,91
	800	559	852	1,58	1,77	1,12	35,9	0,95
NIR — LSD		49,3	45,9	0,17	0,27	0,09	r.n.	0,11
MAH 2802	400	326	627	1,97	3,34	1,70	39,5	1,06
	600	399	749	1,90	3,34	1,67	38,9	1,26
	800	488	791	1,65	2,42	1,47	40,2	1,16
NIR — LSD		93,3	83,0	0,21	0,81	0,22	r.n.	0,19
SMH 702	400	318	574	1,82	2,55	1,48	35,1	0,80
	600	399	727	1,85	2,36	1,26	34,1	0,92
	800	456	816	1,82	2,22	1,23	32,7	1,01
NIR — LSD		40,2	90,4	r.n.	0,27	0,19	r.n.	0,12

Tabela 2

Wpływ terminu siewu na plonowanie i strukturę plonu odmian pszenżyta jarego (2002–2004)
The effect of sowing time on yield and yield structure of spring triticale cultivars (2002–2004)

Odmiany Cultivars	Termin siewu Sowing time	Cechy — Traits						
		liczba roślin/1 m ² number of plants/1 m ²	liczba kłosów/1 m ² number of heads/m ²	rozkrzewie- nie produkcyjne productive tillering	plon z rośliny(g) yield of grain per plant	plon z kłosa(g) yield of grain per head	MTZ weight of 1000 grains	plon 1 m ² (kg) yield 1 m ² (kg)
Matejko —	I	453	736	1,68	2,13	1,26	37,4	0,96
MAH 2601	II	480	743	1,58	1,83	1,16	33,1	0,85
NIR/LSD		r.n.	r.n.	r.n.	0,28	0,09	3,76	0,09
MAH 2802	I	379	732	2,00	3,66	1,80	44,2	1,31
	II	430	712	1,68	2,41	1,49	34,9	1,01
NIR — LSD		r.n.	r.n.	0,30	0,97	0,24	9,26	0,18
SMH 702	I	366	729	2,02	2,76	1,44	36,9	0,99
	II	418	682	1,64	1,99	1,22	32,2	0,82
NIR — LSD		r.n.	r.n.	0,32	0,58	0,20	3,54	0,15

Tabela 3

Plonowanie pszenżyta jarego w warunkach różnej obsady roślin i różnych terminów siewu
Yielding of spring triticale at different plant densities and different sowing terms

Odmiany Cultivars	Ilość wysiewu szt/m ² Sowing density	Plon kg/1 m ² — Yield kg/1 m ²	
		termin siewu I sowing time I	termin siewu II sowing time II
Matejko — MAH 2601	400	0,793	0,788
	600	0,962	0,865
	800	0,990	0,908
MAH 2802	400	1,157	0,960
	600	1,453	1,070
	800	1,320	1,007
SMH 702	400	0,860	0,797
	600	1,037	0,918
	800	1,083	1,007

Ujawniły się natomiast pewne tendencje w reakcji na te czynniki i są one przedstawione w tabeli 3.

Zróźnicowanie obsady roślin po wschodach od 400 do 800 szt./1 m² spowodowało istotne zmiany plonu ziarna badanych odmian pszenżyta jarego (tab. 1). W przypadku odmian: Matejko (MAH 2601) i SMH 702 istotnie wyższy plon uzyskano na obiektach o obsadzie roślin 600 i 800 szt./m², natomiast MAH 2802 plonował istotnie wyżej jedynie na obiekcie o obsadzie roślin 600 szt./m². Ta reakcja na zwiększanie obsady roślin na jednostce powierzchni jest zgodna z wynikami Chrzanowskiej-Drożdż i wsp. (2000), którzy obserwowali wzrost plonu pszenżyta jarego tylko do średnich ilości wysiewu (540 ziaren/m²). Plon był głównie determinowany przez liczbę kłosów na jednostce powierzchni (Pisulewska i in., 2004). Liczba kłosów była najmniejsza na obiektach z obsadą 300 roślin po wschodach na 1 m², mimo tego, że plon z rośliny i z kłosa na tych obiektach był istotnie największy to plon z jednostki powierzchni był istotnie niższy (Stankowski, 1994).

Odmiany Matejko (MAH 2601), MAH 2802 i SMH 702 pszenżyta jarego nie różniły się reakcją na termin siewu, reagowały istotną obniżką plonu na opóźnienie siewu o 10 dni. Spowodowane to było istotnie mniejszym plonem z rośliny, plonem z kłosa oraz MTZ na obiektach o opóźnionym terminem siewu (tab. 2). Potwierdzają to badania Maćkowiaka i wsp. (2000), który twierdzi, że najwcześniej sianym gatunkiem jarym zboża powinno być pszenżyto.

Analizując reakcję na opóźnienie terminu siewu w warunkach różnej obsady roślin na jednostce powierzchni po siewie należy zwrócić uwagę na tendencje mniejszego spadku plonu na obiektach o najmniejszej obsadzie. Natomiast zwiększenie obsady roślin do 800 szt./m² pozwala na uzyskanie plonu zbliżonego do plonu uzyskanego z obiektów o wczesnym siewie i obsadzie 600 szt./m² (tab. 3).

WNIOSKI

1. Badane odmiany: Matejko (MAH 2601), MAH 2802 i SMH 702 można zaliczyć do odmian wrażliwych na termin siewu, już przy opóźnieniu wysiewu o 10 dni plonują istotnie gorzej.
2. Badane odmiany: Matejko (MAH 2601), MAH 2802 i SMH 702 mają podobne wymagania, co do gęstości siewu, najlepiej plonowały przy obsadzie roślin po wschodach 600 na 1 m².

LITERATURA

- Chrzanowska-Drożdż B., Liszewski M. 2000. Reakcja pszenżyta jarego Migo i Gabo na gęstość siewu. Zesz. Nauk. AR Szczecin, nr 206: 39 — 44.
- Cyfert R., Michalak A., Najewski A., Zych J. 2004. Zboża jare - wyników porejestrowych doświadczeń odmianowych. Nr 22, COBORU Słupia Wielka.
- Dmowski Z., Dzieżyc H., Szymczyk R. 2000. Zależność plonowania pszenżyta od odmiany, warunków glebowych i rejonu uprawy. Zeszyt 73, COBORU, Słupia Wielka.
- Maćkowiak W., Budzianowski G., Goworko W., Woś H. 2000. Reakcja odmian zbóż jarych: pszenżyta, owsa, pszenicy i jęczmienia na termin siewu. Zesz. Nauk. AR Szczecin, nr 206: 159 — 162.
- Pisulewska E., Kołodziejczyk M., Witkowicz R. 2004. Plonowanie, struktura plonu oraz kształtowanie się morfotypu pszenżyta jarego w zależności od odmiany i ilości wysiewu. Biul. IHAR 231: 201 — 210.
- Stankowski S. 1994. Wpływ terminu siewu, ilości wysiewu, rozstawy rzędów i gęstości siewu na plonowanie pszenżyta jarego. Rozpr. AR Szczecin, 159.

TOMASZ WARZECHA

HALINA GÓRAL

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza w Krakowie

Podatność auto- i alloplazmatycznych linii pszenżyta na zgorzel siewek wywołaną przez *Fusarium culmorum* (W.G.Sm.) Sacc.

Susceptibility of auto- and alloplasmic triticale lines to seedling blight caused by *Fusarium culmorum* (W.G.Sm.) Sacc.

Badano podatność izogenicznych linii pszenżyta, różniących się rodzajem cytoplazmy i męską płodnością (4 linie męskosterylne z cytoplazmą *T. timopheevi* i 4 linie dopełniające z cytoplazmą *T. aestivum*) na zgorzel siewek wywołaną przez *Fusarium culmorum*. Ziarniaki inokulowano *Fusarium culmorum*, izolatem IPO348-01 pochodzącym z Instytutu Ochrony Roślin w Wageningen w Holandii. Pojedyncze izolaty *F. culmorum* hodowano na pożywce PDA (Potato Dextrose Agar-Sigma) na płytkach Petriego. Inkubację prowadzono w stałych warunkach laboratoryjnych przez 7 dni w temperaturze 22°C. Męskosterylne linie pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi* charakteryzowały się większą podatnością siewek na *F. culmorum* niż męskopłodne linie z cytoplazmą *T. aestivum*. Porażenie liścia u linii męskosterylnych było 3 razy, a porażenie korzenia 1,5 razy większe niż u linii dopełniających. Współczynnik korelacji między porażeniem liścia i korzenia wynosił 0,97. Przy wykorzystywaniu męskiej sterylności opartej na cytoplazmie *T. timopheevi* do wytwarzania odmian mieszańcowych pszenżyta należy zwracać uwagę na odporność linii matecznych na *F. culmorum*.

Słowa kluczowe: cytoplazma *Triticum timopheevi*, fuzarioza siewek, *Fusarium culmorum*, pszenżyto

Isogenic triticale lines differing in a type of cytoplasm and male fertility (4 male sterile lines with *T. timopheevi* cytoplasm and 4 maintaining lines with *T. aestivum* cytoplasm) were examined for susceptibility to seedling blight caused by *Fusarium culmorum*. Grains of triticale were inoculated with isolate IPO 348-01 originated from the Institute of Plant Protection, Wageningen, the Netherlands. Single isolates of *Fusarium culmorum* were cultivated on PDA medium (Potato Dextrose Agar- Sigma) on Petri dishes. Inoculated grains were incubated for 7 days at 22°C. Male sterile triticale lines with *T. timopheevi* cytoplasm showed higher leaf and roots susceptibility to *F. culmorum* than did male fertile lines with *T. aestivum* cytoplasm. In the set of male sterile lines, a leaf infection score and root infection score were, respectively, 3 and 1.5 times as high as those in the set of male fertile lines. A coefficient of correlation between leaf and root infection was 0.97. When the male sterility based on *T. timopheevi* cytoplasm is utilized to produce triticale hybrid varieties, it is advisable to recognise a level of resistance to *F. culmorum* of female parent lines.

Key words: *Fusarium culmorum*, fusarium seedling blight, triticale, *Triticum timopheevi* cytoplasm

WSTĘP

Rodzaj *Fusarium* obejmuje wiele szeroko rozpowszechnionych w świecie patogenów zbóż mogących porażać rośliny w stadium siewki, w fazie kłoszenia i kwitnienia. *Fusarium culmorum* należy do grupy patogenów wywołujących zgorzel siewek oraz zgniliznę korzeni (Grey i Mathre, 1988). Może ponadto wywoływać fuzariozę kłosa (FHB), będącą poważnym zagrożeniem dla większości zbóż drobnoziarnistych (Prom i in., 1997; Salas i in., 1997). Choroba może drastycznie obniżyć plon ziarna oraz jego jakość powodując duże straty ekonomiczne (Bai i Shaner, 1994; McMullen i in., 1997). Źródłem inokulum tego patogena jest ziarno oraz resztki pozbiorcze w glebie.

Obca cytoplazma stosowana w celu otrzymania męskiej sterility, wykorzystywanej w hodowli heterozyjnej może mieć niekorzystny wpływ na cechy agronomiczne oraz odporność na choroby (Panayotov, 1980; Kaul, 1988; Nalepa, 1990; Poehlman i Slepier, 1995). Cytoplazma *Triticum timopheevi* nie wywiera niekorzystnego wpływu na plon ziarna i komponenty plonu u pszenżyta (Nalepa i Jenkins, 1985; Góral i Spiss, 1998). Informacja na temat podatności pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi* na choroby grzybowe z rodzaju *Fusarium* może być ważna dla hodowców ze względu na możliwość wykorzystania tej cytoplazmy jako źródła męskiej sterility w hodowli heterozyjnej pszenżyta (Cauderon i in., 1985; Nalepa, 1990; Spiss i Góral, 1994; Warzecha i Salak-Warzecha, 2002).

Celem pracy było zbadanie podatności męskosterylnych linii pszenżyta z cytoplazmą *Triticum timopheevi* i z cytoplazmą *Triticum aestivum* na infekcję *Fusarium culmorum* w stadium siewek.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły izogeniczne linie pszenżyta, różniące się rodzajem cytoplazmy: męskosterylne linie z cytoplazmą *Triticum timopheevi* (cms 19, B₁₁, cms Grado, B₁₆, cms Purdy 5/5, B₁₀ i cms Salvo 15/1, B₁₅) oraz linie dopełniające z cytoplazmą *Triticum aestivum* (19, S₁₂, Grado, S₁₇, Purdy 5/5, S₁₀ i Salvo 15/1, S₁₇). Ziarniaki inokulowano *Fusarium culmorum*, izolatem IPO348-01 pochodzącym z Instytutu Ochrony Roślin w Wageningen w Holandii. Pojedyncze izolaty *F. culmorum* hodowano na pożywce PDA (Potato Dextrose Agar-Sigma) na płytkach Petriego. Inkubację prowadzono w stałych warunkach laboratoryjnych przez 7 dni w temperaturze 22°C.

Ocenę podatności linii pszenżyta na zgorzel siewek powodowaną przez *Fusarium culmorum* przeprowadzono w komorze fitotronowej. Doświadczenie założono w układzie całkowicie losowym w trzech powtórzeniach. Badano 50 siewek w każdym powtórzeniu. Ziarniaki dezynfekowano powierzchniowo 3% NaClO przez 3 minuty, przemywano sterylną wodą, a następnie moczoło przez 24 godziny w wodzie sterylnej. Po tym czasie wykładano je na krążki pożywki PDA o średnicy 4 mm przerośniętej kulturą grzyba. Szalki z inokulowanymi oraz nieinokulowanymi ziarniakami, stanowiącymi kontrolę, przenoszono do szafy fitotronowej, gdzie pozostawały przez siedem dni w temperaturze 22°C/20°C (dzień/noc), oświetleniu 10000 lx, fotoperiodzie 12h/12h i wilgotności 100%.

Po tym czasie dokonano oceny stopnia porażenia korzenia i liścia siewek w pięciostopniowej skali, opisanej wcześniej przez Chełkowskiego i Mańkę (1983), gdzie 1 — oznacza bardzo słabe porażenie, 2 — słabe, 3 — średnie, 4 — duże, 5 — bardzo duże. Otrzymane wyniki poddano dwuczynnikowej analizie wariancji, gdzie jednym z czynników był rodzaj cytoplazmy, a drugim — genotyp linii. Obliczono współczynnik korelacji w celu określenia zależności między porażeniem liścia i korzenia.

WYNIKI I DYSKUSJA

Podatność siewek na infekcję jest oceniana po inokulacji określonym szczepem *Fusarium*, a następnie oznaczana na podstawie nasilenia objawów choroby. Siewki są oceniane na podstawie występowania przebarwień i nekroz na koleoptylu oraz na podstawie nekroz, przebarwień i skracania długości korzeni (Grey i Mathre, 1988; Miedaner, 1988; Jones i Mirocha, 1999). Inokulacja kielkujących ziarniaków pszenżyta *F. culmorum* spowodowała pojawienie się na młodych roślinach typowych dla zgorzeli liści i korzeni objawów, to jest redukcji długości korzeni oraz nekrozy korzeni, koleoptyla i liścia. Analiza wariancji wykazała istotny wpływ cytoplazmy i genotypu linii na porażenie liścia i korzenia (tab. 1).

Tabela 1

Analiza wariancji stopnia porażenia liścia i korzenia u linii pszenżyta różniących się rodzajem cytoplazmy

Analysis of variance for root and leaf blight score of triticale lines with two types of cytoplasm

Źródło Source	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares	
		liść — leaf	korzeń — root
Cytoplazma Cytoplasm	1	20,91**	11,21**
Genotyp Genotype	3	2,88**	2,16**
Cytoplazma × genotyp Cytoplasm × genotype	3	0,47	0,72*
Błąd Error	16	0,37	0,20

*, ** Istotne odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** Significant at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Porażenie korzeni i liści było większe u linii męskosterylnych z cytoplazmą *T. timopheevi* niż u linii dopełniających z cytoplazmą *T. aestivum*. Średnie porażenie korzenia linii męskosterylnych wynosiło 4,0, a linii dopełniających — 2,64 (tab. 2). Najbardziej podatne na infekcję korzenia były linie cms Grado 2 i cms Salvo 15/1, mniej cms 19, a najbardziej odporną była linia cms Purdy 5/5. Podobne tendencje zaobserwowano w przypadku porażenia liścia (2,77 u linii męskosterylnych i 0,89 u linii dopełniających). Najmniej podatne były genotypy cms Purdy 5/5 i cms 19. W grupie bardziej porażanych znalazły się linie cms Grado 2 i Salvo 15/1. Porażenie korzenia w grupie linii męskosterylnych było 1,5 razy większe niż porażenie liścia. U linii dopełniających obserwowano 3 razy większe porażenie korzenia niż liścia. Porażenie liścia u linii męskosterylnych było 3 razy,

a porażenie korzenia 1,5 razy większe niż u linii dopełniających. Współczynnik korelacji między porażeniem liścia i korzenia wynosił 0,97.

Tabela 2

Stopień porażenia siewek męskosterylnych (*T. timopheevi*) i dopełniających (*T. aestivum*) linii pszenżyta (1 — słabe porażenie, 5 — całkowita nekroza)
Blight score of male sterile seedlings (*T. timopheevi*) and maintaining seedlings (*T. aestivum*) in triticale lines (1 — weak damage, 5 — total damage)

Genotyp Genotype	Korzeń — Root			Liść — Leaf		
	<i>T. timopheevi</i>	<i>T. aestivum</i>	Średnia Mean	<i>T. timopheevi</i>	<i>T. aestivum</i>	Średnia Mean
19	3,92	1,70	2,81	2,56	0,30	1,43
Grado	4,72	3,23	3,98	3,65	1,37	2,51
Purdy	3,10	2,53	2,82	1,60	0,53	1,06
Salvo	4,27	3,10	3,68	3,27	1,37	2,32
Średnia Mean	4,00	2,64		2,77	0,89	
NRI _{0,05}	0,39		0,55	0,53		0,74
LSD _{0,05}						

W przypadku porażenia korzenia obserwowano istotną interakcję cytoplazma × genotyp linii (tab. 1). Spośród czterech badanych genotypów linii trzy linie z cytoplazmą *T. timopheevi* charakteryzowały się istotnie większą podatnością na *F. culmorum* niż linie z cytoplazmą *T. aestivum*, a jeden genotyp (Purdy 5/5) — nieistotnie zróżnicowanym porażeniem w obu cytoplazmach.

Większa skłonność linii męskosterylnych z cytoplazmą *T. timopheevi* na porażenie przez *F. culmorum* w porównaniu z liniami męskopłodnymi z cytoplazmą własną może wynikać z obserwowanego większego pomarszczenia ziarna tych pierwszych. Rzutuje to bezpośrednio na plon i jakość plonu ziarna mieszańcowego otrzymanego z wykorzystaniem męskosterylnych linii matecznych. Zastosowanie odpornego komponenta ojcowskiego może poprawić odporność mieszańca. W doświadczeniach z próbnymi mieszańcami pszenżyta obserwowano bardzo duże porażenie rdzą żółtą męskosterylnej linii matecznej cms Grado 2 z cytoplazmą *T. timopheevi* i odporność mieszańca pochodzącego z krzyżowania tej linii z odpornym komponentem ojcowskim (Woś i in., 2002). Podobne tendencje dotyczące odporności na fuzariozę kłosa wystąpiły w pokoleniu F₁, pochodzącym z krzyżowania odmian i rodów pszenżyta (Oetler i in., 2004). Autorzy wykazali ścisłą korelację między oceną porażenia mieszańców F₁ a średnim porażeniem rodziców oraz związek między porażeniem rodziców a ich efektami ogólnej wartości kombinacyjnej, co umożliwia prognozowanie odporności mieszańców F₁ na fuzariozę kłosa.

WNIOSKI

1. Męskosterylne linie pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi* charakteryzowały się większą podatnością siewek na *F. culmorum* niż męskopłodne linie z cytoplazmą *T. aestivum*.

2. Przy wykorzystywaniu męskiej sterylności opartej na cytoplazmie *T. timopheevi* do wytwarzania odmian mieszańcowych pszenżyta należy zwracać uwagę na odporność linii matecznych na *F. culmorum*.

LITERATURA

- Bai G., Shaner G. 1994. Scab of wheat: prospects for control. *Plant Disease* 78: 760.
- Cauderon Y., Cauderon A., Gay G., Roussel J. 1985. Alloplasmic lines and nucleo-cytoplasmic interactions in triticale. In: *Proc. Eucarpia Meet. „Genetics and Breeding of Triticale”*, Clermont-Ferrand, France, INRA, Paris, 2–5 July 1984: 177 — 191.
- Chełkowski J., Mańka M. 1983. The ability of *Fusaria* pathogenic to wheat, barley and corn to produce zearalenone. *Acta Physiol. Plant* 16: 354 — 359.
- Góral H., Spiss L. 1998. Wpływ sterylizującej cytoplazmy *T. timopheevi* na cechy rolnicze mieszańców pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 205/206: 157 — 161.
- Grey W., Mathre D. E. 1988. Evaluation of spring barley for reaction to *Fusarium* seedling blight and root rot. *Can. J. Plant Sci.* 68: 23 — 30.
- Jones R.K., Mirocha C. J. 1999. Quality parameters in small grains from Minnesota affected by *Fusarium* head blight. *Plant Disease* 83: 506–511.
- Kaul M. L. H. 1988. Male sterility in higher plants. Springer-Verlag, Berlin.
- McMullen M. P., Enz J., Lukach J., Stover R. 1997. Environmental conditions associated with *Fusarium* head blight epidemics of wheat and barley in the Northern Great Plains, North America. *Cereal Res. Commun.* 25, 2/3: 777 — 778.
- Nalepa S. 1990. Hybrid triticale: present and future. In: *Proc. 2nd Int. Triticale Symp.*, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil, 1–5 October 1990: 402 — 407.
- Nalepa S., Jenkins B. C. 1985. The influence of *T. timopheevi* cytoplasm on endosperm development in triticale. In: *Proc. Eucarpia Meet. „Genetics and Breeding of Triticale”*, Clermont-Ferrand, France, INRA, Paris, 2–5 July 1984: 193 — 201.
- Miedaner T. 1988. The development of host–pathogen system for evaluating *Fusarium* resistance in early growth stages of wheat. *J. Phytopathol.* 121: 23 — 30.
- Oettler G., Heinrich N., Miedaner T. 2004. Estimates of additive and dominance effects for *Fusarium* head blight resistance of winter triticale. *Plant Breeding* 123 (6): 525 — 530.
- Panayotov I. 1983. The cytoplasm in *Triticinae*. In: *Proc. 6th Int. Wheat Genet. Symp.*, Kyoto, Japan, 28 November 3 December 1983: 481 — 497.
- Poehlman J. M., Sleper D. A. 1995. Breeding field crops. Iowa State Univ. Press / Ames.
- Prom L. K., Steffenson B. J., Salas B., Fetch T. G. Jr., Casper H. H. 1997. Barley accessions resistant to *Fusarium* head blight and the accumulation of deoxynivalenol. *Cereal Res. Commun.* 25, 3/2: 807 — 808.
- Salas B., Steffenson B. J., Casper H. H., Prom L. K. 1997. *Fusarium* species pathogenic to barley and their associated toxins. *Cereal Res. Commun.* 25, 3/1: 483 — 487.
- Spiss L., Góral H. 1994. Hodowla form męskosterylnych i przywracających płodność u pszenżyta. *Zesz. Nauk. AR w Szczecinie*, 162, ser. Rolnictwo, 58: 243 — 246.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticale — prospects for research and breeding. Part II: Development of male sterile lines. In: *Proc. 5th Int. Triticale Symp.*, IHAR Radzików, Poland, 30 June 5 July 2002, vol. I: 193 — 198.
- Woś H., Góral H., Woś B., Spiss L. 2002. Heterosis in winter triticale with *T. timopheevi* cytoplasm. In: *Proc. 5th Int. Triticale Symp.*, IHAR Radzików, Poland, 30 June 5 July 2002, vol. II: 311 — 3.

BOGUSŁAW ŁAPIŃSKIKrajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Próba zastosowania żytniej cytoplazmy typu Pampa w hodowli heterozyjnej pszenżyta

An attempt at application of the rye Pampa cytoplasm in hybrid breeding of triticales

W latach 2000 i 2001 wykonano krzyżowania męsko-sterylnych linii żyta diploidalnego z ozimym pszenżytem tetraploidalnym (4x) i heksaploidalnym (6x). Poprzez dalsze krzyżowania wsteczne udało się przenieść cytoplazmę Pampa do pszenżyta zarówno tetra- jak i heksaploidalnego. W roku 2002 płodność żeńska osiągnęła poziom umożliwiający rozpoczęcie selekcji linii cytoplazmatycznie męsko-sterylnych i linii z przywróconą płodnością. Wyniki badań płodności męskiej z roku 2004 wykazały pełny zakres zmienności pylenia u form pszenżyta z cytoplazmą Pampa, od form w pełni męsko-sterylnych do męsko-płodnych. U pszenżyta 4x sterylizujący wpływ tej cytoplazmy był wyraźnie silniejszy niż u pszenżyta 6x. U tetraploidów pełną sterylność wniosło do pokolenia B₁ F₁ 8 z 14 wykorzystanych linii, u heksaploidów tylko dwie na 20. Jednak postęp w selekcji form z przywróconą płodnością zanotowano jedynie u form 4x. Wzrost bujności wegetatywnej pokolenia F₁ był wyraźnie zauważalny tylko u form 4x; u heksaploidów większość form z cytoplazmą Pampa była osłabiona w porównaniu do form ojcowskich i do grupy mieszańców F₁ z inną cytoplazmą żyta.

Słowa kluczowe: CMS, cytoplazma Pampa, hodowla heterozyjna, pszenżyto heksaploidalne, pszenżyto tetraploidalne

Crosses between diploid rye with male-sterilizing Pampa cytoplasm and winter triticales were performed in the years 2000 and 2001. Both tetraploids and hexaploids of triticales proved to be successful as male parents in production of the F₁ hybrids. Back-crossing of the hybrids caused transfer of the Pampa cytoplasm into tetraploid and hexaploid triticales. In 2002, female fertility of the plant material was high enough to start selection of male sterile lines as well as of those with restored male fertility. The results for pollen shed from the year 2004 showed a full range of variation, from complete sterility to full fertility. The sterilizing effect of the Pampa cytoplasm was stronger in tetra- than in hexaploid triticales. Among the tetraploids, eight of 14 lines brought full sterility to all investigated B₁F₁ generation hybrids. Among the hexaploids, only two of 20 lines caused a similar effect. However, selection progress in fertility restoration was only observed in the tetraploids. An increase in vegetative vigour in Pampa-cytoplasmic F₁ was only found in the tetraploid group. Among the hexaploids, the vigour was distinctly diminished in the majority of genotypes, compared to the male parents and F₁ with another rye cytoplasm.

Key words: CMS, hexaploid triticales, hybrid breeding, Pampa cytoplasm, tetraploid triticales

WSTĘP

Heterozja u pszenżyta heksaploidalnego ($2n = 6x = 42$) przejawia się m.in. jako kilkuprocentowy przyrost plonu mieszańców F_1 . Jeśli ograniczyć się do badań na większych poletkach (przynajmniej 2 m^2), przeciętne zwwyżki plonu ponad lepszego z rodziców wyniosły 5,2% w badaniach Pfeiffera i wsp. (1997), 7,1% u Oettler i wsp. (2001) i 4,0%–4,7% w pracach Burgera i wsp. (2002). Jednak w niektórych kombinacjach możliwy jest do uzyskania wynik powyżej 20%, (22,9% u Pfeiffera i wsp. (1997), 21% u Darvey'a i Roake (2002), co czyni opłacalnym prowadzenie hodowli heterozyjnej. U pszenżyta tetraploidalnego ($2n = 4x = 28$), podobnie jak u żyta, występuje znaczna depresja wsobna (40%–70% wg własnych badań niepublikowanych), więc wykorzystanie mieszańców F_1 jest niezbędne do osiągnięcia plonu na znaczącym poziomie. Najwyższy z efektów heterozji zanotowanych w Radzikowie u tetraploidów własnej hodowli wyniósł 72,7% ponad lepszego z rodziców (na poletkach $2,0$ – $2,7 \text{ m}^2$ (wg danych własnych niepublikowanych).

Krzyżowanie na skalę masową stanowi podstawowy problem hodowli heterozyjnej, którego nie można rozwiązać w prosty sposób, przez zastosowanie gametocydów. W związku z ich szkodliwością dla zdrowia i zakazem stosowania w Europie zachodzi konieczność wykorzystania cytoplazmatycznej męskiej sterility (CMS). Najbardziej obiecującą z dotychczas zastosowanych u pszenżyta jest cytoplazma męskosterylizująca pochodząca z *Triticum timopheevi*, z którą eksperymentowano wcześniej w hodowli pszenicy. Cytoplazma ta okazała się skuteczna u pszenżyta heksaploidalnego, choć zadawalająco wysoki i stabilny efekt sterylizacji można było uzyskać tylko w niewielkim procencie genotypów, który wynosił dla pszenżyta ozimego 3%–5% (Warzecha i Salak-Warzecha, 2002). W pracach Góral i Spissa (2005) udział genotypów pszenżyta jarego dających stabilne efekty męskiej sterility oszacowano na 5%; tyle samo wyniósł udział form z przywróconą w pełni płodnością męską. W tych warunkach wskazane było poszukiwanie innych źródeł męskiej sterility dla pszenżyta, nie tylko w celu łatwiejszego pozyskiwania komponentów do odmian mieszańcowych, ale i ze względu na niebezpieczeństwo zbyt jednolitego spektrum podatności na choroby przy szerokim stosowaniu tej samej cytoplazmy sterylizującej.

Prace nad pszenżytem tetraploidalnym prowadzone w IHAR były bodźcem do zainteresowania się żytnią cytoplazmą sterylizującą typu Pampa wykorzystywaną już w produkcji heterozyjnych odmian żyta. Wcześniejsze próby zastosowania cytoplazmy *timopheevi* u form $4x$ nie dały zadowalającej stabilności efektów CMS (dane własne niepublikowane). Z drugiej strony pszenżyto $4x$ łatwo krzyżuje się z żytem (Krolow, 1973). Wprowadzenie cytoplazmy Pampa do pszenżyta $4x$ było w tych warunkach naturalnym następstwem poszukiwań odpowiedniego systemu kontroli masowych zapyleń. Z kolei łatwość krzyżowania pszenżyta $4x$ z pszenżytem $6x$ sprzyjała przeniesieniu tej cytoplazmy do pszenżyta heksaploidalnego. Niniejsza publikacja jest opisem pierwszych prac nad wprowadzaniem i adaptacją cytoplazmy Pampa do hodowli heterozyjnej pszenżyta.

MATERIAŁ I METODY

W serii krzyżowań wykonanych w 2000 roku donorami cytoplazmy Pampa dla pszenżyta były trzy męskosterylne linie wsobne żyta (Tl/94-474.83, 94T6/05m4475/1, 2357.804.25.3) z hodowli heterozyjnej prowadzonej w IHAR-Radzików przez dr Lucjana Madeja. Zapyłano je dwiema mieszaninami pyłku pszenżyta 4x: jedną z populacji mieszanej na cytoplazmie pszenicznej i jedną z populacji *Secalotriticum* (cytoplazma żyta) uzyskanej z rozmnożenia, w warunkach wolnego zapylenia, formy SO.521 o poprawionej wczesności (Łapiński, 2002). Po 14–18 dniach od zapylenia zarodki wyszczepiano na standardową pożywkę (Murashige, Skoog, 1962), a w czerwcu i lipcu młode rośliny przenoszono do szklarni. Jesienią sadzono je w sąsiedztwie wysianych zapyłaczy — czterech linii pszenżyta 4x i czterech odmian pszenżyta 6x (Alzo, Bogó, Fidelio, Tornado). Liczbę chromosomów w mieszańcach sprawdzano w merystemach korzeni zarodkowych przy użyciu mikroskopu z kontrastem fazowym.

Niewielka część materiałów pszenżyta z cytoplazmą Pampa wywodzi się z innej serii krzyżowań, wykonanych w 2001 roku między ośmioma liniami restorerów CMS z hodowli żyta 2x w roli formy matecznej i pszenżytem (6 form 4x, 2 odmiany 6x: Eldorado i Pinokio) w roli ojca. Również zastosowano standardową technikę hodowli zarodków *in vitro*.

Krzyżowania wsteczne uzyskanych mieszańców F_1 wykonywano w sposób zarówno kontrolowany jak i poprzez spontaniczne zapylenia przy udziale rosnących obok form pszenżyta 4x i 6x. Późniejsze krzyżowania wsteczne do pszenżyta odbywały się jedynie w warunkach kontrolowanego zapylenia wybranymi formami ojcowskimi. W krzyżowaniach tych wykorzystano dotychczas, oprócz wyżej wymienionych form następujące odmiany i rody pszenżyta 6x: Janko, Kitaro, Krakowiak, MAH 10947-1, MAH 11399-2, Pawo, Piano, Prado, Presto, Todan, Witon. Pszenżytami 4x stosowanymi jako zapyłacze do krzyżowań wstecznych było 16 linii o zróżnicowanym pochodzeniu, mających w rodowodach różne formy pszenżyta 6x, pszenicy 6x, pszenice 4x (*Triticum dicoccoides*, *T. persicum*), pszenicę 2x (*T. monococcum*), rumuńskie żyta tetraploidalne Teku i Napocal, polskie żyto Dańkowskie Złote oraz linie wsobne z radzikowskiej hodowli heterozyjnej żyta. Pszenżyta te, mimo zróżnicowanego pochodzenia i różnych cytoplazm miały dość jednolity skład chromosomowy z siedmioma parami chromosomów żyta i mieszanym genomem pszenicznym, w którym przeważały chromosomy genomu A, chromosomy 7 grupy pochodziły z genomu B, a chromosomy 5A miały translokowany odcinek żytni na długim ramieniu (Łapiński i in., 1996; Łapiński, Schwarzscher, 2000).

Spełniając założenie, że dopełniacze, ich męskosterylne analogi oraz restorery płodności powinny mieć cytoplazmę tego samego gatunku, nowe linie i odmiany, które dały rośliny sterylne w potomstwie krzyżowań wstecznych, były krzyżowane dodatkowo z donorami cytoplazmy żyta niewywołującej efektu męskiej sterylności u pszenżyta. Większość tych donorów miała cytoplazmę pochodzącą z niemieckiej linii tetraploidalnego *Secalotriticum* 2172 (od dr Guenthera Melza), wniesioną poprzez linię SO.521 o poprawionej wczesności. Reszta miała cytoplazmę z rumuńskiego tetraploidalnego żyta Teku. Dla tetraploidów używano donorów tetraploidalnych, a dla heksaploidów —

heksaploidalnych (liczne formy *Secalotriticum* 6x wytworzono w Radzikowie wcześniej realizując specjalny program krzyżowań form 4x i 6x pszenżyta).

Wczesne pokolenia mieszańców z cytoplazmą Pampa stanowiły także materiał do selekcji form przywracających płodność. Uformowano z nich oddzielne populacje hodowlane, jedną dla tetraploidów, a inną dla heksaploidów. W obrębie każdej z nich prowadzono dodatkowe krzyżowania, których głównym celem była kumulacja genów odpowiedzialnych za efekty restoracji CMS.

Metodyka oceny płodności męskiej oparta była na wizualnej ocenie pylenia i 4-stopniowej skali bonitacyjnej, według której za rośliny dobrze pylące uznawano te, których pylniki pękały na co najmniej połowie długości i wysypywały dużo pyłku. Średnio pylące rośliny miały pylniki pękające na mniej niż połowie długości. Pylenie określano jako słabe, gdy pękała tylko niewielka część pylników, ale pyłek był zauważalny na wewnętrznej powierzchni izolatorów tomofofanowych. Ostatnim stopniem bonitacji był brak pęknięcia pylników lub brak pyłku w izolatorze.

Czterostopniową skalą bonitacji posłużono się również przy wizualnej ocenie bujności roślin F_1 w odniesieniu do rosnących w sąsiedztwie roślin linii ojcowskich. Zakładano, że będzie to w jakiejś mierze odpowiadało poziomowi heterozji w produkcji biomasy. Efekty zwiększenia bujności opisywano jako duże, wyraźne, brakujące, a także jako ujemne, gdy mieszańiec rósł wyraźnie słabiej od swego rodzica.

WYNIKI I DYSKUSJA

Z pierwszych sześciu kombinacji krzyżowań linii matecznych żyta z cytoplazmą Pampa i populacji ojcowskich pszenżyta 4x, wykonanych w 2000 roku, uzyskano 11 triploidalnych mieszańców F_1 . Wszystkie kombinacje krzyżowań okazały się skuteczne, siedem mieszańców powstało przy udziale pyłku *Secalotriticum* a cztery mieszańce – pyłku form z pszeniczną cytoplazmą. W 2001 roku udało się również krzyżowanie żytniej linii restorera Pampa (TR 215-1) w roli matki z pszenżytem 6x (Eldorado) w roli ojca. Tabela 1 podaje wyniki krzyżowań i cytogenetycznej weryfikacji roślin F_1 . W roku 2000 liczby zarodków do przeszczepienia na pożywkę były znacznie mniejsze, niż w roku 2001, ale prawie połowa uzyskanych roślin miała właściwą liczbę 21 chromosomów. Z licznych zarodków wyszczepionych w roku 2001 uzyskano tylko 2 rośliny mieszańcowe. Reszta okazała się żytem diploidalnym.

Mieszańce F_1 zostały skrzyżowane wstecznie z różnymi formami pszenżyta 4x i 6x, w wyniku tego powstało 28 roślin B_1F_1 . W górnej części tabeli 2 pokazano wzrost liczby obiektów z różnego typu krzyżowań w początkowych latach prac nad wprowadzaniem cytoplazmy Pampa do pszenżyta.

Mieszańce z okresu 2000–2002 charakteryzowały się niestabilnością cytogenetyczną związaną z różnicami ploidalności i składu genomowego rodziców. Skutkiem tego była sterylność, która nakładała się na sterylność warunkowaną przez cytoplazmę Pampa i ograniczała możliwość skutecznej selekcji linii CMS (oznaczanych też jako linie P) i restorerów (linie R). Od roku 2003 płodność żeńska poprawiła się na tyle, że możliwe było rozpoczęcie wyprowadzania linii i wzbogacania materiałów w nową zmienność genetyczną

z pszenżyta 4x i 6x. Wzrost liczebności linii z cytoplazmą Pampa w pierwszych dwóch latach ich selekcji przedstawiono w dolnej części tabeli 2.

Tabela 1

Wyniki krzyżowań żyta z cytoplazmą Pampa z tetraploidalnym i heksaploidalnym pszenżytem ozimym
The results of crosses between rye with the Pampa cytoplasm and tetraploid or hexaploid winter triticale

Rok Year	Linia CMS żyta CMS rye line	Pszenżyto Triticale	Zapylono kłosów Spikes pollinated	Wyszczepiono zarodków Embryos rescued	Liczba roślin F ₁ Plants verified
2000	T1/94-474.83	<i>Secalotriticum</i> 4x	15	8	3
		Triticale 4x	15	4	1
	94T6/05m4475	<i>Secalotriticum</i> 4x	15	6	4
		Triticale 4x	15	2	1
	2357.804.25.3	<i>Secalotriticum</i> 4x	15	3	1
		Triticale 4x	15	1	1
	Suma — Total	<i>Secalotriticum</i> 4x	45	17	7
	Suma — Total	Triticale 4x	45	7	4
2001	Suma — Total	Suma — Total 4x	90	24	11
	TR245	<i>Secalotriticum</i> 4x	1	8	0
	TR210, TR220, TR235, TR240, TR250,	Triticale 4x	5	82	0
	TR215	Triticale 6x Eldorado	1	6	2
	TR230	Triticale 6x Pinokio	1	13	0
	Suma — Total	4x	6	90	0
	Suma — Total	6x	2	19	2

Tabela 2

Liczby mieszańców wprowadzających cytoplazmę Pampa do pszenżyta. P -formy sterylne z cytoplazmą Pampa, R -restorery CMS Pampa
The numbers of hybrids introducing the Pampa cytoplasm to triticale. P –sterile forms with Pampa cytoplasm, R -forms with the CMS restoration, 2x 3x 4x 6x — ploidy levels

Rok Year	Rodzice Parents	Liczba uzyskanych No. of obtained			Uwagi Remarks
		kombinacji F ₁ F ₁ combinations	roślin plants	linii lines	
I etap: sterylność z zaburzeń mejozy Phase I: sterility caused by irregular meiosis					
2000	żyto (rye) 2x P × pszenżyto (triticale) 4x	6	11	<i>in vitro</i>	
2001	F ₁ 3x P × pszenżyto(triticale) 4x	9	25		
	× pszenżyto (triticale) 6x	3	3		
	żyto (rye) 2x R × pszenżyto (triticale) 6x	1	2	<i>in vitro</i>	
2002	B ₁ F ₁ P × pszenżyto (triticale) 4x	5	102		
	× pszenżyto (triticale) 6x	19	74		
	F ₁ 4x R × pszenżyto (triticale) 4x, 6x	4	4		
II etap: tworzenie linii P i R Phase II: selection of P- and R- lines					
B_F1 P, B_F_ R, F1-F2 R					
2003	pszenżyto (triticale) 4x	18		57	
	pszenżyto (triticale) 6x	20		66	
B_F1 P, B_F_ R, F1-F3 R					
2004	pszenżyto (triticale) 4x	105		189	
	pszenżyto (triticale) 6x	77		127	

W tabeli 3 scharakteryzowano płodność męską tetraploidów i heksaploidów pszenżyta z cytoplazmą Pampa, z roku 2004. Pylenie opisano jako przynależność do jednej z czterech klas utworzonych z uwzględnieniem stopnia pęknięcia pylników oraz wysypywania pyłku. W oddzielnej klasyfikacji (ostatnia kolumna) wyodrębniono właściwe rośliny CMS, które nie zawiązały nasion w kłosach izolowanych (czasem mimo słabego pylenia), ale były płodne przy dostępie pyłku z linii dopełniających lub z wolnego zapylenia. W grupie restorerów poszukiwania takich form nie prowadzono, choć frekwencje roślin całkowicie męskosterylnych były znaczne.

Rozkłady zmienności pylenia u roślin B_{F1} dla form 4x i 6x różniły się, w wysoce istotnym stopniu, na korzyść lepszego pylenia u form 6x (wartość chi-kwadrat = 78,0 > 11,3; p = 0,01). W grupie restorerów różnice te były jeszcze bardziej znaczące (chi-kwadrat = 113,3). Można więc stwierdzić, że sterylizujący wpływ cytoplazmy Pampa jest znacznie silniejszy u pszenżyta tetraploidalnego. Nie znaczy to jednak, że należy oczekiwać w tym materiale trudności z restoracją płodności męskiej.

Tabela 3

**Rozkład ocen intensywności pylenia i udział roślin CMS (męsko-sterylnych, lecz żeńsko-płodnych)
u form pszenżyta z cytoplazmą żytnią typu Pampa. 2004 rok**
**Distribution of pollen shed intensity and number of true CMS plants (male-sterile and female-fertile)
in triticales with the Pampa cytoplasm. Radzików, 2004**

Wyszczególnienie Specification			Pylenie Pollen shed					Rośliny CMS CMS -plants
			dobre good	średnie average	słabe weak	brak lacking	razem sum	
Liczba roślin No. of plants								
B_F ₁ , 14 rodzin (14 families),	triticales 4x	7	16	24	44	91	23	
20 rodzin (20 families),	triticales 6x	21	29	20	8	78	10	
B_F ₁ , F ₁ -F ₃ , restorery (restoration),	triticales 4x	50	46	13	35	144	—	
	triticales 6x	27	67	51	22	167	—	
Razem Sum		105	158	108	109	480	33	
Procent Percentage								
B_F ₁ 14 rodzin (14 families),	triticales 4x	7,7	17,6	26,4	48,3	100	25,3	
20 rodzin (20 families),	triticales 6x	26,9	37,2	25,6	10,3	100	12,8	
B_F ₁ , F ₁ -F ₃ restorery (restoration),	triticales 4x	34,7	31,9	9,1	24,3	100		
	triticales 6x	16,2	40.1	30.5	13.2	100		

U tetraploidów można zauważyć już wpływ selekcji form z przywróconą męską płodnością. W grupie restorerów CMS dobre lub średnie wytwarzanie pyłku stwierdzono u ok. 67% roślin, o ponad 41% więcej, niż w grupie B_{F1} pochodzącej z 14 krzyżowań sterylnych roślin matecznych z różnymi płodnymi formami pszenżyta 4x. Zmiana rozkładów zmienności pylenia jest wysoce istotna (chi-kwadrat = 186,9 > 11,3; p = 0,01). Natomiast nie stwierdzono analogicznej istotności różnic u heksaploidów. Wpływ selekcji restorerów w tym materiale nie był widoczny, jej efekt wydawał się nawet odwrotny od oczekiwanego. W grupie 20 rodzin B_{F1} tylko trzy okazały się w pełni męskosterylne (z zapyleń odmianami Janko, Krakowiak i Piano). Występowanie roślin sterylnych wraz z

plodnymi stwierdzono w siedmiu rodzinach (z zapyleń odmianami Kitaro, Krakowiak, Prado, Presto i Tornado). Dziesięć rodzin B_{F1} składało się z roślin wyłącznie płodnych (z zapyleń odmianami Bogo, Eldorado, Pawo, Todan oraz liniami A2P i MAH 11399-2). Przy założeniu, że geny przywracające płodność są dominujące, szanse na uzyskanie dopełniaczy można przypisać siedmiu odmianom z trzynastu badanych a sześć odmian bądź linii należałoby zaliczyć do restorerów.

U tetraploidów osiem rodzin B_{F1} było całkowicie sterylnych, cztery składały się z roślin sterylnych i płodnych, a dwie wydały tylko rośliny z przywróconą płodnością. Zastosowanie testu chi-kwadrat do porównania tetraploidów i heksaploidów pod względem frekwencji linii dających potomstwa B_{F1} płodne lub zmienne lub sterylne wykazało, że różnice rozkładów w tych trzech klasach są istotne (chi-kwadrat = 26,5 > 9,2; p = 0,01), jednak niskie liczebności w klasach wymagają dalszego potwierdzenia wyników.

Tabela 4

Wzrost bujności wegetatywnej roślin pokolenia F₁ pszenżyta, w porównaniu do form ojcowskich, w zależności od poziomu ploidalności i rodzaju cytoplazmy żytniej (2004 rok)
Increase in vigour, compared to the male parent, in F₁ triticales hybrids, depending on the rye cytoplasm and ploidy level. Radzików (2004)

Cytoplazma żytnia Rye cytoplasm	Ploidalność Ploidy	Liczba F ₁ No. of F ₁	Wzrost bujności Vigour increase			
			duży high	wyraźny noticeable	brak lacking	ujemny negative
Pampa	4x	18	6	5	2	0
	6x	20	0	1	7	11
Inna	4x	2	0	1	0	0
Other	6x	25	3	8	2	6

W zależności od stopnia ploidalności, mieszańce F₁ z cytoplazmą Pampa znacznie różniły się zwykłą bujnością wzrostu w odniesieniu do form ojcowskich. Zgodnie z wynikami wizualnej oceny, przedstawionymi w tabeli 4, mieszańce pszenżyta 4x były na ogół znacznie bardziej rozrośnięte od rodzica męskiego, ponadto zakwitały kilka dni wcześniej (niektóre prawie równocześnie z żytem). U pszenżyta 6x wyraźny efekt dodatni zaobserwowano tylko w jednym przypadku na 20. Regułą była depresja mieszańcowa. Na cytoplazmie żytniej innej niż Pampa bujność wzrostu u heksaploidów była wyraźna lub wysoka w przeważającej części kombinacji F₁. Test chi-kwadrat zastosowano do porównania mieszańców F₁ na dwóch różnych żytnich cytoplazmach po zredukowaniu liczby klas do dwóch (wzrost wigoru lub brak tego wzrostu) i wykazano, że różnice są wysoce istotne (chi-kwadrat = 9,87 > 6,64, po uwzględnieniu poprawki Yatesa na niską liczebność w jednej z klas).

Należy jednak zastrzec, że wyniki na dwóch różnych cytoplazmach żytnich nie dotyczą tych samych genotypów F₁ i wskazane są dokładniejsze badania rozmiaru ubocznych ujemnych efektów cytoplazmy Pampa. Wpływy takie są regułą w przypadku cytoplazm sterylizujących. W badaniach Góral (2002) plon ziarna mieszańców F₁ z cytoplazmą *T. timopheevi*, (wybraną dla pszenżyta spośród innych z rodzaju *Triticum* ze względu na

najmniejsze efekty uboczne) był także mniejszy, średnio o 17,6%, od plonu mieszańców z typową dla pszenżyta heksaploidalnego cytoplazmą *T. aestivum*.

Wymiana cytoplazmy *T. aestivum* na żytnią niesterylizującą (w systemie Pampa) w liniach dopełniających, jest jednym z założeń metodycznych niniejszej pracy. Jeśli rozmiary negatywnych efektów ubocznych zmian cytoplazm są zależne od ewolucyjnego dystansu dzielącego dawców genomu i plazmonu, to prowadzenie hodowli dopełniaczy na cytoplazmie żytniej powinno sprzyjać selekcji form lepiej tolerujących cytoplazmę Pampa.

Efekty wymiany cytoplazmy z pszenicznej na żytnią u pszenżyta 6x badał Gordei i wsp. (2002). Nie stwierdził on spadku plonowania, jednak niekorzystną cechą okazało się znaczne opóźnienie rozwoju *Secalotriticum* w porównaniu z *Triticale*. Podobny efekt autor niniejszej pracy zaobserwował w pszenżycie tetraploidalnym, jednak natrafił także na genotyp o odwrotnej reakcji cechy wczesności na cytoplazmę żytnią (Łapiński, 2002). Genotyp ten (linia SO.521) dobrze przenosi tę cechę na potomstwa z cytoplazmą żyta, został też wykorzystany przy tworzeniu większości opisywanych tu materiałów. Można oczekiwać, że jego zastosowanie w hodowli heterozyjnej pozwoli uniknąć opóźnienia rozwoju mieszańców F₁, o ile dopełniacze będą hodowane na cytoplazmie żytniej.

WNIOSKI

1. Przeniesienie żytniej cytoplazmy męsko-sterylizującej typu Pampa do pszenżyta okazało się możliwe na drodze zwykłych krzyżowań żytnich donorów z formami tetraploidalnymi i heksaploidalnymi pszenżyta, z uzupełnieniem techniką hodowli zarodków *in vitro* na typowej pożywce.
2. Cytoplazma Pampa wywoływała efekty męskiej sterylności, w zakresie podobnym jak u żyta: od pełnej sterylności do wysokiej płodności, zależnie od odmiany lub linii wnoszącej genotyp.
3. Efekt sterylizujący cytoplazmy Pampa był silniejszy u pszenżyta tetraploidalnego niż u heksaploidalnego.
4. Reakcja na selekcję w kierunku przywracania płodności wystąpiła we wczesnych pokoleniach rekombinantów (back-crossy, do F₃) tylko u form tetraploidalnych.
5. Cytoplazma Pampa obniżała wyraźnie bujność wegetatywną mieszańców F₁ pszenżyta heksaploidalnego. Natomiast wśród mieszańców pszenżyta tetraploidalnego dominowały dodatnie efekty wpływu na tę cechę.

LITERATURA

- Burger H., Oettler G., Melchinger A. E. 2002. Heterosis and combining ability for grain yield and yield components in winter triticale. Proc. 5th Int. Triticale Symp., Radzików, Poland, Vol. 1: 199-204.
- Darvey N. L., Roake J. 2002. Development of spring hybrid triticale. Proc. 5th Int. Triticale Symp. June 30 July 5, 2002, Radzików, Poland. Vol. 1: 207 — 209.
- Gordei I. A., Belko N. B., Khokhlova S. A., Lyusikov O. M., Hainudzinou A. V. 2002. Development of genetic triticale diversity with rye cytoplasm. Proc. 5th Int. Triticale Symp. Radzików, Poland, June 30 July 5, 2002. Vol. I: 53 — 62

- Krolow K. D. 1973. Research work with 4x-Triticale in Germany (Berlin). In: Proceedings of the international Triticale symposium, El Batan, Mexico, 1–3 October 1973. Int. Develop. Res. Centre Monogr. IDRC – 024e.
- Góral H. 2002. Biologiczno-hodowlane aspekty wykorzystania heterozji u pszenżyta (X *Triticosecale* Wittmack). Zeszyty Nauk. Akad. Rol. im. H. Kołłątaja w Krakowie. Rozprawy. Zeszyt 283.
- Góral H., Spiss L. 2005. Hodowla dopełniaczy i restorerów dla systemu cms-*T. timopheevi* u pszenżyta jarego. Biul. IHAR 236: 1 — 6.
- Łapiński B., Apolinarowska B., Budzianowski G., Cyran M., Rakowska M. 1996. An attempt at tetraploid triticale improvement. In: H. Guedes-Pinto et al. (eds.), Triticale: today and tomorrow. Kluwer Acad. Publ., Dordrecht: 627 — 634.
- Łapiński B., Schwarzbacher T. 2000. Odblokowanie ekspresji niektórych genów żyta w pszenżycie tetraploidalnym w wyniku translokacji homeologicznej. Biul. IHAR 211: 211 — 218.
- Łapiński B. 2002. A new source of earliness in tetraploid *Secalotriticum*. Proc. 5th Int. Triticale Symp. Radzików, Poland, June 30 July 5, 2002. Vol. II: 49 — 53.
- Murashige T., Skoog F. 1962. A revised medium for a rapid growth and bioassay with tobacco tissue cultures. Physiol. Plant. 15: 473.
- Oettler G., Becker H. C., Hoppe G. 2001. Heterosis for yield and other agronomic traits of winter triticale F₁ and F₂ hybrids. Plant Breed. 120: 351 — 353.
- Pfeiffer W. H., Sayre K. D., Mergoum M., van Beem J. 1997. Heterosis in spring triticale hybrids. Book of Abstracts: The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. 17–22 Aug. 1997, Mexico City: 2 — 6.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticale-prospects for research and breeding. Part II: Development of male sterile lines. Proc. 5th Int. Triticale Symp., Radzików, Poland, Vol.1: 193 — 198.

AGATA MARKOWSKA ¹DANUTA RZEPKA-PLEVNĚŠ ²¹ Instytut Technologii Chemicznej Nieorganicznej i Inżynierii Środowiska, Politechnika Szczecińska, Szczecin² Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Akademia Rolnicza w Szczecinie

Zmienność białek zapasowych i cech morfologicznych wybranych dzikich gatunków żyta (*Secale* sp.)

Electrophoretic variability of storage protein and morphological features of some rye species (*Secale* sp.)

Obiektem badań było 8 dzikich gatunków żyta (*Secale* sp.): *Secale afghanicum* (Vav.), *Secale ancestrale* (Zhuk.), *Secale dighoricum* (Vav.), *Secale kuprijanovii* (Grossh.), *Secale montanum* (Guss.), *Secale segatale* (Roshev.), *Secale silvestre* (Host.), *Secale vavilovii* (Grossh.). Różnice fenotypowe między badanymi gatunkami określono na podstawie cech morfologicznych ziarniaków i roślin, genotypowe w oparciu o polimorfizm białek zapasowych techniką SDS-PAGE. Genotypy żyta różniły się istotnie między sobą: wysokością roślin, długością kłosa, liczbą kłosek w kłosie oraz liczbą i masą ziaren z kłosa. Badania wykazały, że cechy morfologiczne ziarniaków żyta, takie jak: długość, szerokość i pole ich powierzchni, bardziej niż cechy morfologiczne roślin różnicują badane formy żyta. Stwierdzono, że biorące udział w doświadczeniu dzikie gatunki żyta różniły się pod względem liczby i masy polipeptydów i ich układów w wyodrębnionych frakcjach. Podobieństwo między badanymi gatunkami wynosiło od 28,6 do 55,5%. Najbardziej zbliżone do siebie genetycznie były gatunki *S. ancestrale* i *S. segatale*.

Słowa kluczowe: białka zapasowe, elektroforeza, zmienność, żyto

The studies included 8 wild species of rye (*Secale* sp.): *Secale afghanicum* (Vav.), *Secale ancestrale* (Zhuk.), *Secale dighoricum* (Vav.), *Secale kuprijanovii* (Grossh.), *Secale montanum* (Guss.), *Secale segatale* (Roshev.), *Secale silvestre* (Host.), *Secale vavilovii* (Grossh.). Phenotypic differences were determined on the basis of morphological features of rye plants and grain, and genetic differences were measured based on polymorphism of storage proteins, assayed with the SDS-PAGE electrophoresis. To differentiate the rye species, morphological features of grain, such as: length, width and area of kernels, were found to be better measures than morphological features of plants. The results of experiments showed that among the tested genotypes there were differences in the number and weight of polypeptides and polypeptide patterns in particular fractions. The similarity between the genotypes ranged from about 29% to 55%. *S. ancestrale* and *S. segatale* were found to be the most similar genetically.

Key words: storage proteins, electrophoresis, variability, rye

WSTĘP

Genowe zasoby gatunku uprawnego definiuje się: jako całkowitą genetyczną zmienność, łącznie ze zmiennością spokrewnionych z nim form dzikich (Hawkes, 1991). W ostatnich latach coraz więcej badaczy (Brown i in., 1978; Podyma, 1997) zwraca uwagę na fakt, że nie wystarczy chronić przed wyginięciem cenne genotypy roślin uprawnych, a należy je opracować pod względem genetycznym. W pracach tych dominują wyraźnie dwa kierunki. Pierwszy dotyczy czystej (allelicznej) zmienności lub zróżnicowania genetycznego w kolekcji, drugi obejmuje ocenę zmienności lub zróżnicowania obiektów kolekcjonowanych pod względem cech morfologicznych, fizjologicznych, fitopatologicznych i agronomicznych, o charakterze jakościowym i ilościowym. (Mądry, 1985; Podyma, 1997; 1998). Niestety, z powodu wzrostu liczby obiektów gromadzonych w kolekcji danego banku genów stosowane w nim metody waloryzacji i charakterystyki posiadanego materiału są często upraszczane poprzez ograniczenie liczby stosowanych w doświadczeniach powtórzeń oraz liczby badanych cech i roślin. Stąd niektórzy autorzy (Bushuk, Zillman, 1978; Kosmolak i in., 1980) proponują do tego celu elektroforetyczną analizę białek zapasowych. Metodzie tej poświęcono wiele uwagi już w latach siedemdziesiątych. Obecnie, mimo wyraźnego postępu w zakresie technik DNA, analiza elektroforegramów białek zapasowych pozostaje nadal narzędziem badawczym wielu autorów (Bhowmik i in., 1990; Carrillo i in., 1990; Waga, Cygankiewicz, 1996; Niedzielski i in., 1997).

Zdaniem Drzewieckiego (1993) obraz elektroforetyczny białek zapasowych, podobnie jak i DNA, jest swego rodzaju „odciskiem palca odmiany, czy też linii i może być z powodzeniem wykorzystywany do ich katalogowego opisu. Według Sarkara i Raina (1992) markery białkowe mogą być też wykorzystywane do badania stopnia pokrewieństwa między badanymi roślinami i ich zmienności geograficznej w obrębie gatunku.

Na uwagę zasługuje fakt, że zmienność elektroforetyczna białek zapasowych może być skorelowana ze zmiennością cech morfologicznych danego gatunku rośliny. Zależność taką w odniesieniu do cech morfologicznych ziarniaków słonecznika i sorga opisali, a następnie wykorzystali do oceny podobieństwa genotypów Varier i wsp. (1992) oraz Laxmipriya i wsp. (2000).

W niniejszej pracy scharakteryzowano polimorfizm białek zapasowych 8 dzikich gatunków żyta oraz określono zmienność fenotypową w oparciu o analizę cech morfologicznych ziarniaków i roślin dojrziałych.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań było 8 gatunków żyta: *Secale afghanicum* PL 030340 (Vav.), *Secale ancestrale* PL 031341 (Zhuk.), *Secale dighoricum* PL 031349 (Vav.), *Secale kuprijanovii* PL 031349 (Grossh.), *Secale montanum* PL 031329 (Guss.), *Secale segatale* PL 031329 (Roshev.), *Secale silvestre* PL 031357 (Host.), *Secale vavilovii* PL 031367 (Grossh.).

Nasiona do badań pochodziły z Pracowni Zasobów Genowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie.

Białka zapasowe wymienionych genotypów żyta izolowano z 50 wybranych losowo ziarniaków (Westermeyer, 1993). Białko do analiz ekstrahowano z mąki otrzymanej z przemiału ziarniaków, każdej z badanych form żyta. Do izolacji białka z próby użyto 400 µl 70% etanolu i buforu ekstrakcyjnego, składającego się z: ddH₂O; 0,5 M Tris-HCl o pH 6,8; gliceryny, 10% (w/v) SDS; 2-mercaptanolu i 1% błękitu bromofenolowego w ilości, odpowiednio: 15,2; 4,0; 3,20; 6,40; 1,60 i 1,60 ml.

Elektroforezę prowadzono w układzie nieciągłym na dwóch żelach poliakrylamidowych, zagęszczającym (4%) i rozdzielającym (12%), o grubości 1mm na aparacie Mini Protean II (BioRad) w trzech powtórzeniach. Otrzymane elektroforegramy barwiono Coomassie R-250, odbarwiano w wodnym roztworze 30% etanolu i 10% kwasu octowego. Po wysuszeniu w temperaturze pokojowej żele analizowano w świetle przechodzącym przy użyciu skanera Sharp JX-330 (Pharmacia LKB). Cyfrowe obrazy elektroforetyczne opracowywano w oparciu o pakiet programu komputerowego „Diversity one 1.3” (Pharmacia LKB). Określono: liczbę i masę prążków białkowych w kDa, interpolując względem wzorca białkowego o znanym rozkładzie i masie poszczególnych prążków (Kucharczyk TE), z dokładnością $1 \pm 2\%$, oraz zróżnicowanie genetyczne w oparciu o analizę drzewa podobieństwa filogenetycznego, wykreślonego na podstawie współczynnika Jaccarda:

$$S_1 = Nab \times (Na + Nb - Nab),$$

gdzie:

Nab — liczba prążków wspólnych dla obiektów *a* i *b*,

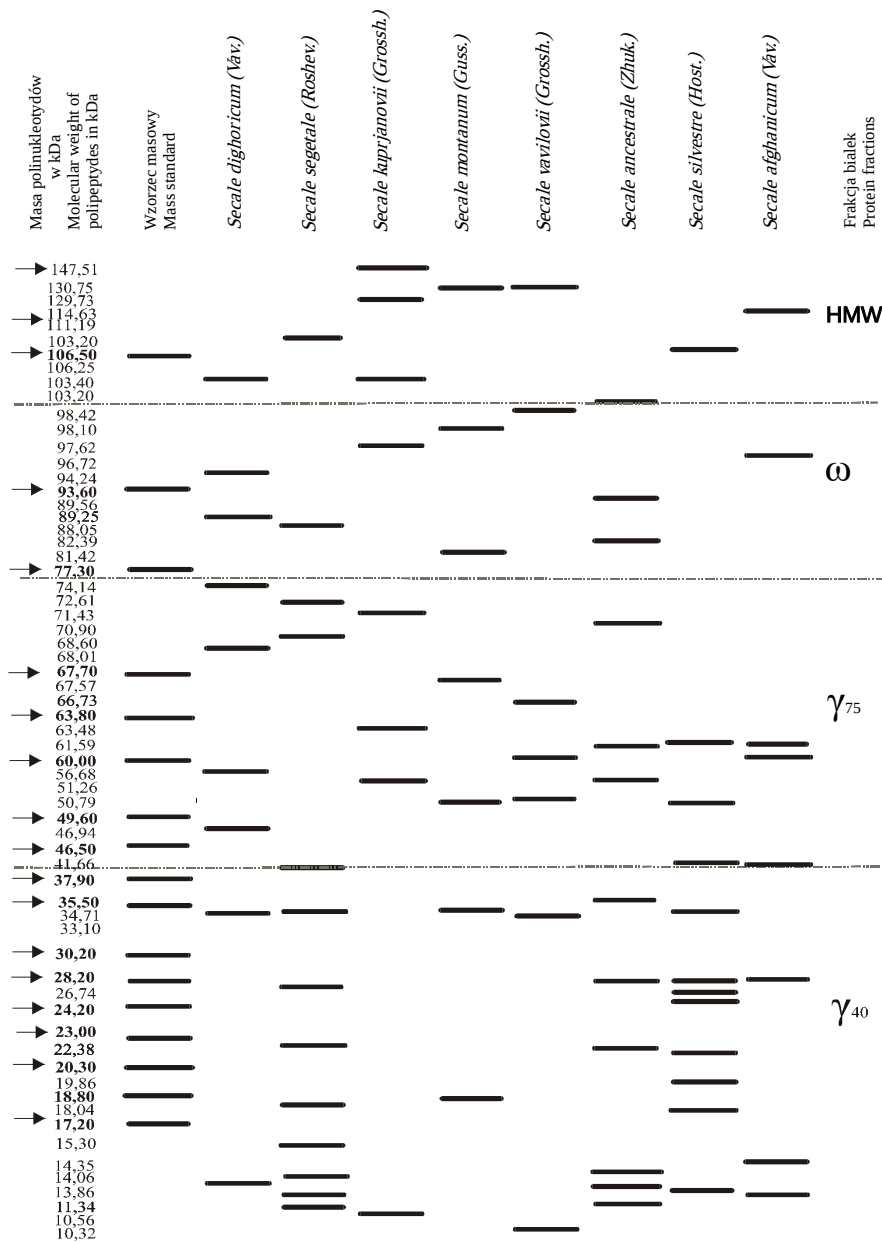
Na i *Nb* — całkowita liczba prążków, odpowiednio dla obiektów *a* i *b*.

Podobieństwo między genotypami wyrażono w procentach. Różnice fenotypowe między gatunkami określono na podstawie długości, szerokości i pola powierzchni ziarniaków oraz wysokości roślin, długości kłosa, liczby i masy ziarniaków z kłosa. Oznaczenie wymienionych cech ziarniaków przeprowadzono dla 50 ziarniaków każdego gatunku. Pomiary wykonano na aparacie Imagine Analysis System AT Delta-T Devices DIAS. Ocenę cech morfologicznych i użytkowych dojrzałych roślin żyta określono w oparciu o wyniki doświadczenia wazonowego założonego w 1999 roku w hali wegetacyjnej AR w Szczecinie w układzie kompletnej randomizacji. Każdy z wymienionych gatunków żyta reprezentowało 15 roślin. W fazie kłoszenia rośliny z każdego wazonu umieszczano pod jednym izolatorem z tofianu. Cechy morfologiczne roślin i ziarniaków określano w okresie zbiorów.

Zmienność cech morfologicznych ziarniaków i roślin żyta określono w oparciu o analizę wariancji w układzie kompletnej randomizacji i najmniejszą różnicę istotną (NIR) i współczynniki zmienności WZ%. Średnie wartości badanych cech zestawiono w malejącej kolejności i posługując się testem Duncana utworzono grupy jednorodne, różniące się istotnie między sobą (Rudnicki, 1991).

WYNIKI

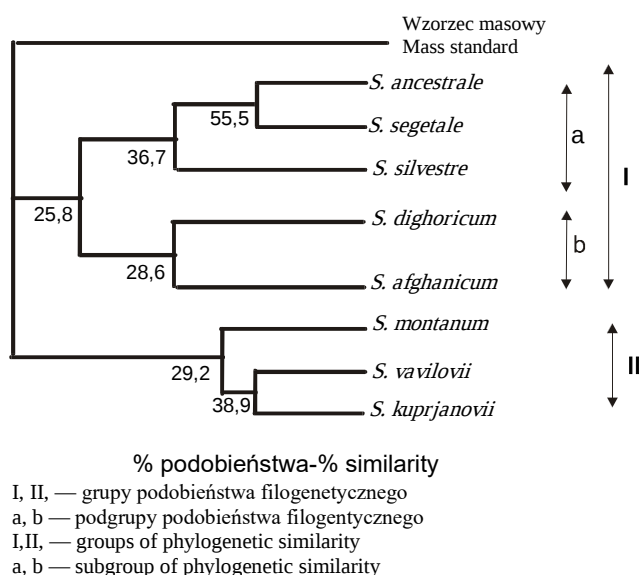
Elektroforetyczna analiza białek zapasowych wykazała duże zróżnicowanie ich budowy pomiędzy badanymi dzikimi gatunkami żyta (rys. 1).



Rys. 1. Obraz elektroforetyczny białek zapasowych dzikich gatunków żyta
Fig. 1. Electrophoretic patterns for storage proteins in wild species of rye

Polimorfizm dotyczył masy wyodrębnionych prążków i ich liczby ogółem oraz w poszczególnych frakcjach. Liczba prążków ogółem wahała się od 7 do 13. Najwięcej stwierdzono ich u gatunku *S. segetale*, najmniej — u *S. afghanicum* i *S. kuprijanovii*. Obserwowane na żelach polipeptydy zaliczono do czterech frakcji białkowych: HMW, ω , γ_{75} i γ_{40} (rys. 1). We frakcji białek najcięższych HMW stwierdzono u badanych gatunków po 1 polipeptydzie. Wyjątek stanowił gatunek *S. kuprijanovii*, u którego wyodrębniono we frakcji HMW 3 prążki białkowe. U większości badanych form żyta w frakcji ω wyróżniono od 1 do 2 prążków. Jedynie u *S. silvestre* nie stwierdzono prążka w tej frakcji. Największy polimorfizm białek zapasowych dzikich gatunków żyta obserwowano we frakcjach γ_{40} i γ_{75} sekalin, odznaczających się również największą liczbą obserwowanych prążków. W wymienionych frakcjach było ich odpowiednio: od 2 do 4 i od 1 do 9 (rys. 1).

Uzyskane elektroforegramy badanych gatunków żyta posłużyły do opracowania drzewa podobieństwa filogenetycznego (rys. 2). Procent podobieństwa filogenetycznego był podstawą podzielenia ich na dwie główne grupy filogenetyczne. W grupie pierwszej wydzielono dwie podgrupy a i b. W podgrupie a znalazły się gatunki: *Secale ancestrale*, *S. segetale*, *S. silvestre*, w b gatunki: *S. dighoricum* i *S. afghanicum* (rys. 2). Do grupy drugiej zaliczono gatunki *Secale montanum*, *S. vavilovii*, *S. kuprijanovii*. Najbardziej zbliżone genetycznie do siebie były gatunki *S. ancestrale* i *S. segetale*, podobne w 55,5%.



Rys. 2. Drzewo podobieństwa genetycznego dla dzikich gatunków żyta
Fig. 2. Phylogenetic tree for the studied rye species

Analiza zmienności fenotypowej przeprowadzona w oparciu o zmienność pola powierzchni, długości i szerokości ziarniaków żyta oraz wysokości roślin, długości kłosa, liczby i masy ziarniaków z kłosa potwierdziła wyraźne różnice między badanymi gatunkami żyta (tab. 1). Najwyższymi roślinami charakteryzował się gatunek *S.*

afghanicum (158 cm) najniższymi — *S. silvestre* (93 cm). Wysokość roślin pozostałych gatunków wahała się od 109 do 137 cm. Wśród badanych gatunków najdłuższym kłosem charakteryzowały się *S. segetale* i *S. silvestre* (odpowiednio: 11,7 i 11,8 cm). Gatunek *S. segetale* różnił się istotnie od innych gatunków liczbą kłosek w kłosie, liczbą i masą ziaren z kłosa (tab. 1). Natomiast gatunek *S. silvestre* charakteryzował się najniższymi wartościami wszystkich wyżej wymienionych cech. Badane gatunki żyta były pod względem omawianych cech, za wyjątkiem masy ziaren z kłosa, dość wyrównane, o czym świadczą niskie wartości współczynników zmienności. Najniższą masą 1000 ziaren wśród badanych gatunków żyta odznaczał się *S. kuprijanovii* (25,87 g), najniższą (10,40 g) — *S. silvestre* (tab. 1).

Tabela 1

Średnie wartości ($\bar{x}$) wysokości roślin, długości kłosa, liczby kłosek w kłosie, liczby ziaren z kłosa, masy ziaren z kłosa, masy 1000 ziaren i współczynniki zmienności (WZ %) dla dzikich gatunków żyta
Mean values ($\bar{x}$) for plant height, ear length, spikelets number per ear, number and mass of grains per ear, mass of thousand grains, and coefficients of variation (CV %) in studied rye species

Gatunek Species	Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)	WZ % CV %	Długość kłosa (cm) Ear length (cm)	WZ % CV %	Liczba kłosek w kłosie Spikelets number per ear	WZ % CV %	Liczba ziaren z kłosa Grains number per ear	WZ % CV %	Masa ziaren z kłosa (g) Grains mass per ear (g)	WZ % CV %	Masa 1000 ziaren 1000 grains mass
<i>S. afghanicum</i>	158 a	8	9,5 b c	21	33,2 b	24	20,7 a b	67	0,40 a b c	72	19,41
<i>S. dighoricum</i>	137 b	9	8,3 c	28	32,5 b	20	23,1 a b	61	0,48 a b	76	20,40
<i>S. segetale</i>	124 b	12	11,7 a	21	38,5 a	19	26,2 a	38	0,58 a	61	23,00
<i>S. kuprijanovii</i>	123 b	12	10,0 b	30	33,2 b	32	17,2 b c	50	0,34 b c	62	25,85
<i>S. vavilovii</i>	123 b	13	9,2 b c	33	33,2 b	29	20,8 a b	58	0,36 b c	68	12,30
<i>S. ancestrale</i>	119 b	15	9,5 b c	23	33,9 b	19	22,2 a b	59	0,48 a b	62	21,29
<i>S. montanum</i>	109 b	9	9,9 b c	20	32,0 b	25	10,0 c	38	0,37 b c	35	17,86
<i>S. silvestre</i>	93 c	6	11,8 a	17	26,8 c	35	20,8 a b	48	0,29 c	67	10,40
Średnia Mean	123,3	10,5	10,0	24,1	33,1	23,4	20,0	56,1	0,4	62,4	18,81

a, b, c, d — Grupy jednorodnie różniące się między sobą względem danej cechy

a, b, c, d — Homogeneous groups differing in specific features

Na podstawie przeprowadzonych pomiarów biometrycznych stwierdzono, że największym polem powierzchni ziarniaków charakteryzowały się dwa spośród badanych gatunków żyta: *S. segetale* ($\bar{x}_p = 13,2 \text{ mm}^2$) i *S. vavilovii* ($\bar{x}_p = 12,4 \text{ mm}^2$), najmniejszym — *S. kuprijanovii* ($\bar{x}_p = 7,0 \text{ mm}^2$). Pole powierzchni u pozostałych gatunków wahało się od 7,7 do 10,0 mm^2 (tab. 2). Najdłuższe ziarniaki posiadał gatunek *S. dighoricum* ($\bar{x}_d = 7,0 \text{ mm}$), najkrótsze — *S. kuprijanovii* ($\bar{x}_d = 5,7 \text{ mm}$). Długość ziarniaków u pozostałych gatunków wahała się od 6,0 do 6,6 mm. Istotnie najszerszymi ziarniakami cechowało się *S. segetale* ($\bar{x}_s = 2,5 \text{ mm}$), a największymi *S. montanum* i *S. kuprijanovii* o ziarniakach ($\bar{x}_s = 1,5 \text{ mm}$). Badane gatunki żyta były wyrównane pod względem wszystkich omawianych cech ziarniaków, o czym świadczą niskie współczynniki zmienności.

Tabela 2

Średnie wartości pola powierzchni ($\bar{x}_p$) długości ziarniaków ($\bar{x}_d$) i szerokości ziarniaków ($\bar{x}_s$),
i współczynniki zmienności WZ (%) uzyskane dla badanych dzikich gatunków żyta
Mean values for grain area ($\bar{x}_p$), grain length ($\bar{x}_d$), grain width ($\bar{x}_s$), and coefficients of variation
(CV%) in studied rye species

Gatunek Species	Pole powierzchni (mm ²) Grain area (mm ²)		Długość ziarniaka (mm) Grain length (mm)		Szerokość ziarniaka Grain width (mm)	
	$\bar{x}_p$	WZ %	$\bar{x}_d$	WZ %	$\bar{x}_s$	WZ %
<i>S. segetale</i>	13,2 a	21	6,9 a	12	2,5 a	14
<i>S. vavilovii</i>	12,4 a	17	6,5 a b	13	2,4 b	11
<i>S. afghanicum</i>	10,0 b	19	6,5 a b	10	2,0 c	13
<i>S. ancestrale</i>	9,9 b	13	6,6 a b	11	2,0 c	11
<i>S. silvestre</i>	8,7 b c	22	7,0 a	14	1,6 d e	12
<i>S. dighoricum</i>	8,2 b c d	26	6,0 b c	11	1,8 d	18
<i>S. montanum</i>	7,7 c d	23	6,4 a b	12	1,5 e	18
<i>S. kuprijanovii</i>	7,0 d	23	5,7 c	15	1,5 e	13
Średnia Mean	9,6	20,5	6,4	10,9	1,9	13,8

a, b, c, d — Grupy jednorodnie różniące się między sobą względem danej cechy
a, b, c, d — Homogeneous groups differing in specific features

DYSKUSJA

Dobra charakterystyka materiałów kolekcyjnych oraz określenie ich zróżnicowania genetycznego i fenotypowego daje możliwość rozwiązania wielu aktualnych problemów hodowlanych, związanych z doбором do krzyżowań odpowiednio zróżnicowanych materiałów wyjściowych. Jedną z prostszych i dających powtarzalne wyniki metod analizy genotypów roślin uprawnych jest elektroforeza białek zapasowych na żelach poliakrylamidowych (PAGE) z dodatkiem dodecylu sodu (SDS). W obecności tego detergentu można u żyta wyróżnić 4 frakcje białkowe i ustalić profil białkowy pozwalający na identyfikację gatunkową (Drzewiecki i in., 1996; Kapała, Rybiński, 1996; Waga, Węgrzyn, 2000). Wyniki prezentowanych badań są potwierdzeniem tych możliwości. W pracy przebadano pod względem struktury białek zapasowych 8 gatunków żyta. Wykazano, że polimorfizm ich białek zapasowych jest wystarczająco duży, by możliwe było określenie różnic międzygatunkowych. Polimorfizm ten obserwowano we wszystkich frakcjach.

U wszystkich ośmiu badanych gatunków opisano przynajmniej 1 prążek w frakcji sekalin najcięższych HMW, a u gatunku *S. kuprijanovii* 3 prążki białkowe (103,40; 129,73; 147,51 kDa). Na uwagę zasługuje fakt, że jak wykazały wcześniejsze badania, u wielu odmian uprawnych nie obserwuje się prążków w tej frakcji (Markowska, 2001). Wyniki prezentowanych badań nad dzikimi gatunkami żyta pozostają w zgodności z wynikami Shewry'ego i wsp. (1982; 1984). Autorzy ci w swoich badaniach uznali frakcję HMW za najbardziej charakterystyczną dla dzikich gatunków żyta. Ponadto określili ją również jako najbardziej stabilną, nisko polimorficzną i homologiczną z gluteninami pszenicy i hordeinami jęczmienia.

Najbardziej zmienną frakcją białek zapasowych u badanych gatunków żyta była frakcja sekalin najlżejszych — γ_{40} , przy czym największy zakres zmienności w jej obrębie reprezentowały gatunki *S. segetale* i *S. silvestre*. Według wielu autorów brak niektórych prążków oraz różnice międzygatunkowe dotyczące liczby prążków na elektroforegramach świadczy o różnej aktywności genów, odpowiedzialnych za ekspresję białek w tej frakcji (Waga, 1997; Shewry i in., 1986; Shewry, Tatham, 1990).

Najmniejszą liczbę prążków ogółem stwierdzono u *S. montanum* i *S. vavilovii*. Oba wymienione gatunki zostały uznane za najbardziej prymitywne pod względem kariotypu przez Stutza i Rozmusa (1972, cyt. za Tarkowskim, 1983). Otrzymane w niniejszych badaniach wyniki mogą być częściowym potwierdzeniem tej hipotezy.

Podobieństwo genetyczne dzikich gatunków żyta określone w oparciu o drzewo podobieństwa filogenetycznego kształtowało się na poziomie 28%–55,5%. Otrzymane wyniki pozwoliły połączyć w grupy bliskiego podobieństwa wszystkie badane genotypy. W grupie pierwszej znalazły się gatunki: *S. ancestrale*, *S. silvestre*, *S. segetale*, *S. dighoricum* i *S. afghanicum*, w drugiej — *S. montanum*, *S. vavilovii* i *S. kuprijanovii*. Niniejszy podział pokrywa się częściowo z systematyką żyta przedstawioną przez Kobyljańskiego (1982, 1983). Autor ten bowiem gatunki *S. montanum* i *S. kuprijanovii* zaliczył do tej samej sekcji *Oplismenolepsis* Nevski, a podgatunki *S. vavilovii*, takie jak: *S. ancestrale*, *S. segetale*, *S. dighoricum* i *S. afghanicum* do — sekcji *Secale*. Kobyljański (1982) za najbliższych krewnych żyta uprawnego uważa formy dzikie *S. cereale dighoricum*, *S. afghanicum*, *S. ancestrale* i *S. segetale*, zaliczane do podgatunku *Secale vavilovii*. Ponadto uważa on, że *S. segetale* jest pośrednią formą żyta uprawnego. W niniejszych badaniach dla tego gatunku uzyskano rozdziały elektroforetyczne składające się z największej liczby prążków (13).

Nowsza systematyka przedstawiona przez Hammera (1997) dzieli dzikie gatunki żyta na dwie sekcje: do pierwszej *Secale* zalicza autor 7, spośród badanych w niniejszej pracy gatunków, a gatunek *S. silvestre* do sekcji drugiej — *Oplismenolepsis*. Jeszcze inny podział przedstawiono w pracy Skuzy (2004), w której systematykę żyta oparto na analizie restrykcyjnej RFLP genomu mitochondrialnego. Autorka zalicza w nim gatunki *S. segetale*, *S. vavilovii*, *S. silvestre* i *S. afghanicum* do jednej grupy podobieństwa. Jest to częściowo zgodne z wynikami prezentowanymi w niniejszej pracy. Jedyna niezgodność dotyczy gatunku *S. vavilovii*, który wraz z gatunkiem *S. kuprijanovii* zaliczono do odrębnej grupy podobieństwa.

Identyfikację gatunków wykonaną w oparciu o elektroforezę białek zapasowych uzupełnia sporządzenie krótkiej charakterystyki badanych gatunków pod względem właściwości fenotypowych (Pollard i in., 1998; Grossi, Jay, 2000). Stąd w niniejszych badaniach dokonano porównania niektórych cech morfologicznych roślin i ziarniaków dzikich gatunków żyta. Otrzymane wyniki wykazały, że badane genotypy różniły się między sobą istotnie wysokością roślin, długością kłosa, liczbą kłosek w kłosie oraz liczbą i masą ziaren z kłosa. Największą ich zmienność obserwowano w przypadku takich cech, jak masa i liczba ziaren z kłosa, najmniejszą — w przypadku wysokości roślin. Ponadto stwierdzono, że najmniejszą zmiennością pod względem wszystkich badanych cech roślin, charakteryzowały się gatunki *S. afghanicum* i *S. montanum*. Gatunek *S.*

silvestre różniący się od innych gatunków brakiem polipeptydu we frakcji ω sekalin, charakteryzował się również istotnie niższą od innych gatunków wysokością roślin i masą ziaren z kłosa. Może być to wynikiem istnienia korelacji między zmiennością białek zapasowych i niektórymi parametrami zmienności fenotypowej. Zależności takiej nie stwierdzono badając na przykład stopień fenotypowego zróżnicowania roślin w powiązaniu ze zróżnicowaniem genetycznym określonym dzięki użyciu izoenzymów (Wolko, Święcicki, 1986).

Przeprowadzone badania wykazały, że cechy morfologiczne ziarniaków żyta, takie jak: długość, szerokość i pole ich powierzchni, bardziej niż cechy morfologiczne roślin różnicują badane gatunki żyta. Jest to zgodne z wnioskami sformułowanymi przez Grossi'ego i Jay'a (2000) oraz Szyrmera i wsp. (1993). Zdaniem Drzewieckiego (1997) identyfikacja roślin w oparciu o morfologię nasion nie jest możliwa, między innymi z powodu zbyt dużych różnic między pojedynczymi ziarniakami (Górecki, 1983). Przedstawione wyniki badań dowodzą, że zgodnie z sugestią niektórych autorów (Waga 1996; Waga, Węgrzyn, 2000) zastosowanie elektroforezy białek zapasowych SDS-PAGE jest wystarczająco dokładną metodą oceny tożsamości genetycznej i zróżnicowania międzygatunkowego żyta.

W przypadku metody dotyczącej analizy cech ziarniaków pewną zgodność z oceną dokonaną techniką SDS-PAGE stwierdzono dla dwóch gatunków *S. kuprjanovii* i *S. segetale*. Oba były oddalone od siebie filogenetycznie, bo należały do dwóch różnych grup i oba wysoce istotnie różniły się wszystkimi branymi pod uwagę w doświadczeniu cechami ziarniaków.

WNIOSKI

1. Żaden z badanych gatunków żyta nie ma identycznego obrazu elektroforetycznego białek zapasowych. Stwierdzone między nimi różnice dotyczyły liczby i masy polipeptydów oraz ich układu w poszczególnych frakcjach.
2. Największe podobieństwo genetyczne stwierdzono między *S. ancestrale* i *S. segetale* (55,5%). Pozostałe gatunki niezależnie od przynależności do danej grupy były od siebie odległe filogenetycznie.
3. Analiza zmienności morfologicznej ziarniaków i roślin badanych gatunków żyta, przeprowadzona w oparciu o testy statystyczne nie dała możliwości połączenia ich w filogenetyczne grupy mimo stwierdzenia istotnych różnic w kształtowaniu się poszczególnych cech.
4. Wydaje się, że ocena morfologii ziarniaków może być przydatna do określenia korelacji między zmiennością fenotypową i genotypową badanych form żyta.

LITERATURA

- Bhowmik A., Omura T., Kumamaru T. 1990. Screening of rice varieties for endosperm storage proteins. *Plant Breeding* 105: 101 — 105.
- Brown A. H. D. 1978. Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation. *Theor. Appl. Genet.* 52: 145 — 157.

- Bushuk W., Zillman R. R. 1978. Wheat cultivars identification by gliadins electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature. *Can. J. Plant. Sci.* 58: 505 — 515.
- Carrillo J. M., Vazquez J. F., Orellana J. 1990. Relationship between gluten strength and gluten proteins in durum wheat cultivars. *Plant Breeding* 104: 325 — 33.
- Drzewiecki J. 1993. Elektroforeza białek i jej zastosowanie w ocenie nasion i hodowli roślin. *Biul. IHAR* 188: 211 — 220.
- Drzewiecki J., Bednarek P., Warzecha R., Kurczyk Z. 1996. Propozycja oceny podobieństwa linii wsobnych kukurydzy na podstawie obrazów elektroforetycznych zein. *Biul. IHAR* 200: 225 — 231.
- Drzewiecki J. 1997. Ocena tożsamości roślin rolniczych na podstawie cech nasion i siewek — stan obecny i nowe kierunki. *Biul. IHAR* 203: 7 — 21.
- Górecki R. 1983. Przyczyny zmienności fizjologicznych właściwości nasion. *Zesz. Prob. Post. Nauk Rol.* 258: 61 — 71.
- Grossi C., Jay M. 2000. Lineage and inheritance in roses in relation to seed morphology and physiology. *Plant Varieties and Seeds* 3: 11 — 15.
- Hammer A. 1987. Vorarbeiten zur Monographisten Darstellung von Wildpflanzensortimenten *Secale* L., Kulturpflanze 35: 135 — 177.
- Hawkes J. G. 1991. The importance of genetic resources in plant breeding. *Biol. J. Linn. Soc. (London)* 43: 3 — 10.
- Kapała A., Rybiński W. 1996. Genetic variation of hordein polypeptides in grains mutants of hull-less spring barley (*Hordeum vulgare* L.) breeding lines. *Genet. Pol.* 37 (1): 29 — 35.
- Kobyliński W. D. 1982. Roż. Moskwa „Kolos”: 9 — 87.
- Kobyliński W. D. 1983. Sistema rodu *Secale* L. Tri /prikl. Bot. Sel. 79: 24 — 38.
- Kosmolak F. G., Kerber E. R. 1980. Marquis-K cultivars standard for wheat gliadin electrophoresis. *J. Sci. Food Agric.* 31: 1250 — 1252.
- Laxmipriya S., Malavika D., Singh D. P., Sharma S. P. 2000. Characterization of sunflower (*Helianthus annuus* L.) genotypes using laboratory techniques. *Plant Varieties and Seeds* 13: 31 — 43.
- Markowska A. B. 2001. Zmienność genotypów żyta *Secale* sp. pochodzących z różnych kolekcji tej rośliny. Pr. Doktorska. Akademia Rolnicza w Szczecinie, Szczecin, 49 — 216.
- Mądry W. 1995. Studia statystyczne nad wielowymiarową oceną zróżnicowania cech ilościowych w kolekcjach zasobów genowych zbóż. SGGW., Warszawa, Rozp. hab. 123.
- Niedzielski M., Bednarek P., Puchalski J. 1997. Różnicowanie materiałów hodowlanych żyta techniką elektroforezy białek zapasowych ziarniaków. *Mat I Krajowej Konf. pt.: „Hodowla roślin”* Poznań, 19 — 20 listopada. 1997: 449 — 452.
- Podyma W. 1997. Strategia ochrony i wykorzystania zasobów genowych roślin użytkowych. W: *Mat. I Konf. Krajowej „Hodowla roślin”*, Poznań, 19–20 listopada 1997: 229 — 247.
- Podyma W. 1998. Zbiór zasobów genowych roślin użytkowych i ich dzikich przodków oraz stan kolekcji w Polsce. *Zesz. Prob. Post. Nauk Rol.* 463: 31 — 50.
- Pollard N. J., Wrigley C. W., Bekes F., MacRitchie F. 1998. Effective identification of grain — legume species and varieties, a comparison of five methods of analyzing grain — protein composition. *Plant Varieties and Seeds* 11: 187 — 200.
- Rudnicki F. 1991. Doświadczalnictwo rolnicze. Wyd. ART., Bydgoszcz: 210.
- Sarkar R., Raina S. N. 1992. Assessment of genome relationships in the genus *Oryza* L. based on seed-protein profile analysis. *Theor. Appl. Genet.* 85: 127 — 132.
- Shewry P. R., Field J. M., Lew J. L., Kasarda D. D. 1982. The purification and characterization of two groups of storage proteins (secalins) from rye (*Secale cereale* L.). *J. Exp. Bot.* 133: 261 — 268.
- Shewry P. R., Bradberry D., Franklin J., White R. P. 1984. The chromosomal locations and linkage relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. *Theor. Appl. Genet.* 69: 63 — 69.
- Shewry P. R., Parmar S., Fulrath N., Kasarda D. D., Miller T. E. 1986. Chromosomal locations of the structural genes for secalins in wild perennial rye (*Secale montanum* Guss.) and cultivated rye (*S. cereale* L.) determined by two — dimensional electrophoresis.

- Shewry P. R., Tatham A. S. 1990. The prolamin storage proteins of cereal seeds structure and evolution Biochem. J. 267: 1 — 12.
- Skuza L. J. 2004. Analiza restrykcyjna mitochondrialnego DNA (mt DNA) gatunków z rodzaju *Secale* (żyto). Pr. Doktorska, Uniwersytet Szczeciński, Szczecin: 88 — 92.
- Szyrmer J., Grzelak K., Kolasińska K., Małuszyńska E., Pokojńska H., Drzewiecki J., Czuba M., Trzcński T. 1993. Niektóre czynniki wpływające na jakość i wartość siewną nasion. Biul. IHAR 188: 149 — 164.
- Tarkowski Cz. (red.). 1983. Biologia żyta. PWN, Warszawa: 367.
- Varier A., Dadlani M., Cooke R. J. 1992. Identification of sunflower protein (*Helianthus annuus* L.) hybrids and inbreeds by SDS-PAGE of seed proteins. Seed Resear. 20: 138 — 141.
- Waga J. 1996. Charakterystyka frakcji białek gliadynowych i gluteinowych odmian i rodów pszenicy ozimej z kolekcji IHAR i ich związek z liczbą sedymentacji. Biul. IHAR 197: 3 — 13.
- Waga J., Cygankiewicz A. 1996. Możliwość oszacowania jakości technologicznej ziarna pszenicy na podstawie wyników analizy elektroforetycznej białek gliadynowych i gluteinowych Biul. IHAR. 197: 15 — 19.
- Waga J. 1997. Polimorfizm białek gliadynowych i gluteinowych a jakość pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 204: 205 — 217.
- Waga J., Węgrzyn S. 2000. Powiązanie wybranych frakcji białek gliadynowych ze zmiennością cech użytkowych odmian i rodów pszenicy ozimej. Biul. IHAR 215: 61 — 76.
- Westermeier E. (ed.). 1993. Electrophoresis in practice. VCH: 275.
- Wolko B., Świącicki W. K. 1986. Application of electrophoretic methods of isozymes separation for genetical characterization of pea cultivars. Proc. Symp. „Eucarpia”. Methods of biochemical evaluation of germplasm collections.: 107 — 111.

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

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

² Małopolska Hodowla Roślin, SHR Polanowice

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

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

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

⁶ Hodowla Roślin Strzelce, Sp. z o.o.

⁷ ZDHAR Radzików

Fenotypowe i genetyczne zróżnicowanie rodów jęczmienia jarego

Phenotypic and genetic divergence of spring barley breeding lines

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

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

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

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

WSTĘP

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

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

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

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

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

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły 42 rody jęczmienia jarego pastewnego: 7 z hodowli w Modzurowie (oznaczone jako MOB), 6 z NAGRADOWIC (NAD), 8 ze STRZELC (STH), 8 z BĄKOWA (BKH), 5 z RADZIKOWA (RAH) i 6 z POLANOWIC (POB). Rody te wraz z odmianami wzorcowymi Blask, Stratus i Scarlett badane były w doświadczeniach wstępnych w 2004 r. w 6 miejscowościach: NAGRADOWICE, STRZELCE, BĄKÓW, RADZIKÓW, MODZURÓW i POLANOWICE.

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

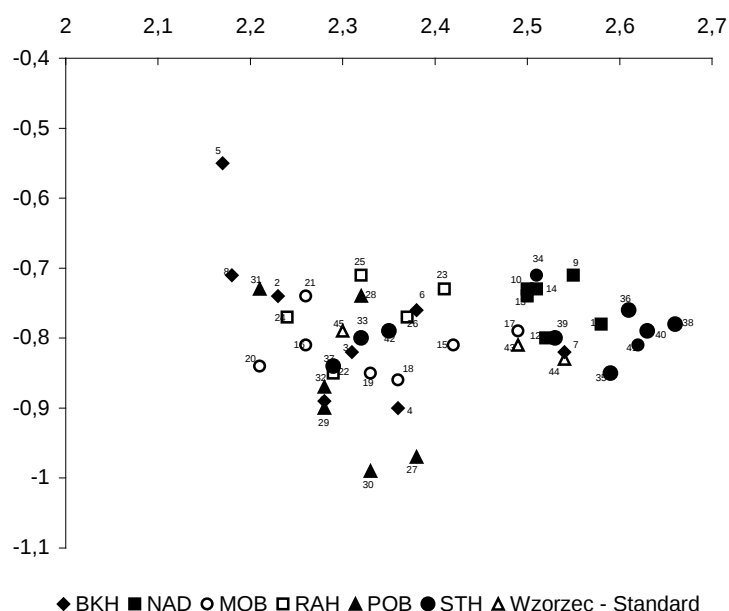
Zróżnicowanie rodów na poziomie molekularnym określono na podstawie polimorfizmu losowo amplifikowanych fragmentów DNA. Wybrano 20 starterów generujących powtarzalne, polimorficzne fragmenty DNA. Izolacja DNA oraz warunki reakcji PCR zastosowano takie same jak w pracy Kuczyńskiej i wsp. (2001). Podobieństwo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

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

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

WYNIKI I DYSKUSJA

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



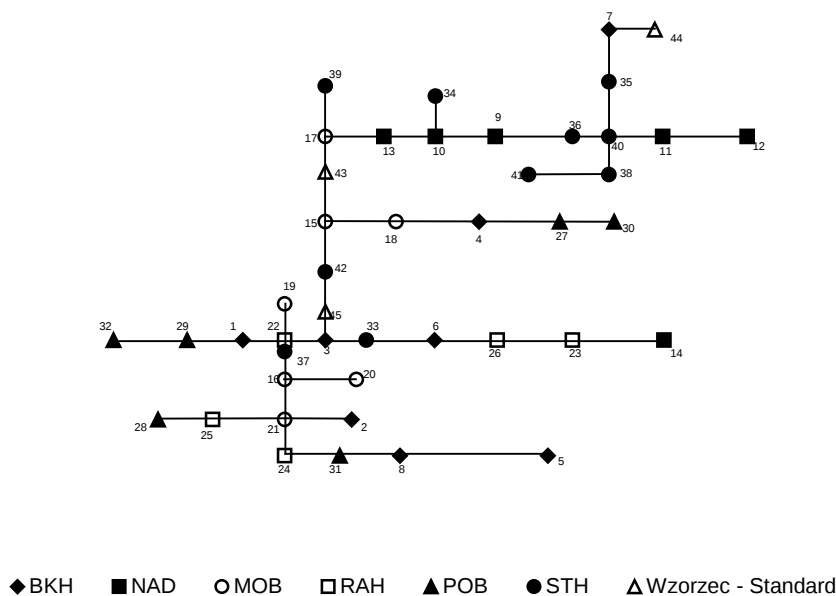
Rys. 1. Położenie rodów jęczmienia w układzie pierwszych dwóch zmiennych kanonicznych (numery rodów i odmian podano w tabeli 1)

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

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

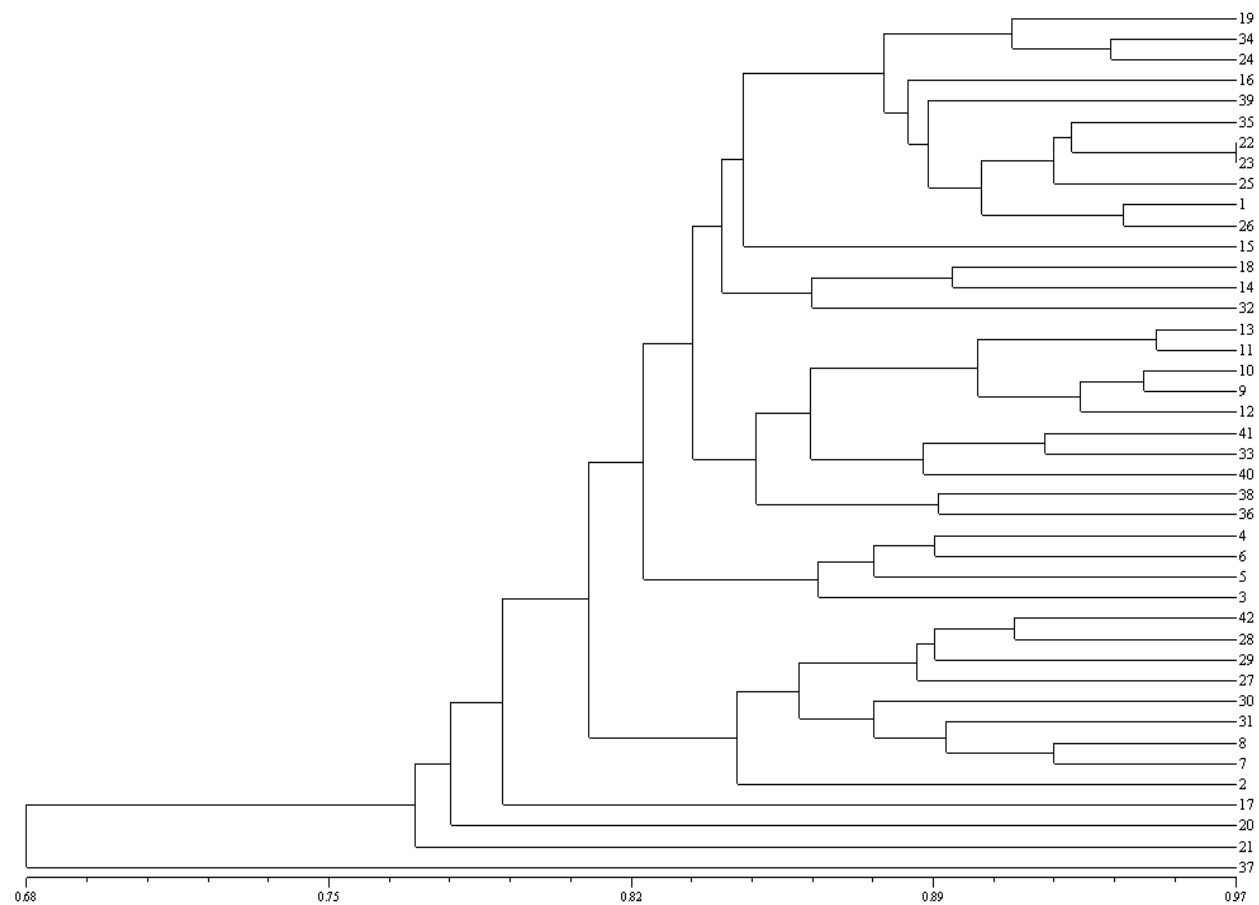
Nie stwierdzono wyraźnej zależności między odległością fenotypową a pochodzeniem rodów. I tak na przykład wywodzące się z tej samej kombinacji krzyżówkowej rody BKH68 (3) i BKH73 (5) pod względem fenotypowym znacznie się różnią ($D = 4,95$), podobnie rody BKH74 i BKH75 ($D = 3,33$). Ciekawą pod tym względem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

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



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

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



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

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

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

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

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

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

Tabela 1

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

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

D_{0,05} = 1,68

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

WNIOSKI

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

LITERATURA

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

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

ALICJA PECIO¹**KRZYSZTOF KUBSIK**¹**ANDRZEJ BICHONSKI**²¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy² Małopolska Hodowla Roślin HBP Spółka z o.o. Polanowice

Analiza przestrzennej zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego

Analysis of spatial variation of spring barley grain yield and protein content within a production field

Przedstawiono geostatystyczną analizę przestrzennej zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pól produkcyjnych w latach 1998–2003. Obliczenia wykonano na podstawie próbek ziarna pobieranych w punktach pomiarowych siatki geostatystycznej o rozdzielczości 24 m (lata 1998 i 1999) oraz 36 m (lata 2000–2003), założonej na całej powierzchni pól. W kolejnych latach liczba punktów pomiarowych wynosiła: 130, 106, 102, 106, 94, 102. Analizę przeprowadzono metodą analizy semiwariancji izotropowej, przedstawiając jej przebieg graficznie w postaci semiwariogramów izotropowych, osobno dla każdego pola. Parametry semiwariogramów (efekt samorodka, próg, zakres) wykorzystano do interpolacji plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie metodą krigingu punktowego, umożliwiającego wizualizację rozkładu przestrzennego badanych cech w postaci mapy izoliniowej.

Słowa kluczowe: analiza semiwariancji, jęczmień jary, plon ziarna, zawartość białka w ziarnie, zmienność przestrzenna

The results of the geostatistical analysis of spatial variability of spring barley grain yield and protein content within production fields in the years 1998–2003 are presented. The calculations were done on the base of grain samples taken in points of 24 × 24 m (1998–1999) and 36 × 36 m (2000–2003) geostatistical grid. The number of measurement points in the following years was: 130, 106, 102, 106, 94, 102. The analysis was done with the method of isotropic semivariance, which describes spatial variation dependent on the distance, but not on the direction variability (anisotropy). The semivariance was presented in graphical form of isotropic semivariograms, separately for each field. The parameters of the semivariograms (nugget effect, sill, range) were used for the interpolation of barley grain yield and protein content with the point kriging method, which enables visual presentation of spatial distribution of studied characteristics in the form of isoline map.

Key words: grain protein content, grain yield, semivariance analysis, spatial variation, spring barley

WSTĘP

Znajomość przestrzennej zmienności plonu ziarna oraz zawartości białka w ziarnie, jest szczególnie ważna w produkcji jęczmienia browarnego na dużych obszarach, gdyż słodownie i browary są zainteresowane w skupie dużych, jednolitych jakościowo partii.

Klasyczne metody statystycznego opracowania danych (np. analiza wariancji i regresji) zapewniają wiarygodne porównania międzyobiektowe, gdy zmienność glebowa w obrębie pola doświadczalnego ma charakter losowy, a sąsiednie obserwacje nie wykazują przestrzennego skorelowania. Metoda analizy wariancji zakłada, że błędy doświadczalne są niezależne. Jednak w przypadku występowania korelacji przestrzennej błędy są skorelowane, a obserwacje zależne. Należy wówczas zastosować metody, które uwzględniają korelacje przestrzenne w analizie. Założenie takie spełniają metody geostatystyczne. Umożliwiają one m.in. określenie przestrzennej zależności obserwacji w różnych kierunkach na polu, zakresu skorelowania obserwacji i przewidywania wyników na podstawie parametrów zmienności przestrzennej metodą interpolacyjną (kriging) (Namysłowska-Wilczyńska, 1993) oraz wykreślenie odpowiednich map (Faber 1998). Mapy zawartości białka w ziarnie umożliwiają wyznaczenie fragmentów pola, czy też całych obszarów zapewniających uzyskanie ziarna o właściwych parametrach (Pierce i in., 1997).

Celem pracy była analiza przestrzennej zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pól produkcyjnych za pomocą geostatystycznej analizy semiwariancji.

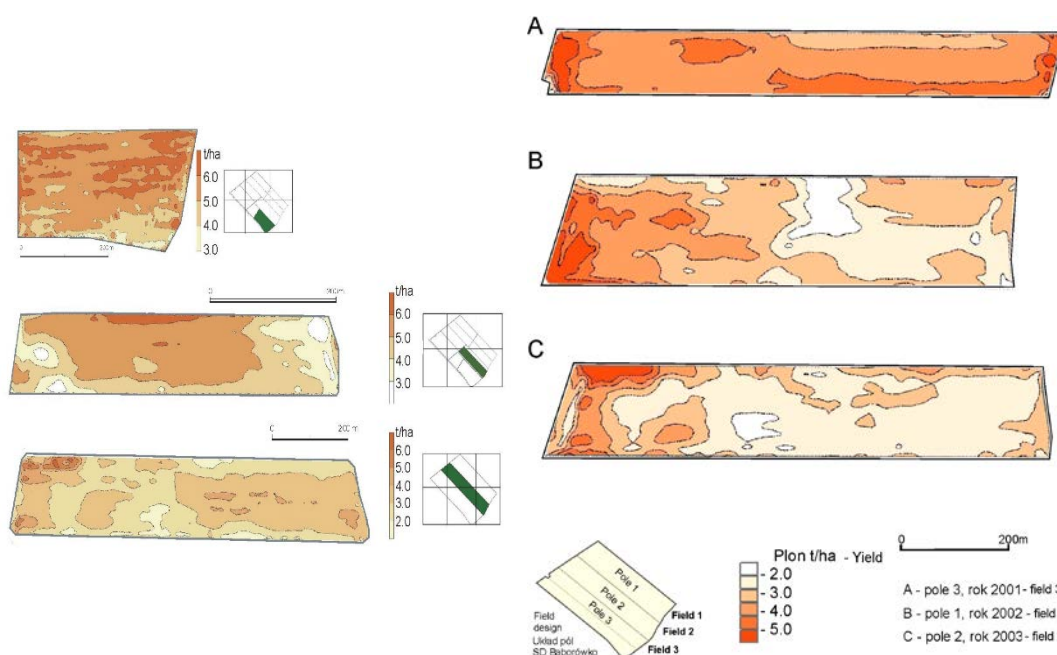
MATERIAŁ I METODY

Jęczmień jary uprawiano na polach produkcyjnych Stacji Doświadczalnej IUNG w Baborówku, woj. wielkopolskie, w kolejnych latach okresu 1998–2003. Powierzchnia pól wynosiła odpowiednio: 7,4, 8,8, 16,2, 10,7, 16 16,3 ha. Rośliny uprawiano w trójpolowym zmianowaniu: rzepak, pszenica i jęczmień jary. Na każdym z pól założono siatkę geostatystyczną, składającą się z kwadratów o boku 24 m w latach 1998 i 1999 oraz 36 m w pozostałych latach. W punktach przecięcia linii siatki umieszczono punkty pomiarowe, których ilość w kolejnych latach wynosiła: 130, 106, 102, 106, 94, 102. W punktach tych w fazie pełnej dojrzałości roślin określano plon ziarna jęczmienia z 1 m² oraz pobierano próby ziarna w celu określenia zawartości białka w ziarnie.

W punktach pomiarowych co 3 lata pobierane są próbki gleby do wykonania oznaczeń jej podstawowych właściwości chemicznych (odczyn, zasobność w przyswajalne składniki pokarmowe). Z dokonanej dotychczas charakterystyki pól wynika, że wykazują one dużą zmienność pod względem zarówno fizycznych cech gleby, jak i ich właściwości agrochemicznych (Jadczyszyn, 2000 dane niepublikowane). W obrębie każdego z pól występują gleby należące do 4 kompleksów przydatności rolniczej: pszenno dobry, żytni bardzo dobry, żytni dobry i żytni słaby, odczyn pH gleby waha się od 4,2 do 7,9, zawartość P₂O₅ — od 59 do 29, K₂O — od 50 do 184, Mg — od 13 do 119 mg składnika·kg⁻¹ gleby.

Zawartość azotu mineralnego, w kolejnych latach wahała się w następujących granicach: 39,8-177,9, 36,5-156,0, brak danych, 38,3-153,7, 42,2-236,6 i 66,1-318,5 kg·ha⁻¹.

Zbiór końcowy przeprowadzono za pomocą kombajnu zaopatrzonego w GPS (system satelitarnego określania współrzędnych) oraz neutronowy miernik masy i wilgotności ziarna. Dzięki wykorzystaniu kombajnu każdemu punktowi w siatce 24 × 24 i 36 × 36 m przyporządkowano rzeczywisty plon uzyskany w danym roku. Pozwoliło to na sporządzenie map plonu i jego jakości dla każdego z pól doświadczalnych (rys. 1, rys. 2).



Rys. 1. Komputerowa mapa plonu ziarna jęczmienia jarego w latach 1998–2000

Fig. 1. The computer made maps of spring barley grain yield for the years 1998–2000

Rys. 2. Komputerowa mapa plonu ziarna jęczmienia jarego w latach 2001–2003

Fig. 2. The computer made maps of spring barley grain yield for the years 2001–2003

Analiza statystyczna polegała na obliczeniu statystyk opisowych, tj. średnia arytmetyczna, wartość minimalna i maksymalna oraz wskaźniki rozrzutu: wariancja, odchylenie standardowe i współczynnik zmienności. W analizie geostatystycznej obliczono semiwariancję oraz określono jej parametry (efekt samorodka, próg, zakres). Graficzny przebieg semiwariancji przedstawiono w postaci semiwariogramów (tab. 3). Jako miarę dopasowania modelu semiwariogramu opisanego parametrami takimi jak: efekt samorodka, próg i zakres przyjęto wartość współczynnika determinacji (R^2). Siłę przestrzennej zależności pomiędzy obserwacjami plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie obliczono na podstawie udziału wariancji przypadkowej w całkowitej wariancji danych, według wzoru (Cambardella, 1997):

$$\text{Nugget} = C_0 / (C_0 + C) \times 100$$

gdzie:

C_0 — wariancja samorodka (nugget variance)

C — wariancja strukturalna (structural variance)

$C_0 + C$ — próg (sill)

Uzyskany model przestrzennego rozkładu plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego wykorzystano w procesie interpolacji metodą krigingu punktowego. Proces interpolacji umożliwił wykreślenie map izoliniowych przestrzennej zmienności badanych cech w obrębie badanych pól produkcyjnych.

Do obliczeń wykorzystano program komputerowy GS + 5,0 dla Windows oraz pakiet Microsoft Office.

WYNIKI I DYSKUSJA

Ilościowe zróżnicowanie plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie charakteryzowano z zastosowaniem podstawowych elementów statystyki opisowej. W okresie 6 lat eksperymentu (640 punktów pomiarowych) plon ziarna jęczmienia wahał się od 1,0 to 7,5 t·ha⁻¹ (tab. 1). Zawartość białka w ziarnie zmieniała się od zbyt niskiej dla browarnictwa (8,5%) do zbyt wysokiej (19,1%) (tab. 2). Zakres zmienności plonu ziarna był większy niż zakres zmienności zawartości białka w ziarnie.

Tabela 1

Charakterystyka statystyczna plonu ziarna jęczmienia jarego w punktach pomiarowych w latach 1998–2003

Statistical characteristics of spring barley grain yield in measurement points

Statystyka Statistics	Rok — Year					
	1998	1999	2000	2001	2002	2003
Średnia — Mean	4,68	3,78	3,58	4,49	3,79	3,07
Wartość minimalna Minimum	2,15	1,82	1,62	1,75	1,05	1,65
Wartość maksymalna Maximum	7,50	6,21	6,05	6,25	5,85	4,36
Odchylenie standardowe Standard deviation	0,82	0,95	1,00	0,11	1,08	0,54
Współczynnik zmienności Coefficient of variation	17,6	25,3	28,2	24,3	28,5	17,6

Współczynnik zmienności jest względnym miernikiem poziomu zróżnicowania danej cechy w populacji. Parametr ten nie opisuje przestrzennej zależności pomiędzy wartościami w punktach pomiarowych oraz nie określa wpływów zmienności lokalnej na kształtowanie się wartości danej cechy w przestrzeni (Namysłowska-Wilczyńska, 1993). Problem ten można rozwiązać przy zastosowaniu analizy semiwariancji — jednej z metod geostatystycznych. Semiwariancja jest miarą zmienności przestrzennej analizowanej cechy przy dwukierunkowym rozłożeniu informacji. Wyznaczana dla różnych odległości (*lag h*), dzielących punkty pobierania prób (Gołaszewski, 2000). *Lag-h* jest liczbą całkowitą, będącą wielokrotnością kolejnych odległości dzielących punkty, w których wykonywano pomiary.

Tabela 2

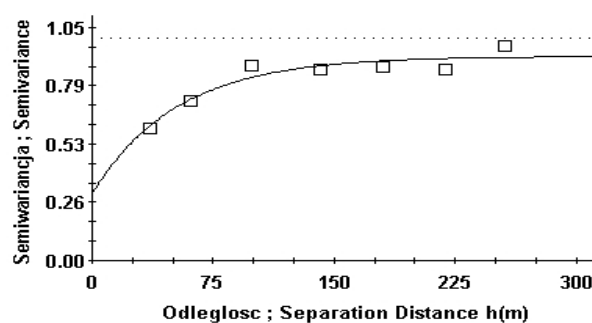
Charakterystyka statystyczna zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w punktach pomiarowych w latach 1998–2003

Statistical characteristics of spring barley grain protein content in measurement points

Statystyka Statistics	Rok — Year					
	1998	1999	2000	2001	2002	2003
Średnia — Mean	11,8	9,9	13,6	10,7	11,6	15,7
Wartość minimalna Minimum	8,5	8,6	11,7	9,2	9,7	9,7
Wartość maksymalna Maximum	15,2	11,0	15,0	12,2	14,0	19,1
Odchylenie standardowe Standard deviation	1,5	0,5	0,6	0,71	0,72	2,17
Współczynnik zmienności Coefficient of variation	12,5	4,7	4,3	6,63	6,88	13,8

W badaniach własnych semiwariancje plonu ziarna w kolejnych latach okresu 1998–2003 obliczono dla maksymalnych odległości lag h odpowiednio: 270, 410, 550, 350, 400 i 300 metrów, a zawartości białka w ziarnie dla 240, 300, 300, 350, 500 i 700 m.

Analiza semiwariancji wykazała liniową zależność pomiędzy plonem ziarna jęczmienia jarego a odległością lag w latach 1998 i 1999 oraz wykładniczą w pozostałych latach (rys. 3).



Rys. 3. Izotropowy semiwariogram plonu ziarna jęczmienia jarego w roku 2003
Fig. 3. The isotropic semivariogram of spring barley grain yield for the field in 2003

Zależność pomiędzy zawartością białka w ziarnie, a odległością lag we wszystkich polach opisano funkcją liniową (rys. 4). Zależności te opisane są równaniami o ogólnej postaci (Robertson, 2000):

dla zależności liniowej: $\gamma(h) = C_0 + [h(C/A_0)]$,

dla zależności wykładniczej: $\gamma(h) = C_0 + C [1 - \exp(-h/A_0)]$,

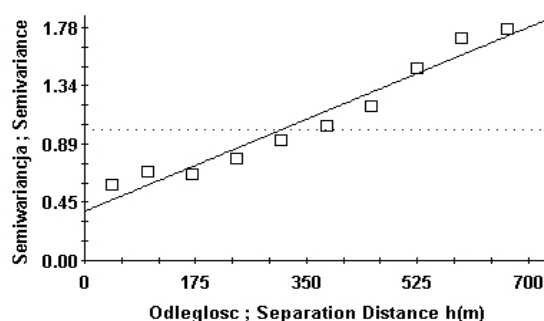
gdzie:

h — odległość (lag)

C_0 — wariancja samorodka (nugget variance)

C — wariancja strukturalna (structural variance)

A_0 — zakres (range).



Rys. 4. Izotropowy semiwariogram zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w roku 2003
Fig. 4. The isotropic semivariogram of spring barley grain protein content for the field in 2003

Graficzny rozkład semiwariancji w zależności od odległości h może mieć różny kształt, zależnie od charakteru zmienności przestrzennej (Gołaszewski, 2000). Model takiego wariogramu opisany jest funkcją, dla której odchylenia wartości teoretycznych semiwariancji od uzyskanych empirycznie są najmniejsze. Model umożliwia jednoznaczne określenie parametrów wariogramu. Może on być liniowy, logarytmiczny, wykładniczy, sferyczny itp. Jednakże wybór odpowiedniego modelu jest dość trudny i jak dotychczas nie wypracowano standardowego podejścia. Problem polega na tym, że model jest jedynie przybliżeniem prawdziwego wariogramu i niewłaściwie zdefiniowany może stać się głównym źródłem zniekształcenia interpolowanych krigingiem wyników.

Typowy semiwariogram określają następujące parametry: zakres (A_0), wariancja samorodka (efekt samorodka) (C_0), wariancja strukturalna (C), próg ($C_0 + C$). Zakres (A_0) określa granice przestrzennej zależności obserwacji, przy czym zakłada się, że semiwariancje poza zakresem a są równe s^2 i tłumaczy je zmienność losowa. Wyznacza też maksymalny promień, w zasięgu którego pobiera się sąsiednie obserwacje do krigingu. Wariancja samorodka (C_0) określa nieciągłość wariogramu względem środka układu współrzędnych, wynika z błędów pomiarowych oraz mikrozmienności w zakresach odległości mniejszych niż dokonywano pomiaru. Wariancja strukturalna (C) określa prawdziwy przestrzenny komponent wariancji próby, odpowiadający tej części wariancji, która wynika z przestrzennego skorelowania obserwacji. Próg ($C_0 + C$) określa wartość, przy której następuje stabilizacja wariancji i równa się w przybliżeniu wariancji s^2 danych. Gdy wartość progu jest równa C_0 , czyli określa tzw. czysty efekt samorodka, wówczas brak jest skorelowania przestrzennego obserwacji, a fakt ten może być interpretowany jako niezależność obserwacji w analizowanej przestrzeni, z najlepszym estymatorem — średnią wartością zmiennej dla całego pola. W przypadku, gdy próg jest określony wielkością C , w warunkach obecności przestrzennej zależności nie występuje efekt mikrozmienności.

Jedynie w roku 1998 przestrzenna zmienność plonu ziarna była w dużym stopniu związana z efektem samorodka $C_0 = 0,87$ i $C_0/(C_0 + C) = 0,81$ (tab. 3). W pozostałych latach udział zmienności przypadkowej tzn. w zakresach mniejszych niż dokonywano pomiaru

(24 m lub 36 m) był mniejszy. Wartość $C_0/(C_0+C)$ w kolejnych latach wynosiła 0,50; 0,27; 0,19; 0,00; 0,33.

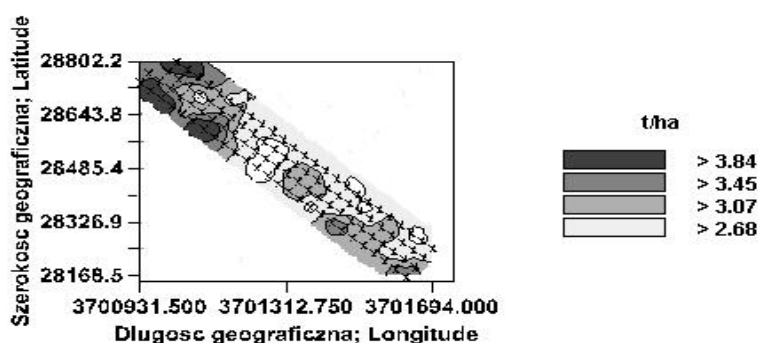
Zmienność zawartości białka w ziarnie we wszystkich latach badań była wyjaśniona głównie przez zmienność przypadkową (tab. 3). Udział wariancji samorodka w całkowitej zmienności tej cechy wynosił w kolejnych latach 0,78, 0,81, 0,81, 0,78, 0,50, 0,22. Tak duża zmienność zawartości białka w ziarnie jęczmienia może być związana ze zmiennością właściwości fizycznych i chemicznych w obrębie badanych pól.

Z literatury (Cambardella, 1997) wiadomo, że udział wariancji samorodka w ogólnej semiwariancji mieszczący się w przedziale 25%–75% świadczy o istnieniu umiarkowanej przestrzennej zależności pomiędzy obserwacjami.

Tabela 3

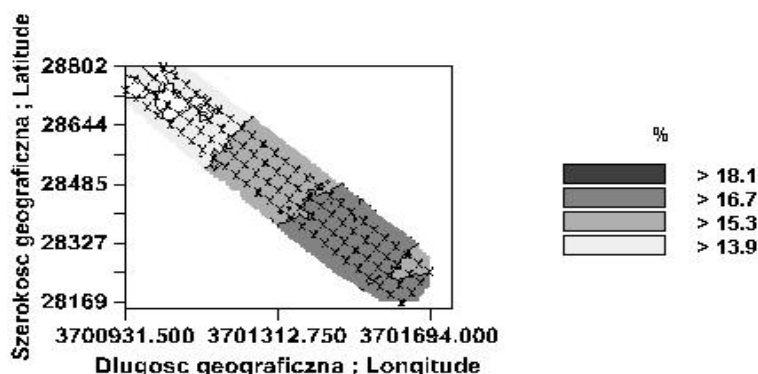
Parametry semiwariogramów plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie jęczmienia
Semivariogram parameters of barley grain yield and grain protein content

Parametr Parameter	Rok Year	Wariancja samorodka Nugget variance C_0	Próg Sill C_0+C	Zakres Range A_0	$C/(C_0+C)$	R^2
Plon ziarna Grain yield	1998	0,87	1,08	249	0,19	0,64
	1999	0,67	1,35	350	0,50	0,89
	2000	0,31	1,15	89,0	0,73	0,84
	2001	0,21	1,13	51,8	0,81	0,86
	2002	0,001	1,44	91,5	1,00	0,97
	2003	0,30	0,92	52,8	0,67	0,90
Zawartość białka w ziarnie Grain protein content	1998	0,86	1,10	219	0,22	0,62
	1999	0,88	1,09	254	0,19	0,64
	2000	0,86	1,07	256	0,19	0,54
	2001	0,86	1,11	329	0,22	0,71
	2002	0,55	1,10	467	0,50	0,96
	2003	0,37	1,72	667	0,78	0,95



Rys. 5. Mapa przestrzennego zróżnicowania plonu ziarna ($t \cdot ha^{-1}$) jęczmienia jarego na polu w roku 2003

Fig. 5. The map of spatial variation of spring barley grain yield ($t \cdot ha^{-1}$) for the field in 2003



Rys. 6. Mapa przestrzennego zróżnicowania zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego na polu w roku 2003

Fig. 6. The map of spatial variation of spring barley grain protein content for the field in 2003

Opisane powyżej parametry semiwariogramów wykorzystano w predykcji metodą krigingu punktowego plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie w punktach, gdzie nie pobierano prób ziarna. Zastosowana metoda *cross-validation* wykazała dużą zgodność wartości interpolowanych z rzeczywistymi, co umożliwiło przedstawienie przestrzennej zmienności analizowanych cech w postaci map (rys. 5, rys. 6).

WNIOSKI

1. Zmienność wielkości plonu ziarna jęczmienia jarego w obrębie badanych pól wahała się od 17,6 do 28,5%, a zawartości białka w ziarnie od 4,3% do 13,8%.
2. Analiza geostatystyczna wykazała liniową lub wykładniczą zależność pomiędzy semiwariancją plonu ziarna a odległością pomiędzy punktami pobierania prób oraz zależność liniową dla zawartości białka w ziarnie.
3. Zmienność przestrzenna plonu ziarna jęczmienia jarego determinowana była głównie przez wariację strukturalną. Zmienność zawartości białka w ziarnie na większości pól związana była z efektem samorodka, co wskazuje na duży wpływ czynników losowych.

LITERATURA

- Cambardella A, Karen J. 1997. Spatial analysis of soil fertility parameters precision agriculture. Kluwer Academic Publisher, Dordrecht.
- Faber A. 1998. System rolnictwa precyzyjnego. II. Analiza i interpretacja map plonów. *Fragm. Agron.* 1: 16 — 27.
- Namysłowska-Wilczyńska B. 1993. Zmienność złóż rud miedzi na monoklinie przedsudeckiej w świetle badań geostatystycznych. *Prace Naukowe Instytutu Geotechniki i Hydrotechniki Politechniki Wrocławskiej*, 64: 1 — 197.

- Pierce F. J., Anderson N. W., Colvin T. S., Schueller J. K., Humburg D. S., McLaughlin. 1997. Yield mapping. In: The state of site-specific management for agriculture. Invited chapters and the proceedings of the Symposium on Site Specific Management (NCR-180) in St. Louis, Missouri, 31 October 1995: 211 — 244.
- Robertson G. P. 2000. GS⁺: Geostatistics for the environmental Sciences. Gamma Design Software, Plainwell, Michigan USA.

ALICJA PECIO¹**KRZYSZTOF KUBSIK**¹**ANDRZEJ BICHONSKI**²¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy² Małopolska Hodowla Roślin HBP Spółka z o.o. Polanowice

Przyczyny zmienności plonu i jakości ziarna jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego

The reasons of grain yield and quality variation in a production field of spring barley

Celem pracy była ocena zakresu zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego oraz określenie przyczyn tej zmienności. Badania prowadzono w Stacji Doświadczalnej IUNG Baborówko, woj. wielkopolskie w latach 1998–2003 na dużych polach produkcyjnych, gdzie wykorzystywane są metody rolnictwa precyzyjnego. Stwierdzono, że w obrębie pola produkcyjnego wielkość uzyskiwanego plonu ziarna jest determinowana w jednakowym stopniu przez warunki pogody i warunki glebowe. Natomiast zawartość białka w ziarnie zależy głównie od warunków pogody. Wskaźniki wzrostu roślin (liczba roślin na 1 m², plon suchej masy roślin, wartości LAI) oraz stanu odżywienia roślin azotem w okresie do kwitnienia jęczmienia mogą służyć do diagnozowania stanu łanu i prognozowania plonu ziarna. Wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem w fazie kwitnienia są przydatne do diagnozowania i prognozowania zawartości białka w ziarnie jęczmienia.

Słowa kluczowe: diagnozowanie, jęczmień jary, plon ziarna, prognozowanie, zawartość białka w ziarnie, zmienność

The purpose of the study was estimation of spring barley grain yield and protein content variation on the area of production field and determination of the reasons for the variation. The studies were conducted in the Experimental Station Baborówko, Poland, in 1998–2003 on the fields where the methods of precision agriculture were used. It was found that the range of grain yield is determined by both weather and soil conditions and the range of protein content are dependent mainly on weather conditions. Canopy indices describing plant growth (plant number and dry matter yield, LAI values) and plant nitrogen nutrition status in the development stages until anthesis (N percentage in dry matter, NNI values for both maximal yield and optimal grain protein content, SPAD values) can be used for diagnosis of the crop status and prognosis of grain yield. The indices of plant nitrogen management during anthesis are useful for diagnosis and prognosis of grain protein content.

Key words: diagnosis, grain protein content, grain yield, prognosis, spring barley, variation

WSTĘP

Pola, szczególnie duże, na których uprawia się jęczmień, są z reguły zróżnicowane pod względem żyzności, odczynu, wilgotności, poziomu wody gruntowej i innych właściwości. Uzyskiwane z takich pól ziarno nie jest jednolite pod względem cech jakościowych, ponieważ każda roślina indywidualnie reaguje przebiegiem wzrostu, rozwoju i nagromadzania plonu ziarna na warunki, w których jest uprawiana. W rezultacie wielkość plonu ziarna pochodzącego z różnych części pola i jego przydatność do produkcji słodu i piwa są zróżnicowane (Burger i in., 1979). Przemysł otrzymuje, zatem partie ziarna niejednolite pod względem właściwości fizycznych (masa 1000 nasion MTZ, celność, grubość i barwa łuski), biologicznych (energia i zdolność kiełkowania) i chemicznych (głównie zawartość białka i skrobi). Sprawia to, że w wyniku nierównomiernego kiełkowania zróżnicowanych ziaren uzyskuje się słód o mniejszej ekstraktywności niż słód wyprodukowany z jednolitego, dorodnego ziarna.

Celem pracy była ocena zakresu zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego oraz określenie przyczyn tej zmienności.

MATERIAŁ I METODY

Jęczmień jary uprawiano na polach produkcyjnych Stacji Doświadczalnej IUNG w Baborówku, woj. Wielkopolskie, w kolejnych latach okresu 1998-2003 na polach o powierzchni odpowiednio 7,4, 8,8, 16,2, 10,7, 16 16,3 ha. W celu uzyskania zróżnicowanego zaopatrzenia roślin w azot w doświadczeniu wykorzystano naturalne zróżnicowanie żyzności gleby w obrębie pola. Na rośliny uprawiane w trójpolewym zmianowaniu: rzepak, pszenica i jęczmień jary oddziaływały, zatem jedynie dwa rodzaje zmienności: warunków glebowych i pogody. Dla każdego z pól wykonano mapę glebowo-rolniczą w skali 1:5000 oraz założono siatkę geostatyczną, składającą się z kwadratów o boku 24 m w latach 1998 i 1999 oraz 36 m w pozostałych latach. W punktach przecięcia linii siatki znajdowały się punkty pomiarowe. Z dokonanej charakterystyki pól wynika, że wykazują one dużą zmienność pod względem zarówno fizycznych cech gleby, jak i ich właściwości agrochemicznych (Jadczyżyn, dane niepublikowane 2000).

Siew jęczmienia odmiany Maresi wykonano 30. 03. 1998 roku, odmiany Brenda 3. 04. 1999 i 20.03.2000 roku, a odmiany Prosa 3. 04. 2001, 3. 04. 2002 oraz 25. 03. 2003 roku. W czasie wegetacji określano wskaźniki wzrostu, rozwoju i plonowania tej rośliny, wykorzystując siatkę punktów pomiarowych. Po wschodach jęczmienia liczono ilość roślin na 1 m², następnie 3-krotnie w fazach DC 30-31 (krzewienie-strzelanie w źdźbło), DC 50-57 (kwitnienie) oraz DC 75-91 (dojrzewanie ziarna) dokonywano pomiarów indeksu powierzchni liści (LAI) i indeksu zieloności liścia (wartości SPAD) oraz pobierano próbki nadziemnych części roślin z powierzchni 1 m². W próbkach roślin oznaczano procent i plon suchej masy (SM) oraz procent i ilość pobranego azotu. W okresie pełnej dojrzałości roślin określano plon ziarna i słomy z 1 m², elementy struktury plonu (liczbę kłosów na 1 m², masę 1000 ziaren, liczbę ziaren w kłosie) oraz pobierano próbki ziarna do analizy na zawartość białka w ziarnie.

Zbiór końcowy przeprowadzono: 7.08.1998; 30.07.1999; 1.08.2000; 30.07.2001; 27.07. 2002; i 22.07. 2003 roku.

Indeks zieloności liścia (odczyty SPAD) określano za pomocą N-Testera HYDRO, model SPAD-502 (skala 0-800), a indeksy stanu odżywienia roślin azotem NNI obliczono według koncepcji Lemaira (za Justes i in., 1997). Dla jęczmienia browarnego zastosowano dwa wskaźniki NNI_{plon} i NNI_{białko}, skalibrowane we wcześniejszych badaniach własnych (Pecio i Fotyma, 2001). W pierwszym przypadku podstawą kalibracji testu była maksymalizacja plonu (NNI_{plon}), a w drugim — zawartość białka w ziarnie w granicach normy przyjętej w browarnictwie, tj. 10,5–11,5%. Wtedy też jęczmień jest oceniany jako dobry dla celów technologicznych. Wartość indeksu NNI_{plon} równa 1 świadczy o optymalnym stanie odżywienia roślin azotem z punktu widzenia maksymalnego plonu ziarna jęczmienia. Wartość NNI_{białko} = 1 oznacza optymalny stan odżywienia azotem jęczmienia uprawianego z przeznaczeniem na cele browarne.

WYNIKI I DYSKUSJA

Zróżnicowanie plonów i zawartości białka w ziarnie jęczmienia

W okresie 6 lat eksperymentu (640 punktów pomiarowych) plon ziarna jęczmienia wahał się od 1,0 do 7,5 t·ha⁻¹. Zawartość białka w ziarnie zmieniała się od zbyt niskiej dla browarnictwa (8,5%) do zbyt wysokiej (19,1%). Wartości współczynników zmienności dla plonu ziarna były większe niż dla zawartości białka w ziarnie (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka statystyczna plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego
Statistical characteristics of spring barley grain yield and protein content

Rok Year	Plon ziarna Grain yield (t·ha ⁻¹)			Zawartość białka w ziarnie Grain protein content (%)		
	średnia mean	odchylenie standardowe standard deviation	współczynnik zmienności coefficient of variation	średnia mean	odchylenie standardowe standard deviation	współczynnik zmienności coefficient of variation
1998	4,68	0,82	17,6	11,8	1,5	12,5
1999	3,78	0,95	25,3	9,9	0,5	4,7
2000	3,58	1,00	28,2	13,6	0,6	4,3
2001	4,49	0,11	24,3	10,7	0,71	6,63
2002	3,79	1,08	28,5	11,6	0,72	6,88
2003	3,07	0,54	17,6	15,7	2,17	13,8

W celu porównania badanych pól wykonano analizę porównawczą wariancji plonów i zawartości białka pomiędzy 6 polami, na których uprawiano jęczmień w kolejnych latach badań od roku 1998–2003 (tab. 2). Przyjmuje się, że jeśli wyznaczony przedział ufności obejmuje wartość = 1, oznacza to brak istotnych różnic pomiędzy wariancjami prób na poziomie istotności 95%. Podane w tabelach zakresy przedziałów ufności wskazują na istotne zróżnicowanie zmienności plonów ziarna pomiędzy około połową pól oraz na istotne zróżnicowanie zmienności zawartości białka w ziarnie większością lat, z wyjątkiem różnicy pomiędzy rokiem 2001 a latami 1999 i 2000. Pośrednio można, zatem

sądzić, że o zakresie zmienności plonów decydowały zarówno warunki pogody, jak i właściwości gleby, natomiast zakres zmienności zawartości białka uzależniony jest przede wszystkim od przebiegu pogody.

Tabela 2

Porównanie wariancji plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie
Comparison of variances of spring barley grain yield and protein content

Porównywane lata Compared years	Iloraz wariancji Ratio of variances	
	plon ziarna grain yield	zawartość białka w ziarnie grain protein content
1998 i 1999	0,75	9,71*
1998 i 2000	0,67*	6,38*
1998 i 2001	0,58*	6,76*
1998 i 2002	0,57*	3,42*
1998 i 2003	1,78*	0,46*
1999 i 2000	0,90	0,66*
1999 i 2001	0,79	0,70
1999 i 2002	0,79	0,35*
1999 i 2003	2,40*	0,05*
2000 i 2001	0,87	1,06
2000 i 2002	0,88	0,54*
2000 i 2003	2,66*	0,07*
2001 i 2002	1,00	0,51*
2001 i 2003	3,05*	0,07*
2002 i 2003	3,03*	0,14*

* Istotna różnica pomiędzy wariancjami prób na poziomie istotności $\alpha = 0,05$

* Significant difference between variances on the significance level $\alpha = 0.05$

Rodzaj gleby wpływa na plon ziarna i zawartość białka w ziarnie jęczmienia przede wszystkim poprzez zróżnicowaną dostępność azotu. W doświadczeniach przeprowadzonych przez Muller (1988) na glebie lessowej, wielkość i termin stosowania nawozów azotowych nie miały wpływu na wielkość plonu ziarna, natomiast zawartość białka w ziarnie była zawsze zbyt wysoka jak na cele browarne (12,1%–15,2%). Na glebie brunatnej o składzie piasku gliniastego i małej zawartości azotu zróżnicowane dawki nawozów azotowych (90 i 120 kg·ha⁻¹) powodowały zarówno zróżnicowanie plonu ziarna (4,70 i 6,17 t·ha⁻¹) jak i zawartości białka w ziarnie (10,6 i 12,0%). Na glinie ciężkiej o większej zawartości azotu, plony wahały się od 3,12 t·ha⁻¹ bez nawożenia azotem do 4,95 t·ha⁻¹ przy nawożeniu dawką azotu 120 kg·ha⁻¹. Zawartość białka w ziarnie wynosiła odpowiednio 10,0 i 12,8%.

Zmienność wskaźników stanu łanu

Jęczmień, z uwagi na słabo rozwinięty system korzeniowy, jest szczególnie wrażliwy na właściwy dobór gleby do jego uprawy (Słaboński, 1976). Roślina ta wymaga gleb zasobnych w przyswajalne składniki pokarmowe i o uregulowanych stosunkach wodno-powietrznych. Warunki takie sprzyjają dobremu krzewieniu roślin i wytwarzaniu kolejnych korzeni przybyszowych. Dobrze rozkrzewione rośliny jęczmienia charakteryzują się większą produktywnością pędu głównego, ponieważ pędy boczne są źródłem jego zasilania w składniki pokarmowe (Lauer, 1990; Pecio, 1995).

Dysponując dużą liczbą wskaźników wzrostu i rozwoju łanu jęczmienia, wykazujących dużą zmienność w obrębie pól, przeprowadzono analizę dyskryminacji ($n = 640$), traktując wskaźniki łanowe jako zmienne objaśniające. Do wskaźników łanowych włączono również elementy struktury plonu. Jako funkcje klasyfikujące zbiór danych wejściowych przyjęto 4 kompleksy glebowe: pszenney dobry, żytni bardzo dobry, żytni dobry i żytni słaby. Obliczenia wykonano dla sześciu lat (z sześciu pól) badań łącznie, co umożliwiło korzystne poszerzenie zakresu zmienności.

Spośród 20 wskaźników opisujących łan jęczmienia, za pomocą analizy krokowej postępującej (step-wise) wydzielono 6 wskaźników, które powodowały zmienność łanu jęczmienia (tab. 3). Były to plon ziarna i liczba kłosów na 1 m^2 , wskaźniki wzrostu roślin: plon suchej masy i wielkość powierzchni liściowej określona wskaźnikiem LAI w okresie krzewienie-kwitnienie oraz wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem: SPAD i NNIbiałko w okresie kwitnienie-dojrzewanie. Oznacza to, że warunki glebowe oddziaływały na zmienność łanu poprzez zróżnicowanie wzrostu roślin i stanu ich odżywienia azotem. W miarę pogarszania warunków glebowych od kompleksu pszennego dobrego do kompleksu żytniego słabego zmniejszał się plon ziarna, a także pogarszały się wskaźniki wzrostu roślin i wskaźniki stanu ich odżywienia azotem.

Tabela 3

Charakterystyka wskaźników łanu jęczmienia na kompleksach glebowych
Characteristics of barley canopy indices on soil complexes

Kompleks glebowy Soil complex	Żytni słaby Rye poor		Żytni dobry Rye good		Żytni bardzo dobry Rye very good		Pszenny dobry Wheat good	
Liczba punktów pomiarowych Number of measurement points	116		147		230		147	
Zmienna Variable	średnia — mean (odchylenie standardowe — standard deviation)							
Plon ziarna Grain yield (t ha ⁻¹)	3,16	(0,18)	3,67	(0,19)	3,94	(0,20)	4,91	(0,22)
Liczba kłosów na 1 m ² Spikes per 1m ²	395	(19,9)	338	(18,4)	402	(20,1)	341	(18,5)
Plon SM roślin (1)* DM yield 1 (g m ⁻²)	63,5	(7,97)	82,1	(9,06)	80,0	(8,94)	101	(10,0)
LAI (2)	2,14	(1,46)	2,44	(1,56)	2,59	(1,61)	2,53	(1,59)
SPAD (2)	491	(22,2)	518	(22,8)	527	(23,0)	574	(24,0)
NNI białko (3) — NNI protein 3	0,65	(0,81)	0,80	(0,89)	0,75	(0,86)	0,84	(0,92)

* (1) — Okres krzewienie-strzelanie w źdźbło; Tillering-shooting stage DC 30-31

(2) — Faza kwitnienia; Anthesis DC 50-57,

(3) — Okres dojrzewanie; Maturity stage DC 75-91

LAI — Indeks Powierzchni Liściowej; Leaf Area Index

SM — Sucha masa; DM — Dry matter

SPAD — Indeks zawartości chlorofilu w jednostkach; SPAD; Chlorophyll content index in SPAD units

Analiza podstawowych elementów struktury plonu w przedziałach klasowych plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie wykazała, że optymalna dla przemysłu browarniczego zawartość białka w ziarnie związana była z dużą obsadą kłosów na jednostce powierzchni i dużą masą 1000 ziaren oraz umiarkowaną liczbą ziaren w kłosie (tab. 4). Duża obsada

kłosów i duża masa 1000 ziaren determinowały również wysoki poziom plonowania jęczmienia.

Tabela 4

Charakterystyka elementów struktury plonu decydujących o wielkości plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie (n = 640)

Characteristics of yield components effecting grain yield and protein content

Elementy struktury plonu Yield components	Plon ziarna (t ha ⁻¹) Grain yield				Zawartość białka (%) Grain protein content		
	<3,00	3,00-4,00	4,01-5,00	>5,00	<10,5	10,5-11,5	>11,5
Liczba punktów pomiar Number of measurement points	121	218	188	113	166	152	322
średnia — mean (odchylenie standardowe — standard deviation)							
Liczba kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	375 (89,2)	445 (65,0)	527 (70,5)	580 (48,7)	538 (80,3)	486 (100)	419 (80,3)
Liczba ziaren w kłosie Grains per spike	25,8 (11,0)	25,0 (5,25)	22,7 (4,32)	21,9 (2,38)	19,3 (5,60)	24,1 (5,54)	27,0 (6,33)
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	40,7 (3,36)	41,7 (3,33)	42,5 (3,42)	44,9 (3,77)	42,1 (3,30)	44,3 (3,68)	41,1 (3,41)

Tabela 5

Charakterystyka zmiennych niezależnych decydujących o wielkości plonu ziarna
Characteristics of independent variables effecting grain yield

Plon ziarna Grain yield (t ha ⁻¹)	<3,00	3,00-4,00	4,01-5,00	>5,00
Liczba punktów pomiarowych Number of measurement points	121	218	188	113
Zmienna Variable	średnia — mean (odchylenie standardowe — standard deviation)			
Kompleks glebowy — Soil complex	48,6 (6,97)	57,1 (7,56)	67,4 (8,21)	71,3 (8,45)
Liczba roślin na 1 m ² — Plants per 1 m ²	262 (16,2)	277 (16,7)	285 (16,9)	288 (17,0)
LAI (1)*	1,10 (1,05)	1,27 (1,13)	1,57 (1,25)	1,39 (1,18)
Plon SM roślin (2) — DM yield (2) (g·m ⁻²)	300 (17,3)	343 (18,5)	409 (20,2)	415 (20,4)
SPAD (2)	494 (22,2)	511 (22,6)	544 (23,3)	578 (24,0)
Plon SM roślin (3) — DM yield (3) (g·m ⁻²)	325 (18,0)	427 (20,7)	603 (24,5)	590 (24,3)
% N w SM roślin (3) — N % in plant DM 3	1,17 (1,08)	1,29 (1,13)	1,44 (1,20)	1,47 (1,21)

* (1) — Okres krzewienie-strzelanie w źdźbło; Tillering-shooting stage DC 30-31

(2) — Faza kwitnienia; Anthesis DC 50-57,

(3) — Okres dojrzewania; Maturity stage DC 75-91

LAI — Indeks Powierzchni Liściowej; Leaf Area Index

SM — Sucha masa; DM — Dry matter

SPAD — Indeks zawartości chlorofilu w jednostkach SPAD; Chlorophyll content index in SPAD units

W celu dyskryminacji między grupami plonu ziarna i zawartości białka przyjęto 20 zmiennych objaśniających. Na zmienne te składały się wskaźniki stanu łanu i dodatkowo wskaźnik waloryzacji gleby, wyrażony w punktach odpowiadających kompleksom glebowym. Poszczególnym kompleksom odpowiadają następujące wartości wskaźników waloryzacyjnych: kompleks 2 = 80 punktów, kompleks 4 = 70 punktów, kompleks 5 = 52 punkty, kompleks 6 = 30 punktów. Jako funkcje klasyfikujące zbiór zmiennych

objaśniających przyjęto 4 grupy plonu ziarna (tab. 5) oraz 3 grupy zawartości białka w ziarnie (tab. 6). Stosując selekcję metodą krokową postępującą (step-wise) wykazano, że spośród 20 zmiennych objaśniających tylko 7 zmiennych (wskaźników) miało istotny wpływ na wielkość plonu ziarna. Były to kompleksy glebowe opisane punktami waloryzacyjnymi i liczba roślin na jednostce powierzchni oraz wielkość powierzchni liściowej, określona wskaźnikiem LAI w okresie krzewienie-strzelanie w źdźbło, a także plon suchej masy i wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem: odpowiednio SPAD i procentowa zawartość N w suchej masie w okresach kłoszenia i dojrzewania (tab. 5).

Tabela 6

Charakterystyka zmiennych niezależnych w grupach o zróżnicowanej zawartości białka w ziarnie
Characteristics of independent variables effecting grain protein content

Zawartość białka Grain protein content(%)	<10,5	10,5-11,5	>11,5
Liczba punktów pomiarowych Number of measurement points	166	152	322
Zmienna Variable	średnia — mean (odchylenie standardowe — standard deviation)		
LAI (1)*	1,11 (1,05)	1,38 (1,17)	1,46 (1,21)
% N w SM roślin (1) — N % in plant DM (1)	3,33 (1,83)	3,67 (1,91)	3,30 (1,82)
LAI (2)	2,03 (1,43)	2,47 (1,57)	2,67 (1,64)
% N w SM roślin (2) — N % in plant DM (2)	1,80 (1,34)	1,96 (1,40)	2,26 (1,50)
SPAD (2)	503 (22,4)	551 (23,5)	532 (23,1)
Plon SM roślin (3) — DM yield (3) (g m ⁻²)	554 (23,5)	530 (23,0)	435 (20,8)

* (1) — Okres krzewienie-strzelanie w źdźbło; Tillering-shooting stage DC 30-31

(2) — Faza kwitnienia; Anthesis DC 50-57,

(3) — Okres dojrzewania; Maturity stage DC 75-91

LAI — Indeks Powierzchni Liściowej; Leaf Area Index

SM — Sucha masa; DM — Dry matter

SPAD — Indeks zawartości chlorofilu w jednostkach SPAD; Chlorophyll content index in SPAD units

Spółród 20 zmiennych objaśniających 6 zmiennych (wskaźników) miało istotny wpływ na zawartość białka w ziarnie (tab. 6). Była to wielkość powierzchni liściowej opisana wskaźnikiem LAI oraz wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem (% N w suchej masie, SPAD) w okresie krzewienie-kwitnienie, a także plon suchej masy roślin w okresie dojrzewania. Stwierdzono, że połowa (322) próbek ziarna charakteryzowała się zbyt wysoką dla browarnictwa zawartością białka w ziarnie. Najmniej próbek ziarna, tj. niecała jedna czwarta (152) mieściła się w przedziale zawartości białka wymaganej w przemyśle browarniczym.

Model prognostyczny plonu i zawartości białka w ziarnie

Próby prognozowania plonów i zawartości białka w ziarnie jęczmienia podjęto na podstawie przeprowadzonej analizy czynnikowej. Analiza czynnikowa pozwoliła na pogrupowanie cech łanu w okresie wegetacji i wyznaczenie 4 czynników, które łącznie wyjaśniały 80,8% zmienności zbioru danych rzeczywistych (tab. 7). W skład czynnika 1 wchodziły wskaźniki wzrostu roślin jęczmienia (liczba roślin na jednostce powierzchni, plon suchej masy i wartości LAI). Na czynnik 2 składały się wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem w okresie dojrzewania ziarna (% N w suchej masie roślin, wartości NNI z punktu widzenia maksymalnego plonu oraz optymalnej zawartości białka w ziarnie).

Czynniki 3 i 4 to wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem odpowiednio w fazie kwitnienia i okresie krzewienie-strzelanie w źdźbło jęczmienia.

Tabela 7

Macierz ładunków czynnikowych
Factor loading matrix

Zmienna Variable	Czynnik 1 Factor 1	Czynnik 2 Factor 2	Czynnik 3 Factor 3	Czynnik 4 Factor 4
Procent wyjaśnionej zmienności Percentage of explained variation	30,81	19,54	17,07	13,40
Liczba roślin na 1 m ² — Plants per 1 m ²	0,51	-0,012	-0,08	0,43
Plon SM roślin 1* — DM yield 1	0,91	0,26	0,13	-0,06
Plon SM roślin 2 — DM yield 2	0,83	-0,24	-0,18	0,02
Plon SM roślin 3 — DM yield 3	0,82	0,25	-0,19	0,06
LAI 1	0,77	-0,00	0,09	-0,14
LAI 2	0,75	-0,14	0,17	0,22
% azotu w SM 1 — % N in DM 1	-0,51	-0,22	-0,09	0,77
% azotu w SM 2 — % N in DM 2	-0,09	0,23	0,95	-0,04
% azotu w SM 3 — % N in DM 3	-0,01	0,92	0,27	-0,01
SPAD 1	-0,50	-0,19	-0,02	0,60
SPAD 2	0,08	0,13	0,57	0,05
NNI plon 1 — NNI yield 1	0,06	0,06	0,00	0,99
NNI plon 2 — NNI yield 2	0,06	0,16	0,95	-0,02
NNI plon 3 — NNI yield 3	0,27	0,93	0,17	0,02
NNI białko 1 — NNI protein 1	0,10	0,08	0,01	0,98
NNI białko 2 — NNI protein 2	0,07	0,15	0,95	-0,02
NNI białko 3 — NNI protein 3	0,29	0,94	0,16	0,02

* (1) — Okres krzewienie-strzelanie w źdźbło; Tillering-shooting stage DC 30-31

(2) — Faza kwitnienia; Anthesis DC 50-57,

(3) — Okres dojrzewania; Maturity stage DC 75-91

LAI — Indeks Powierzchni Liściowej; Leaf Area Index

SM — Sucha masa; DM — Dry matter

SPAD — Indeks zawartości chlorofilu w jednostkach SPAD; Chlorophyll content index in SPAD units

Wyznaczone czynniki wprowadzono jako zmienne niezależne do analizy regresji. Zastosowanie rachunku regresji wielokrotnej metodą step-wise pozwoliło opisać zależność plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie od tych czynników za pomocą funkcji o ogólnej postaci: $Y = a + bX_1 + cX_2 + dX_3$. Wartości parametrów równania regresji podano w tabeli 8. Błąd estymacji dla plonu ziarna wynosił 78,9, a dla zawartości białka 1,12, liczebność próby wynosiła $n = 640$.

Dla plonu ziarna istotny związek regresyjny stwierdzono z czynnikami 1, 3, i 4. Czynniki 1 wyjaśniał 30,8% zmienności i obejmował wskaźniki wzrostu roślin (plon suchej masy i wartości LAI). Pozostałe istotne czynniki (3 i 4) wyjaśniały łącznie 30,5% zmienności. Obejmowały one wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem odpowiednio w fazie kwitnienia i okresie krzewienie-strzelanie w źdźbło jęczmienia.

W modelu prognostycznym dla zawartości białka w ziarnie istotne były czynniki 3 i 4. Większość zmienności wyjaśniona była przez czynnik 3, który obejmował wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem w fazie kwitnienia. Współczynnik regresji dla tego czynnika miał wartość dodatnią, co świadczy o tym, że zawartość białka w ziarnie wzrasta w miarę poprawy stanu odżywienia roślin azotem w fazie kwitnienia roślin. Wartość współczynnika

regresji dla czynnika 4, na który składały się wskaźniki stanu odżywienia roślin w wczesnej fazie rozwoju (okres krzewienie-strzelanie w źdźbło) była bliska zeru. Świadczy to o małym wpływie zaopatrzenia roślin w azot w tej fazie na zawartość białka w ziarnie i może sugerować określoną strategię nawożenia azotem w jednej dawce przedsiewnej.

Tabela 8

Współczynniki regresji wielokrotnej dla plonu ziarna i zawartości białka w ziarnie
Coefficients of multiple regressions for grain yield and protein content

Parametr Parameter	Wartości współczynników regresji Regression coefficients values of					
	plonu ziarna grain yield			zawartości białka w ziarnie grain protein content		
	wartość estimation	błąd standardowy standard error	poziom istotności P-value	wartość estimation	błąd standardowy standard error	poziom istotności P-value
Stała — Constant	404	3,73	0,00	11,4	0,05	0,00
Czynnik 1 — Factor 1	9,75	1,77	0,00	-0,03	0,03	0,22
Czynnik 2 — Factor 2	2,42	1,47	0,10	-0,04	0,02	0,09
Czynnik 3 — Factor 3	-4,53	1,35	0,00	0,30	0,02	0,00
Czynnik 4 — Factor 4	5,93	1,13	0,00	-0,06	0,02	0,00
Współczynnik determinacji R ² Coefficient of determination R ²	47,5%			46,6%		

Czynnik 2, który obejmował wskaźniki stanu odżywienia roślin w okresie dojrzewania ziarna, nie miał istotnego znaczenia w przewidywaniu plonu ziarna ani też zawartości białka w ziarnie.

WNIOSKI

1. Plon i jakość ziarna jęczmienia wykazują dużą zmienność w obrębie pól produkcyjnych, co wynika ze zróżnicowania warunków glebowych.
2. Pogarszające się warunki glebowe oddziałują ujemnie na nagromadzanie masy i wielkość powierzchni asymilacyjnej oraz na pobieranie i przetwarzanie azotu, a w konsekwencji na wielkość plonu i jakość ziarna.
3. Do diagnozowania przyczyn zmienności i prognozowania wielkości plonu ziarna mogą służyć łanowe wskaźniki wzrostu roślin (liczba i masa roślin z jednostki powierzchni oraz wartość LAI) oraz wskaźniki stanu zaopatrzenia roślin w azot w okresie do fazy kwitnienia, natomiast do diagnozowania i prognozowania zawartości białka w ziarnie można wykorzystać wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem w fazie kwitnienia.

LITERATURA

- Burger W. C., Wesenberg D. M., Carden J. E., Pawlisch P. E. 1979. Protein content and composition of Karl and related barleys. *Crop Sci.* 19: 235 — 238.
- Justes E., Jeuffroy M. H., Mary B. 1997. Wheat, barley and *durum* wheat. In: *Diagnosis of nitrogen status in crops*. Ed. Lemaire G. Springer Verlag: 73 — 91.
- Lauer J. G., Partridge J. R. 1990. Planting date and nitrogen rate effect on spring malting barley. *Agron. J.* 82 (6): 1083 — 1088.

- Muller S. 1988. N uptake, yield and quality of malting barley in relation to inorganic soil nitrogen and N fertilization. *Landwirtschaftliche Forschung*. 41 (1-2): 99 — 108.
- Pecio A. Studia nad modelem rośliny i ładu jęczmienia jarego. IUNG Puławy, 1995, R (235): 1 — 84.
- Pecio A., Fotyma E. 2001. Calibration of NNI and SPAD tests for malting spring barley. *Fragm. Agron.* 3: 161 — 172.
- Słaboński A. 1976. Jęczmień jary i ozimy. PWRiL, Warszawa.

BOGUSŁAWA JAŚKIEWICZ

Zakład Uprawy Roślin Zbożowych

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach

Kształtowanie pokroju rośliny odmian jęczmienia jarego w warunkach różnego składu spektralnego promieniowania*

Shaping of plant habit of spring barley varieties under different spectral composition of radiation

Badania przeprowadzono w wazonach Mitcherlicha w kamerach wzrostowych typu Heareus, w których zastosowano różne promieniowanie. Stosunek dalekiej czerwieni (FR) do czerwieni (R) wynosił 0,1:1 oraz 1,1:1. Badano odmiany jęczmienia jarego o odmiennej reakcji na gęstość siewu. Określono liczbę pędów i długość roślin w początkowych fazach wzrostu. Odmiany wymagające rzadkich siewów wykazały mniejszą liczbę pędów w kamerze o relatywnie większym stosunku FR/R.

Słowa kluczowe: jęczmień jary, odmiany, skład spektralny światła, liczba pędów, długość rośliny

The effect of far-red to red radiation ratio (FR/R) on plant height and tillering was investigated on four barley cultivars with different stand density requirements. Single plants were grown in Mitcherlich pots and kept in two growth chambers (Heraeus type) with different FR/R ratios: 0.1:1 and 1.1:1. Under the higher FR/R ratio, two cultivars with low seeding rate requirements showed a remarkable decrease in number of tillers, whereas the other two cultivars, requiring more dense stand, had the same (low) level of tillering, independently on the radiation spectral composition.

Key words: varieties, spectral composition of radiation, plant habit, spring barley

WSTĘP

Uprawiane odmiany różnią się krzewistością. Cecha ta jest determinowana genetycznie. Czynnikiem różnicującym reakcję odmian na zagęszczenie jest światło. Górski (1976) stwierdził, że zielone rośliny transmitują i odbijają przede wszystkim daleką czerwień, natomiast czerwień pochłaniana jest przez chlorofil. W naturalnych warunkach stosunek dalekiej czerwieni do czerwieni zbliżony jest do jedności. Natomiast w gęstych łąkach stosunek ten może wynosić nawet 10:1 (Doroszewski, 1994).

* Badania wykonano w ramach realizacji projektu badawczego nr 3 PO6R 101 24 finansowanego przez KBN

Zwiększony udział dalekiej czerwieni jest bodźcem informującym o potencjalnej konkurencji. Odbierany jest przez rośliny w bardzo wczesnym etapie rozwoju (Ballare i in., 1987).

Skład spektralny promieniowania sprawia, że pokrój roślin tego samego gatunku może być zróżnicowany. Zmiany pokroju rośliny spowodowane konkurencją roślin sąsiadujących dostarczyły informacji do określenia typu reakcji odmian na gęstość siewu.

Zakłada się, że odmiany już w początkowych fazach wzrostu wykażą swój typ reakcji na gęstość siewu związaną z wymaganiami świetlnymi poprzez zmiany pokroju roślin.

Celem badań jest określenie wpływu różnego składu spektralnego promieniowania na pokrój roślin odmian jęczmienia jarego różniących się reakcją na gęstość siewu.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono w kamerach wzrostowych typu Heareus w 5 powtórzeniach. Doświadczenie wazonowe założono z 4 odmianami jęczmienia jarego — Balinka, Prestige, wymagające siewów gęstych oraz Hanka i Nadek, rzadkich (Budzyński, 2005; Noworolnik, 2005). Wazony Mitcherlicha napełniono torfem ogrodniczym Sphagnowy zawierającym N, P₂O₅, K₂O w stosunku 14:16:18 + MgO oraz mikroelementy. W każdym z nich rosła jedna roślina. Kamery wzrostowe umożliwiają zastosowanie różnych źródeł światła i filtrów spektralnych. W badaniach wykorzystano dwa rodzaje promieniowania różniące się zakresem spektralnym światła. Natężenie spektralnego napromieniowania mierzono za pomocą spektrometrii LI-1800. W kamerze 1 stosunek dalekiej czerwieni (FR) (700–800 nm) do czerwieni (R) (600–700 nm) był niski, wynosił 0,1:1. Promieniowanie takie otrzymano po wykorzystaniu świetlówki firmy Philips. Natomiast w kamerze 2 stosunek FR/R był relatywnie wyższy -1,1:1. Otrzymanie takiego promieniowania możliwe było przez zastosowanie dodatkowo halogenowych żarówek 75W-firmy Pulman — emitujących więcej dalekiej czerwieni. Rośliny naświetlano przez 14 godzin w ciągu doby. Promieniowanie fotosyntetyczne (400–700 nm) w obydwu kamerach było tej samej wielkości tzn. 300 μmol/m²/s².

W fazie 2, 3, 5 liści, w fazie pojawienia się pierwszego pędu, a następnie co 7, 14, 21 dni określono długość rośliny od węzła krzewienia do końca blaszki liściowej, oraz liczono pędy na roślinie.

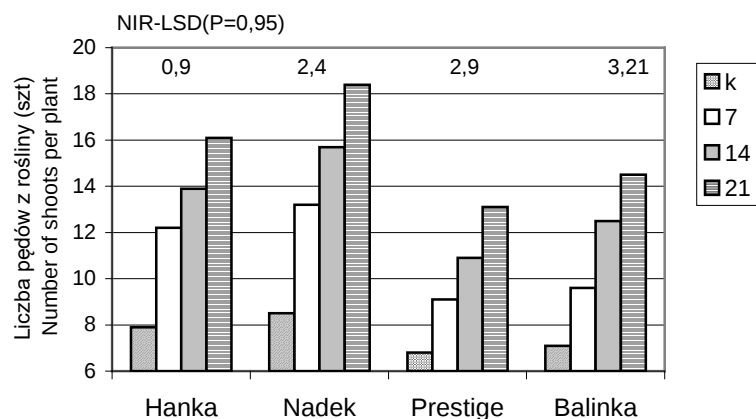
Wyniki opracowano statystycznie metodą analizy wariancji, podając istotność różnic według testu Tukeya dla P = 0,95

WYNIKI I DYSKUSJA

Zróżnicowany skład spektralny promieniowania uzyskany w warunkach laboratoryjnych spowodował, że badane odmiany jęczmienia jarego zareagowały widocznymi efektami morfologicznymi. Rośliny, które otrzymały najwięcej napromieniowania z zakresu dalekiej czerwieni rozwijały się szybciej niż te, które odbierały znaczne mniejsze napromieniowanie w tym zakresie spektrum. O szybszym rozwoju roślin rosnących

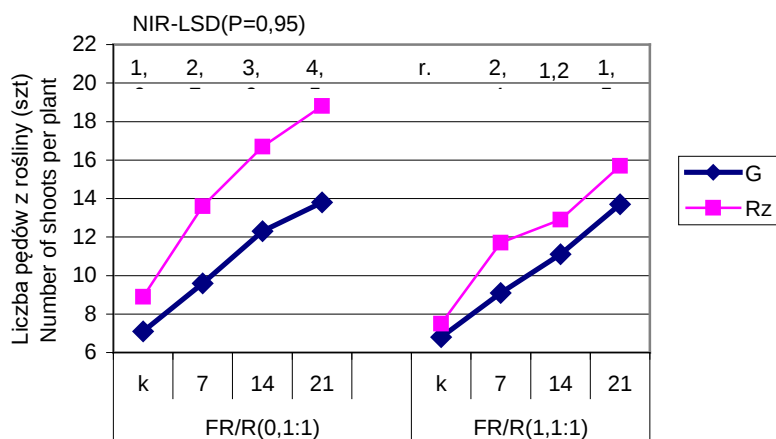
w warunkach zwiększonej ilości dalekiej czerwieni świadczyło szybsze występowanie i przebieg poszczególnych faz wzrostu.

Nie stwierdzono współdziałania w liczbie pędów z rośliny i długości rośliny między różnym składem spektralnym światła a badanymi odmianami jęczmienia jarego, dlatego przedstawiono średnie wyniki dla odmian w badanych fazach rozwojowych (rys. 1, 2) oraz dla kamer o zróżnicowanym składzie spektralnym światła (rys. 3, tab. 1).



k — krzewienie; tillering 7, 14, 21 — po 7, 14, 21 dniach od fazy krzewienia; days after tillering

Rys. 1. Liczba pędów z rośliny odmian jęczmienia jarego w fazach wzrostu
Fig. 1. Shoots number per plant of spring barley varieties at different growth stages



Patrz rysunek 1; See Fig. 1

Rys. 2. Liczba pędów z rośliny odmian jęczmienia jarego wymagających gęstych (G) i rzadkich (Rz) siewów w warunkach różnego składu spektralnego promieniowania

Fig. 2. Shoots number per plant of spring barley varieties requiring dense (G) and thin (Rz) stand under different spectral composition of radiation

Niezależnie od składu spektralnego światła odmiany wymagające rzadkich siewów i Hanka, Nadek miały wyższą liczbę pędów z rośliny w badanych fazach rozwojowych od odmian wymagających siewów gęstych — Prestige, Balinka (rys. 1).

Odmiany wymagające rzadkich siewów w warunkach niskiego stosunku dalekiej czerwieni do czerwieni (kamera 1) miały istotnie większą liczbę pędów z rośliny od roślin odmian wymagających siewów gęstych (rys. 2). W kamerze 2 w warunkach wysokiego stosunku dalekiej czerwieni do czerwieni liczba pędów z rośliny grupy odmian siewów gęstych była podobna jak w kamerze 1, natomiast liczba pędów z rośliny odmian siewów rzadkich zmniejszyła się. A więc odmiany siewów gęstych łatwiej przystosowują się do sąsiedztwa roślin i konkurencji w łanie, dlatego nie zareagowały obniżką liczby pędów jak rośliny odmian siewów rzadkich. Doroszewski (1994) stwierdził, że rośliny rosnące w łanie otrzymują skład spektralny i natężenie napromieniowania zmienione bardzo silnie przez rośliny sąsiadujące (dużo dalekiej czerwieni). A więc kamera 2 stwarza warunki siewów gęstych w porównaniu do kamery 1.

Nie wystąpiły istotne różnice w długości rośliny między odmianami w poszczególnych kamerach wzrostowych różniących się składem spektralnym światła, dlatego wyniki przedstawiono dla kamer (tab. 1).

Tabela 1

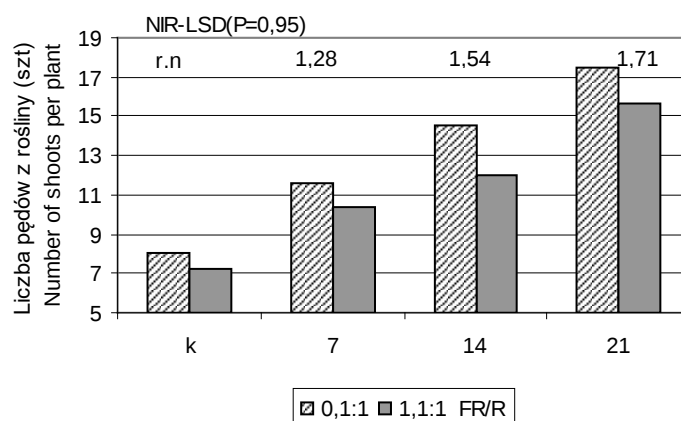
Długość rośliny odmian jęczmienia jarego w początkowych fazach wzrostu w warunkach różnego składu spektralnego światła
Plants height of spring barley at early growth stages under different spectral composition of light

Kamery Chambers	Fazy wzrostu — Growth stages							
	liczba liści z rośliny number of leaves per plant			krzewienie tillering	7*	14*	21*	28*
	2	3	5					
1	16,0	21,1	29,8	40,5	52,5	65,2	76,6	83,4
2	18,8	27,3	33,0	42,7	54,2	69,0	81	90,4
NIR — LSD (P = 0,95)	2,16	1,74	1,78	1,96	1,61	3,72	3,37	2,91

* Dni od fazy krzewienia

* Days after tillering

Pokrój roślin rosnących w kamerach o relatywnie podwyższonym stosunku dalekiej czerwieni (FR) do czerwieni (R) był inny niż roślin rosnących w warunkach, w których stosunek FR/R był niski (kamera 1). W kamerze wzrostowej o promieniowaniu z większym udziałem FR (kamera 2) rośliny były wyższe i mniej rozgałęzione w badanych fazach wzrostu (tab. 1, rys. 3). Zmniejszone krzewienie roślin pod wpływem promieniowania zawierającego dużo dalekiej czerwieni stwierdził Aphalo i wsp. (1991). Istnienie bodźca w postaci zwiększonego udziału dalekiej czerwieni sygnalizującego możliwość potencjalnej konkurencji spowodowało dążenie roślin do przerośnięcia roślin sąsiadujących (Doroszewski, 1999; Nalborczyk i in., 1997), co znalazło odzwierciedlenie w przedstawionych badaniach w kamerze 2.



Patrz rysunek 1; See Fig. 1

Rys. 3. Liczba pędów z rośliny odmian jęczmienia jarego w fazach wzrostu w zależności od składu spektralnego światła (FR/R)

Fig. 3. Shoots number per plant of spring barley at different growth stages depending on light spectral composition

WNIOSKI

1. Zwiększająca się wartość stosunku FR/R powodowała przyspieszenie rozwoju roślin oraz zmianę ich pokroju.
2. Wysoka wartość stosunku FR/R powodowała zmniejszenie liczby pędów i wzrost wysokości roślin.
3. Większą liczbę pędów z rośliny stwierdzono u odmian wymagających rzadkich siewów Hanka i Nadek.
4. W warunkach wysokiego stosunku FR/R obserwuje się obniżoną krzewistość odmiany Hanka i Nadek
5. Liczba pędów odmian Prestige i Balinka, wymagających gęstych siewów, była podobna niezależnie od składu spektralnego promieniowania.

LITERATURA

- Aphalo P. J., Gibson D., Di Benedetto A. H. 1991. Responses of growth, photosynthesis, and leaf conductance to white light irradiance and end-of-day red and far-red pulses in *Fuchsia magellanica* Lam. New Phytologist. 117: 461 — 471.
- Ballare C. L., Sanchez R. A., Scopel A. L., Ghersa C. M. 1987. Early detection of neighbour plants by phytochrome perception of spectral changes in reflected sunlight. Plant, Cell and Environment 10, 551 — 557.
- Budzyński W. 2005. Jęczmień browarny. W: Rynek i technologie uprawy roślin. Praca zbiorowa. Chotkowski J. (red.) 8: 16 — 22.
- Doroszewski A. 1994. Spectral transmission of radiation through the leaves of selected plant species. Zeszyty Prob. Post. Nauk Rol. 405: 63 — 69.
- Doroszewski A. 1999. Kształtowanie pokroju i produktywności pszenicy ozimej przez promieniowanie odbite. Pam. Puławski. 118: 121 — 130.

- Górski T. 1976. Red and far red radiation at sunset annual cycle and dependence on precipitation water. *Naturwissenschaften*, 11: 530.
- Nalborczyk A., Żebrowski J. 1997. Zmiany w budowie morfologicznej pszenżyta ozimego indukowane obniżonym stosunkiem R:FR. *Pam. Puławski*. 110: 223 — 229.
- Noworolnik K. (red.). 2005. Jęczmień jary pastewny. W: *Rynek i technologie uprawy roślin*. Praca zbiorowa. Chotkowski J. (red.), 7: 7 — 15.

ALEKSANDER SZMIGIEL**ANDRZEJ OLEKSY**Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin
Akademia Rolnicza w Krakowie

Plonowanie form nagich i oplewionych jęczmienia jarego i owsa w mieszankach i siewie czystym na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego

Yielding of naked and husked forms of spring barley and oat cultivated in mixtures and in pure stands on a soil of very good wheat complex

W pracy przedstawiono wyniki trzyletniego ścisłego doświadczenia polowego założonego w latach 2000–2002 w Prusach koło Krakowa na terenie Stacji Doświadczalnej Katedry Szczegółowej Uprawy Roślin Akademii Rolniczej w Krakowie. Badaniami objęto formy nagie i oplewione owsa Akt i Chwat oraz jęczmienia Rastik i Rodos uprawiane w siewie czystym i 50% mieszanki każdej z odmian owsa i jęczmienia, u których oceniano wielkość plonowania, elementy struktury i zawartość białka w ziarnie. Badania wykazały, że oplewione formy owsa i jęczmienia jarego plonowały istotnie lepiej niż formy nieoplewione. Owies Chwat plonował o 58% wyżej niż forma nieoplewiona, a plon ziarna jęczmienia oplewionego Rodos był o 11% wyższy niż nieoplewionego Rastik. W zasiewach mieszanych najwyższym poziomem plonowania charakteryzowała się mieszanka oplewionej formy owsa i jęczmienia, której plon ziarna był istotnie mniejszy od owsa oplewionego Chwat. Spośród mieszanek najniżej plonowała mieszanka nagoziarnistych form owsa i jęczmienia, której poziom plonowania był istotnie większy w porównaniu do owsa Akt uprawianego w siewie czystym. Uprawa zbóż w mieszankach zwiększała poziom plonowania od 5,7% do 8,9% w porównaniu ze średnim plonem komponentów z siewu czystego. Nieoplewione odmiany owsa i jęczmienia jarego charakteryzowały się większą zawartością białka w ziarnie niż oplewione. Ziarno badanych odmian owsa i jęczmienia z zasiewów mieszanych charakteryzowało się zbliżoną zawartością białka w porównaniu do zawartości w ziarnie z siewu czystego.

Słowa kluczowe: formy nagie, formy oplewione, jęczmień jary, mieszanki zbożowe, owies, plon ziarna, zawartość białka

Results are presented of a field experiment carried out in Prusy, at the Experimental Unit of Plant Production Department, Agricultural University of Kraków, in the years 2000–2002. Two cultivars of spring barley: husked Rodos, naked Rastik and two cultivars of oat: husked Chwat and naked Akt were cultivated in pure stands and in all combinations of barley-oat mixtures with equal proportion of each component. The husked forms of barley and oat yielded significantly higher than the naked ones. The

difference in oats reached 58% and in barley 11%. Yielding of the mixture of two husked cultivars was also superior over the other mixtures, but lower in relation to the pure stand of Chwat oat. The lowest yielding mixture was that of two naked components, however the yields were significantly higher than for the pure Akt naked oat. Generally, cultivation in mixtures increased yielding level by 5.7%–8.9% in relation to the mean yields of pure components. The naked cultivars of oat and barley contained more protein in grain than the husked alternatives. In mixtures, protein content in separated grain of the barley and oat cultivars was similar to that recorded for the grain harvested from pure stands.

Key words: cereal mixtures, grain yield, husked forms, naked forms, oats, protein content, spring barley

WSTĘP

Uprawa zbóż w mieszankach stała się specyficzną i trwałą zasadą polskiego rolnictwa. W ostatnich kilkunastu latach opublikowano wiele prac dotyczących szeroko rozumianej technologii uprawy zbóż w mieszankach. Mieszanki zbożowe uprawiane są wyłącznie na paszę, dlatego ziarno powinno charakteryzować się wysoką zawartością białka i wysoką wartością energetyczną (Kuś, 1999; Michalski i in., 2000). Najczęściej uprawia się mieszanki jęczmienia z owsem, które zawierają stosunkowo mało białka oraz dość dużo włókna. W celu poprawy wartości paszowej komponuje się mieszanki trójskładnikowe z udziałem pszenicy (Leszczyńska i Noworolnik, 2000). Wprowadzenie do uprawy nagich form owsa i jęczmienia poszerzyło możliwości komponowania mieszanek. Większość badań wykonano na glebach słabych i średnich, mniej na dobrych, a tylko nieliczne na glebach najlepszych.

Celem wykonanych badań była ocena plonowania i kształtowanie się elementów struktury plonu oraz zawartości białka w ziarnie nagich i oplewionych form owsa i jęczmienia uprawianych w siewie czystym i mieszankach dwugatunkowych na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego.

MATERIAŁ I METODY

Badania nad plonowaniem mieszanek jęczmienia jarego z owsem przeprowadzono w latach 2000–2002 w Prusach koło Krakowa na terenie Stacji Doświadczalnej Katedry Szczegółowej Uprawy Roślin Akademii Rolniczej w Krakowie. Doświadczenie prowadzono na czarnoziemie zdegradowanym wytworzonym z lessu, zaliczonym do pszennego bardzo dobrego kompleksu przydatności rolniczej gleb. W doświadczeniu jednoczynnikowym prowadzonym w układzie bloków losowanych, w czterech powtórzeniach, badano następujące gatunki i odmiany zbóż jarych oraz ich mieszanki: owies nagi Akt (100%), owies oplewiony Chwat (100%), jęczmień nagi Rastik (100%), jęczmień oplewiony Rodos (100%), owies Akt + jęczmień Rastik (po 50%), owies Akt + jęczmień Rodos (po 50%), owies Chwat + jęczmień Rastik (po 50%), owies Chwat + jęczmień Rodos (po 50%). Ilość wysiewu ustalono w oparciu o parametry jakościowe materiału siewnego, przyjmując dla siewu czystego owsa obsadę 550 szt. kielkujących ziaren na 1 m² a dla jęczmienia jarego 320 szt. kielkujących ziaren na 1 m². W zasiewach mieszanych obsada każdej odmiany wynosiła 50% z siewu czystego. Ziarno przed siewem zaprawiono preparatem Raxil 02 DS w dawce 200 g/100 kg ziarna. Przedplonem była pszenica jara.

Nawożenie fosforowe w ilości 50 kg P_2O_5 /ha, potasowe 50 kg K_2O /ha oraz azotowe w ilości 50 kg N/ha zastosowano przed zabiegami doprawiającymi glebę do siewu. W fazie krzewienia zbóż eliminowano chwasty stosując herbicyd Chwastox D w dawka 5 l/ha. Bezpośrednio przed zbiorem z każdego poletka pobrano rośliny z 1 m². W próbach określono liczbę źdźbeł produktywnych a następnie pobrano losowo po 25 źdźbeł, na których określono liczbę ziaren z wiechy (kłosa). Masę 1000 ziaren oznaczono z prób ziarna przy wilgotności 15%. Zawartość azotu ogółem oznaczono metodą Kjeldahla. Przy przeliczaniu azotu na białko zastosowano współczynnik 6,25. W statystycznym opracowaniu uzyskanych wyników wykorzystano analizę wariancji dla doświadczeń jednoczynnikowych w układzie losowanych bloków.

Lata realizacji badań znacznie różniły się przebiegiem pogody (tab. 1). Najbardziej zbliżonymi opadami do przeciętnych w okresie wegetacji zbóż charakteryzował się 2002 rok. W roku tym maj i lipiec były suche z opadami mniejszymi od przeciętnych odpowiednio o 23 i 56%. Suma opadów za okres kwiecień — lipiec roku 2001 wynosiła 447 mm i była wyższa od przeciętnych o 124 mm to jest o 38%. Znacznie większe opady od przeciętnych odnotowano w kwietniu i lipcu. W roku 2000 opady za okres kwiecień — lipiec również były większe od przeciętnych, a lipiec był chłodny i mokry z opadami większymi od przeciętnych o 121 mm. Kwiecień tegoż roku był suchy i ciepły z opadami niższymi od przeciętnych o 37% i wyższą o 2,7°C średnią temperaturą powietrza.

Tabela 1

Charakterystyka warunków meteorologicznych w latach 2000–2002 (miesiące IV–VIII)
Characteristic of weather conditions in the years 2000–2002 (months IV–VIII)

Rok Year	Miesiąc Months					Średnio Mean
	IV	V	VI	VII	VIII	
temperatura temperature (°C)						IV–VIII
2000	11,8	16,0	17,0	16,6	19,0	16,1
2001	9,3	16,0	16,1	21,1	20,8	16,7
2002	10,4	18,4	18,7	21,3	21,6	18,1
1993–2002	9,1	14,7	17,3	19,1	18,7	15,8
opady rainfalls (mm)						suma sum
2000	42,9	62,9	70,3	217,4	41,3	434,8
2001	145,7	72,9	86,3	141,6	77,2	523,7
2002	85,2	49,3	102,1	42,9	62,7	342,2
1993–2002	68,2	63,8	94,1	96,9	57,8	380,8

WYNIKI I DYSKUSJA

W warunkach prowadzonych badań plony ziarna uprawianych odmian zarówno w czystym siewie jak i w mieszankach były znacznie zróżnicowane (tab. 2). W czystym siewie lepiej plonowały odmiany oplewione, średnio za 3 lata plon owsa odmiany Chwat wynosił 5,85 t·ha⁻¹ a nagoziarnistej odmiany Akt 3,71 t·ha⁻¹. Nita (1999) podaje, że w doświadczeniach COBORU owies nagi Akt plonował prawie o 13% niżej od wzorca

oplewionych form owsa. W przeprowadzonym doświadczeniu odmiana Akt plonowała o 37% niżej niż owies oplewiony Chwat. Podobne wyniki uzyskali Piech i wsp. (1999 b), Rudnicki i Wasilewski (1999), Dubis i Budzyński (2003) oraz Szempliński (2003), którzy odnotowali niższe o około 30% plonowanie odmiany Akt w porównaniu do odmian oplewionych.

Tabela 2

Plon ziarna (t/ha) nagich i oplewionych form owsa i jęczmienia uprawianych z siewu czystego i w mieszankach
Grain yield (t/ha) of naked and husked forms of oats and barley cultivated in pure culture and in mixtures

Obiekty Objects	Lata Years			Średnio Mean
	2000	2001	2002	
Akt	4,18	2,63	4,33	3,71
Chwat	5,57	4,99	6,99	5,85
Rastik	4,07	2,61	5,24	3,97
Rodos	4,91	2,82	5,51	4,41
Akt + Rastik	4,30	2,63	5,24	4,06
Akt + Rodos	4,88	2,84	5,54	4,42
Chwat + Rastik	5,29	4,18	6,55	5,34
Chwat + Rodos	5,51	4,15	6,71	5,46
Średnio Mean	4,84	3,36	5,76	—
NIR ($\alpha=0,05$) / LSD ($\alpha=0,05$) dla / for:				
obiektów / objects				0,237
lat / years				0,314
interakcji lata $\times$ obiekty / interaction years $\times$ objects				0,260

Natomiast w gorszych warunkach na glebie kompleksu żytniego słabego Wróbel i wsp. (1999) odnotowali mniejszą, rzędu 12% przewagę plonów owsa oplewionego nad plonami odmiany Akt. Mniejsze różnice wystąpiły pomiędzy plonami jęczmienia jarego, plon ziarna odmiany oplewionej Rodos wyniósł średnio 4,41 t·ha⁻¹, a nagoziarnistej Rastik 3,97 t·ha⁻¹. Zbliżoną różnicę w wysokości plonów pomiędzy nagą a oplewioną formą jęczmienia odnotował Szempliński (2003). Plenność owsa oplewionego Chwat była o 33% wyższa niż jęczmienia oplewionego Rodos. Jęczmień nagoziarnisty Rastik przewyższał plonowaniem owies nagoziarnisty Akt o 7% i była to różnica potwierdzona statystycznie. Wyższe plonowanie owsa oplewionego niż jęczmienia oplewionego odnotowali również Korona i Szempliński (1996), Rudnicki i Wasilewski (1999), Wróbel i wsp. (1999) oraz Szempliński (2003). Wszystkie mieszanki plonowały niżej od najlepiej plonującej odmiany owsa Chwat. Plon mieszanki nagoziarnistych odmian Akt + Rastik był niższy od plonu ziarna oplewionej odmiany jęczmienia Rodos. Mieszanka składająca się z oplewionej odmiany jęczmienia Rodos i nagoziarnistej odmiany owsa Akt plonowała na zbliżonym poziomie do plonu odmiany Rodos uprawianej w czystym siewie. Plony mieszanek z udziałem oplewionej odmiany owsa Chwat przewyższyły poziomem plonowania oplewioną odmianę jęczmienia Rodos uprawianą w czystym siewie o 0,94–1,05 t·ha⁻¹. W przeprowadzonych badaniach plony ziarna mieszanek były wyższe od średniego plonu

odpowiednich komponentów uprawianych w czystym siewie, średnio za 3 lata o 0,22 do 0,43 t·ha⁻¹ to jest o 5,7%–8,9%. Najlepiej plonowała mieszanka oplewionych odmian owsa Chwat i jęczmienia Rodos, średnio 5,46 t·ha⁻¹, a najniżej obu form nagoziarnistych Akt + Rastik — 4,06 t·ha⁻¹. W badaniach nad zasiewami mieszanymi nagich i oplewionych form owsa i jęczmienia najlepsze plonowanie mieszanki złożonej z oplewionych form tych gatunków obserwowali również Piech i wsp. (1999 a) oraz Szempliński (2003). Natomiast Rudnicki i Wasilewski (1999) odnotowali o 17% niższe w porównaniu do owsa uprawianego w siewie czystym plonowanie takiej mieszanki.

Duży wpływ na plon ziarna zbóż uprawianych w czystym siewie i w mieszankach wywarł przebieg pogody w poszczególnych latach. Najwyższe plony ziarna uzyskano w ciepłym i o opadach nieznacznie niższych od średniej wieloletniej — 2002 roku. W roku 2001, który odznaczał się opóźnioną chłodną wiosną i znacznym nadmiarem opadów zwłaszcza w miesiącu kwietniu i lipcu plon ziarna był bardzo niski, średnio 2,40 t/ha w porównaniu do roku 2002. W roku tym stosunkowo wysoko plonował owies Chwat i mieszanki z jego udziałem.

Liczba wiech (kłosów) na jednostce powierzchni była zmienna u poszczególnych gatunków i wynikała z gęstości siewu oraz ich udziału w wysiewie. Pomimo takiej samej gęstości siewu owsa lepszą krzewistością oraz istotnie większą liczbą wiech na jednostce powierzchni charakteryzowała się odmiana oplewiona Chwat (tab. 3).

Tabela 3

Liczba kłosów jęczmienia i wiech owsa (szt./m²) na jednostce powierzchni w zależności od sposobu uprawy (siew czysty, mieszanka)
Number of barley ears and oats panicles (pcs/m²) per area unit depending on cultivation method (pure culture or mixture)

Obiekty Objects	Lata Years			Średnio Mean
	2000	2001	2002	
Akt	479	285	380	381
Chwat	581	379	471	477
Rastik	492	338	527	452
Rodos	588	405	545	513
Akt + Rastik	507	345	453	435
Akt + Rodos	480	363	470	438
Chwat + Rastik	564	462	479	502
Chwat + Rodos	573	524	526	541
Średnio Mean	533	388	481	—
NIR ($\alpha=0,05$) / LSD ($\alpha=0,05$) dla / for:				
obiektów / objects				56,1
lat / years				26,5
interakcji lata × obiekty / interaction years × objects				97,2

U jęczmienia oplewionego stwierdzono większą o 14% zawartość kłosów w łanie niż u formy nagoziarnistej Rastik. Największą zawartość łanu na jednostce powierzchni przed zbiorem stwierdzono w mieszance owsa oplewionego Chwat z jęczmieniem oplewionym Rodos — średnio 541 szt./m², zaś najmniejszą w siewie czystym owsa nagiego Akt, który

w przeprowadzonych badaniach plonował najniżej — średnio 381 szt./m². Mieszanki z udziałem owsa Akt charakteryzowały się zbliżoną obsadą wiech i kłosów na jednostce powierzchni, która nie odbiegała znacząco od jęczmienia Rastik uprawianego z siewu czystego.

Sposób siewu w niewielkim stopniu różnicował liczbę ziaren w kłosie lub wieszce i masę 1000 ziaren. U owsa odmiany Akt uprawianego w siewie współrzędnym z jęczmieniem zarówno nagim, jak i oplewionym stwierdzono mniejszą liczbę ziaren z wiechy w porównaniu do wartości, jakimi charakteryzowała się ta odmiana w siewie czystym. Natomiast wiechy owsa oplewionego Chwat uprawianego w mieszance z jęczmieniem nagim charakteryzowały się podobną w porównaniu do wiech z siewu czystego liczbą ziaren, a w mieszance z jęczmieniem oplewionym liczba ziaren z wiechy była mniejsza. W kłosach jęczmienia oplewionego i nagoziarnistego uprawianego z siewu czystego liczba ziaren w kłosie kształtowała się na tym samym poziomie, a uprawa w mieszankach z owsem nie wpłynęła w znaczący sposób na kształtowanie się tej cechy jęczmienia (tab. 4).

Tabela 4

Liczba ziaren w wiechach owsa i kłosach jęczmienia uprawianych w siewie czystym i w mieszankach
Number of grains in oat panicles and barley ears cultivated in pure cultures and in mixtures

Sposób siewu Type of sowing	Odmiany Cultivars	Lata Years			Średnio Mean
		2000	2001	2002	
Siew czysty Pure sowing	Akt	53,4	44,2	55,7	51,1
	Chwat	51,7	49,3	46,7	49,2
	Rastik	20,9	18,7	21,0	20,2
	Rodos	21,2	19,0	20,6	20,2
Akt + Rastik	Akt	48,8	45,5	46,4	46,9
	Rastik	20,1	18,2	20,4	19,6
Akt + Rodos	Akt	49,1	43,6	45,4	46,0
	Rodos	21,5	19,1	21,5	20,7
Chwat + Rastik	Chwat	51,4	48,3	47,3	49,0
	Rastik	20,8	19,5	21,3	20,5
Chwat + Rodos	Chwat	48,7	49,9	45,0	47,9
	Rodos	20,3	19,7	19,6	19,9
Średnio dla owsa Mean for oat		50,5	46,8	47,8	48,4
Średnio dla jęczmienia Mean for barley		20,8	19,0	20,7	20,2

Masa 1000 ziaren owsa Akt była o około 16% mniejsza niż formy oplewionej Chwat, natomiast odmiany jęczmienia uprawiane z siewu czystego charakteryzowały się podobną masą 1000 ziaren (tab. 5). Dorodność ziarna obydwu gatunków uprawianych w zasiewach mieszanych nie odbiegała znacząco od dorodności w siewach czystych odpowiednich odmian jęczmienia i owsa. Obserwowano wprawdzie niewielkie zwiększenie masy 1000 ziaren zarówno owsa nagiego, jak i oplewionego w zasiewach mieszanych z jęczmieniem, to jednak różnice w porównaniu do ziarna z siewu czystego nie były znaczące. Podobnie jak owsy również jęczmień nagi Rastik w zasiewach mieszanych wykształcał nieco dorodniejsze ziarno. Natomiast jęczmień oplewiony Rodos na uprawę w mieszankach

z owsem reagował zmniejszeniem masy 1000 ziaren, szczególnie gdy jego partnerem był owies nagi Akt. W mieszance tej masa 1000 ziaren była o 5,6% mniejsza niż w siewie czystym.

Tabela 5

Masa 1000 ziaren (g) owsa i jęczmienia uprawianych w siewie czystym i w mieszankach
Weight of 1000 grains (g) of oats and barley cultivated in pure culture and in mixtures

Sposób siewu Type of sowing	Odmiany Cultivars	Lata Years			Średnio Mean
		2000	2001	2002	
Siew czysty Pure sowing	Akt	27,1	24,2	28,0	26,4
	Chwat	30,8	30,4	31,6	30,9
	Rastik	44,9	42,1	47,3	44,8
	Rodos	45,1	41,1	46,9	44,4
Akt + Rastik	Akt	27,3	25,2	29,1	27,2
	Rastik	45,4	41,4	48,7	45,2
Akt + Rodos	Akt	28,8	25,1	28,2	27,4
	Rodos	43,7	36,4	45,7	41,9
Chwat + Rastik	Chwat	31,7	29,5	33,5	31,6
	Rastik	45,3	40,7	48,7	44,9
Chwat + Rodos	Chwat	31,3	30,3	33,1	31,6
	Rodos	44,0	37,8	46,9	42,9
Średnio dla owsa Mean for oat		29,5	27,5	30,6	29,2
Średnio dla jęczmienia Mean for barley		44,7	39,9	47,4	44,0

Zawartość białka w ziarnie wahała się w granicach od 10,80% do 14,82% w zależności od odmiany i lat badań (tab. 6). Przeciętnie wyższą zawartością białka w ziarnie odznaczały się odmiany owsa w porównaniu z ziarnem jęczmienia jarego. Formy nagoziarniste miały wyższą zawartość białka w ziarnie o 3,75% u owsa i o 1,59% u jęczmienia. Na wyższą zawartość białka w ziarnie form nagich tych gatunków zwracają uwagę także inni autorzy Dziamba i Rachoń (1991), Nita (1999), Petkov i wsp. (1999), Wróbel i wsp. (1999) oraz Szempliński (2003). Najniższą zawartością białka odznaczało się ziarno w roku 2000, był to rok o najniższej temperaturze powietrza spośród 3 lat badań oraz bardzo mokrym lipcu, w którym ilość opadów wynosiła ponad 217 mm to jest 225% średniej wieloletniej dla tego miesiąca. Najwyższą zawartość białka miało ziarno w roku 2001, w którym uzyskano najniższe plony, a ziarno odznaczało się najniższą masą. Zawartość białka w ziarnie zbóż uprawianych w mieszankach nie różniła się w sposób istotny w porównaniu do jego zawartości w ziarnie tych samych odmian uprawianych w czystym siewie. Zdaniem Dziamby i Rachonia (1991) w mieszankach zawartość białka w ziarnie w stosunku do siewów czystych komponentów jest większa. Natomiast Szempliński (2003) w mieszankach międzygatunkowych owsa nagiego Akt z jęczmieniem nagim i oplewionym odnotował spadek zawartości białka, a w mieszankach owsa oplewionego z jęczmieniem nagim i oplewionym wzrost w porównaniu ze średnią zawartością tego składnika uzyskaną w siewie czystym komponentów.

Tabela 6

Zawartość białka (% s.m.) w ziarnie badanych odmian owsa i jęczmienia uprawianych w siewie czystym i w mieszankach
Protein content (% d.m.) in grain of the studied oats and barley varieties cultivated in pure culture and in mixtures

Sposób siewu Type of sowing	Odmiany Cultivars	Lata Years			Średnio Mean
		2000	2001	2002	
Siew czysty Pure sowing	Akt	13,82	15,36	14,85	14,67
	Chwat	10,25	11,97	10,53	10,92
	Rastik	12,26	13,52	12,85	12,88
	Rodos	10,49	12,49	10,88	11,29
Akt + Rastik	Akt	14,04	15,31	15,11	14,82
	Rastik	12,46	12,97	12,33	12,59
Akt + Rodos	Akt	14,07	15,13	15,19	14,80
	Rodos	10,83	12,06	11,05	11,31
Chwat + Rastik	Chwat	10,26	11,87	10,94	11,03
	Rastik	12,40	13,31	12,14	12,61
Chwat + Rodos	Chwat	10,20	11,70	10,52	10,80
	Rodos	10,50	11,84	10,81	11,05
Średnio dla owsa Mean for oat		12,11	13,56	12,86	12,84
Średnio dla jęczmienia Mean for barley		11,49	12,70	11,68	11,96
NIR ($\alpha=0,05$) / LSD ($\alpha=0,05$) dla / for: obiektów / objects					0,475

WNIOSKI

1. W warunkach prowadzonych badań plon ziarna mieszanki form nagich owsa i jęczmienia był większy niż tych gatunków uprawianych w siewie czystym.
2. W siewach międzygatunkowych najwyższy poziom plonowania zapewniała mieszanka oplewionych form owsa i jęczmienia jarego oraz oplewionego owsa z jęczmieniem nagim, a najniższy nagich form jęczmienia i owsa.
3. Plony ziarna mieszanek były wyższe od średniego plonu komponentów uprawianych w siewie czystym, średnio o 0,22–0,43 t·ha⁻¹ to jest o 5,7%–8,9%.
4. W roku o wysokich opadach plon jęczmienia i nagoziarnistych odmian owsa był niski, a owies Chwat i mieszanki z jego udziałem plonowały stosunkowo dobrze.
5. Zawartość białka w ziarnie badanych form owsa i jęczmienia uprawianych w mieszankach w porównaniu do ziarna odpowiednich odmian uprawianych z siewu czystego ulegała niewielkim zmianom.

LITERATURA

- Dubis B., Budzyński W. 2003. Reakcja owsa nagoziarnistego i oplewionego na termin i gęstość siewu. Biul. IHAR 229: 139 — 146.
- Dziamba Sz., Rachoń L. 1991. Produktywność nagoziarnistych i oplewionych odmian jęczmienia jarego uprawianych w siewie czystym i mieszankach. Fragm. Agron. 1: 94 — 100.
- Korona E., Szempliński W. 1996. Konkurencyjność rolnicza jarych zbóż pastewnych. Acta Acad. Agricult. Tech. Olsz., Agricult. 63: 177 — 183.

- Kuś J. 1999. Rola zasiewów mieszanych w różnych systemach gospodarowania. Materiały z konferencji „Przyrodnicze i produkcyjne aspekty uprawy roślin w mieszankach”. Poznań, 2–3.12.1999: 4 — 16.
- Leszczyńska D., Noworolnik K. 1999. Plon białka i energii netto ziarna mieszanki zbożowej (jęczmień, owies, pszenica) w zależności od kilku czynników agrotechnicznych. Materiały z konferencji „Przyrodnicze i produkcyjne aspekty uprawy roślin w mieszankach”. Poznań, 2–3.12.1999: 62 — 66.
- Michalski T., Osiecka B., Kowalik J. 2000. Wpływ ochrony roślin na plony i wartość paszową jęczmienia i owsa oraz ich mieszanek. Roczn. AR Poznań CCCXXV, Rol. 58: 75 — 82.
- Nita Z. 1999. Stan aktualny i nowe kierunki hodowli owsa w Polsce. Żywność, nauka, technologia, jakość. Supl., PTTŻ Kraków, 1: 186 — 192.
- Petkov K., Piech M., Łukaszewski Z., Kowieska A. 1999. Porównanie składu chemicznego i wartości pokarmowej owsa nieoplewionego i oplewionego. Żywność, nauka, technologia, jakość. Supl., PTTŻ Kraków, 1: 253 — 259.
- Piech M., Nita Z., Maciorowski R. 1999 b. Porównanie plonowania dwóch odmian owsa nieoplewionego z oplewionym przy dwóch poziomach nawożenia azotem. Żywność, nauka, technologia, jakość. Supl., PTTŻ Kraków, 1: 137 — 141.
- Piech M., Nita Z., Stankowski S. 1999 a. Porównanie plonowania mieszanek jęczmienia z owsem nieoplewionym i oplewionym. Żywność, nauka, technologia, jakość. Supl., PTTŻ Kraków, 1: 131 — 136.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1999. Efekty uprawy mieszanek zbożowych z udziałem owsa nieoplewionego. Materiały z konferencji „Przyrodnicze i produkcyjne aspekty uprawy roślin w mieszankach”. Poznań, 2–3.12.1999: 102 — 103.
- Szempliński W. 2003. Plonowanie nagich i oplewionych form owsa i jęczmienia jarego w siewie czystym i mieszanym. Biul. IHAR 229, 147 — 156.
- Wróbel E., Budzyński W., Dubis B. 1999. Rolnicza, energetyczna i ekonomiczna efektywność uprawy owsa i jęczmienia jarego na glebie lekkiej. Żywność, nauka, technologia, jakość. Supl., PTTŻ Kraków, 1: 166 — 172.

HENRYK J. CZEMBOR

JERZY H. CZEMBOR

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w Polsce w roku 2001

Pathogenicity of barley powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in Poland in 2001

Zastosowanie metody polegającej na zebraniu w 12 miejscowościach na terenie Polski porażonych mączniakiem próbek liści podatnej odmiany Manchurian pozwoliło na określenie struktury populacji grzyba *B. graminis* f. sp. *hordei* w roku 2001. Zestaw 32 odmian różnicujących posłużył do określenia wirulencji izolatów jednozarodnikowych, które izolowano z próbek liści z każdej miejscowości. Wirulencje *Vg* + *CP* (93,2%), *Va7* + *Ab* (100%), *Vh* (98,6%), *V(La)* (100%), *V(Ru2)* (100%) i *Vra* (100%) charakteryzowały się najwyższą frekwencją występowania. Niską frekwencję występowania wykazały wirulencje *Va1* + ? (24,3%), *V(St1)* + *St2* (27,2%), *Va9* + *k* (28,3%) i *Va3* + (*Tu2*) (10,1%). Wirulencjami, które występowały z frekwencją 30%–50% były *Va7* + *k* + ? (38,4%), *Va3* (42,1%), *Va9* (39,1%), *Vat* (45,4%), *Va3* (42,1%) i *Va22* (49,1%). Geny wirulencji *Va23*, *Vp* i *Vo5* nie występowały w żadnej z badanych miejscowości. Populacje *B. graminis* f. sp. *hordei* z krajów sąsiednich wykazały duże oddziaływanie na frekwencje występowania niektórych wirulencji w Polsce np. *V(Bo)* i *V(La)*. Zaobserwowano występowanie takich wirulencji mączniaka, w stosunku do których odmiany uprawiane w 2001 roku na terenie Polski nie posiadały korespondujących genów odporności. Należały tu takie wirulencje jak: *Va1*, *Va3*, *V(St1)* + *St2* i *Va3* + *Tu2*.

Słowa kluczowe: analiza wirulencji, *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, jęczmień, patogeniczność

Investigation of pathogenicity of barley powdery mildew population (*B. graminis* f. sp. *hordei*) in Poland in 2001 was conducted using leaf samples of susceptible cultivar Manchurian infected by powdery mildew collected in 12 locations. Twenty single — spore isolates were obtained from leaf sample in each location. Based on their resistance reaction on 32 differential cultivars virulence of each specific single — spore isolates was determined. Virulences *Vg* + *CP* (93.2%), *Va7* + *Ab* (100%), *Vh* (98.6%), *V(La)* (100%), *V(Ru2)* (100%), *Vra* (100%) were present in Poland in 2001 with frequency more than 90%. Low frequency showed virulences such as: *Va1* + ? (24.3%), *V(St1)* + *St2* (27.2%), *Va9* + *k* (28.3%) and *Va3* + (*Tu2*) (10.1%). Virulences which were present with frequency 30%–50% were: *Va7* + *k* + ? (38.4%), *Va3* (42.1%), *Va9* (39.1%), *Vat* (45.4%), *Va3* (42.1%) and *Va22* (49.1%). Virulences *Va23*, *Vp* and *Vo5* were not present at any of the tested locations. The strong influence of population of *B. graminis* f. sp. *hordei* from neighboring countries was observed on *V(Bo)* and *V(La)* frequencies. Virulences *Va1*, *Va3*, *V(St1)* + *St2* and *Va3* + *Tu2* were present in population of barley

powdery mildew in Poland in spite that their corresponding resistances have not been used in cultivars grown in Poland in 2001.

Key words: barley, *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, pathogenicity, virulence analysis

WSTĘP

Mączniak prawdziwy jęczmienia powodowany przez grzyb *Blumeria graminis* (DC.) E. O. Speer f. sp. *hordei* jest jedną z najgroźniejszych chorób jęczmienia. Występuje powszechnie w wielu rejonach uprawy jęczmienia takich jak Europa, USA, Japonia i Australia. W Europie średnie straty powodowane przez tą chorobę wynoszą ok. 10% (Zwatz, 1987; Schally i in., 1995; Czembor i Czembor, 1998). Znaczenie ekonomiczne tej choroby polega nie tylko na obniżeniu plonów, ale również w pogorszeniu jego jakości. Występowanie tej choroby powoduje zmniejszenie masy tysiąca ziarn i zwiększenie w nich zawartości białka, co istotnie pogarsza jakość ziarna jęczmienia przeznaczonego na cele browarne (Balkema-Boomstra i Masterbroek, 1995; Czembor i Czembor, 2001).

W uprawie jęczmienia występowanie mączniaka jest ograniczane metodą ochrony integrowanej. Metoda ta stanowi kombinację ochrony chemicznej (zastosowanie fungicydów) oraz ochrony genetycznej (uprawa odmian odpornych) (Czembor, 1983; Gacek i Czembor, 1983, 1984; Czembor i Gacek, 1987, 1995; Gacek, 1998; Nieróbca i in., 2003). Metoda ochrony genetycznej opiera się na wynikach hodowli odpornościowej i polega na właściwym doborze źródeł odporności na mączniaka w zależności od struktury genetycznej populacji mączniaka jęczmienia w Polsce. Struktura i dynamika zmian frekwencji genów patogeniczności była określana w Polsce od końca lat 50-tych ubiegłego wieku (Ralski i Mikołajewicz, 1958, 1969, Czembor, 1976, 1981, Czembor i Kudła, 1984, Gacek, 1983, 1987, 1990, Gacek i Czembor, 1993; Czembor i Czembor, 2004a, 2004b; Gacek, i in., 2004). Początkowo, przez pierwsze kilkadziesiąt lat chrobotwórczość *B. graminis* f. sp. *hordei* badano w Polsce sposób jakościowy poprzez identyfikację ras fizjologicznych w oparciu o metodykę opracowaną w latach trzydziestych ubiegłego wieku (Mains i Dietz, 1930; Honecker, 1934). Od początku lat 90-tych ubiegłego wieku wprowadzono do badań chorobotwórczości *B. graminis* f. sp. *hordei* tzw. ilościową metodę analiz wirulencji. W metodzie tej frekwencje poszczególnych wirulencji są określane na podstawie kolonii mączniaka (typ infekcji 3–4) na pierwszym liściu siewek odmian z różnymi genami odporności w stosunku do podatnej odmiany kontrolnej (Gacek, 1990; Gacek i Czembor, 1995; Hovmoller i in., 2000).

Celem przedstawionej pracy było określenie frekwencji wirulencji występujących w populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* na terenie Polski w roku 2001.

MATERIAŁ I METODY

Frekwencję wirulencji *B. graminis* f. sp. *hordei* w Polsce w roku 2001 określano wykorzystując próbki liści odmiany podatnej Manchurian wysianej w 12 miejscowościach na poletkach 10 m² w izolacji przestrzennej ok. 500 m od innych plantacji jęczmienia (rys. 1).



Rys. 1. Polska — miejscowości zbioru próbek mączniaka prawdziwego na jęczmieniu
Fig. 1. Poland — locations of barley powdery mildew sampling

Z próbek liści pobranych w każdej miejscowości izolowano 20 kultur jednozarodnikowych. Wirulencję poszczególnych izolatów jednozarodnikowych określano na podstawie reakcji odpornościowej na zestawie 32 odmian różnicujących (tab. 1). Typ infekcji 4 (Mains i Dietz, 1930) stanowi granicę między wirulencją i awirulencją niezależnie od nasilenia infekcji i intensywności zarodnikowania. Frekwencje poszczególnych wirulencji były określane na podstawie kolonii mączniaka (typ infekcji 3–4) na pierwszym liściu siewek zestawu różnicującego w stosunku do podatnej odmiany kontrolnej Manchurian.

Doświadczenia infekcyjne prowadzono w warunkach szklarniowych w temperaturze 16°C–20°C i przy użyciu sztucznego doświetlania w cyklu dobowym — 16 h — dzień i 8 h — noc. Komory foliowe zostały zastosowane do zapewnienia izolacji i odpowiednich warunków wilgotnościowych dla rozwoju patogena. Zakażenia dokonywano przez strząsanie zarodników konidialnych z siewek odmiany podatnej. Ocena objawów porażenia była przeprowadzona 8–10 dni od chwili zakażenia.

Tabela 1

Charakterystyka odporności odmian testowych na mączniaka
Characteristics of resistance of the test cultivars for powdery mildew

Lp. No.	Odmiana Cultivar	Odporność Resistance	Kod Code	Geny odporności Resistance gene(s)	Wirulencja Virulence	Pochodzenie Origin
1	P1	Algerian	Al	Mla1	Va1	Algerian
2	P2	Ricardo	Ri	Mla3	Va3	Ricardo
3	P3	Spontaneum	Sp	Mla6, Mla14	Va6	Franger
4	P4A	Lyallpur, Kwan	Ly, Kw	Mla7, Mlk, +?	Va7 + k	Heine 4808
5	P4B	Lyallpur, ...	Ly, ...	Mla7, +?	Va7, +?	Heine 4808
6	P6	Lyallpur, Long Glumes	Ly, LG	Mla7, MlLG2	Va7	Multan
7	P7	Monte Cristo, Kwan	MC, Kw	Mla9, Mlk	Va9 + k	Monte Cristo
8	P8A	Monte Cristo, Kwan	MC, Kw	Mla9, Mlk	Va9 + k	Triple Awn Lemma
9	P8B	Monte Cristo	MC	Mla9	Va9	Triple Awn Lemma
10	P9	Durani	Du	Mla10, MlDu2	Va10 + DU2	Durani
11	P10	Arabische	Ar	Mla12	Va12	Arabische
12	P11	Rupee	Ru	Mla13, MlRu3	Va13	Rupee
13	P12			Mla22	Va22	Hor 1657
14	P13			Mla23	Va23	Hor 1657
15	P14	Ragusa	Ra	Mlra	Vra	Weihenstephan 41/154
16	P15	Rupee		Ml(Ru2)	V(Ru2)	Rupee
17	P17	Kwan	Kw	Mlk	Vk	Monte Cristo
18	P18			Mlnn	Vnn	Nigrinudum
19	P19			Mlp	Vp	Psaknon
20	P20			Mlat	Vat	Coast, Atlas
21	P21	Weihenstephan	We	Mlg, Ml(CP)	Vg	Weihenstephan MR II
22	P22	Mlo	Mlo	mlo5	Vo	Mut. in Carlsberg II
23	P23	Laevigatum	La	Ml(La)	V(La)	H. Laevigatum
24	P24	Hauters	Ha	Mlh	Vh	Hanna
25	Benedicte	Monte Cristo, Ingrid M9	MC, IM9	Mla9, Ml(IM9)	Va9 + IM9	Monte Cristo, Ingrid M9
26	Lenka	Rupee, Abyssinian	Ru, Ab	Mla13, Ml(Ab)	Va13 + Ab	
27	Gunnar	Ricardo, Turkish	Ri, Tu2	Mla3, Ml(Tu2)	Va3 + Tu2	
28	Steffi		St	Ml(St1), Ml(St2)	V(St1) + St2	Steffi
29	Kredit		Kr	Ml(Kr)	V(Kr)	Kredit
30	Jarek		Kr, ...	Ml(Kr), +?	V(Kr) +?	
31	Trumph	Lyallpur, Abyssinian	Ly, Ab	Mla7, Ml(Ab)	Va7 + Ab	
32	Borwina			Ml(Bw)	V(Bw)	Borwina
33	Manchuria					

WYNIKI

W roku 2001 w Polsce z ponad 90% frekwencją występowały wirulencje *Vg* + *CP* (93,2%), *Va7* + *Ab* (100%), *Vh* (98,6%), *V(La)* (100%), *V(Ru2)* (100%), *Vra* (100%) (tab. 2). Wirulencje, które występowały z frekwencją w przedziale 70%–90% to: *Va6* + *a14* (77,8%), *Va12* (88,2%), *Va7* + ? (82,5%), *Va7* + (*LG2*) (71,1%), *Va13* + *Ru3* (76,6%), *Va13* + *Ab* (72,1%), *Va9* + *IM9* (83,2%). W przedziale frekwencji 50%–70% występowały wirulencje *Va10* + *Du2*, *Vk* (62,4%), *Vnn* (50,5%), *V(Kr)* (77,5%), *V(Kr)* + ? (69,6%), *V(Bo)* (67,1%). Wirulencjami, które występowały z najniższymi frekwencjami (do 50%) były *Va1* + ? (24,3%), *V(St1)* + *St2* (27,2%), *Vat* (45,4%), *Va9* + *k* (28,3%), *Va9* (39,1%), *Va3* + (*Tu2*) (10,1%); *Va3* (42,1%), *Va22* (49,1%), *Va7* + *k* + ? (38,4%) i *Vp* (0,5%). Nie stwierdzono występowania genów wirulencji *Va23*, *Vp* i *Vo5*.

Wirulencje *Va8*, *Vra*, *V(La)*, *Vh*, *V(Ru2)*, *Vg* + *CP*, *Va7* + *Ab*, *Va9* + *V(IM9)*, *Va12* wykazywały najniższe zróżnicowanie we frekwencji (współczynnik zmienności *Cv* do 20%). Wirulencje *Va1* + *?*, *Va3*, *Va7* + *k* + *?*, *Vnn*, *Vat*, *V(St1)* + *St2* i *Va3* + *Tu* charakteryzowały się najwyższym zróżnicowaniem we frekwencji wirulencji (współczynnik zmienności *Cv* powyżej 50%). Korespondującymi wirulencjami w stosunku do genów odporności w uprawianych odmianach jęczmienia w roku 2001 były *Vg*, *Va7*, *Vo*, *V(La)*, *Va12*, *Va9*, *Va6* i *V(Bw)* (rys. 2). Wszystkie te wirulencje, z wyjątkiem *Vo*, występowały z dużą frekwencją, zwłaszcza wirulencje *Vg*, *V(Bo)* i *V(La)*.

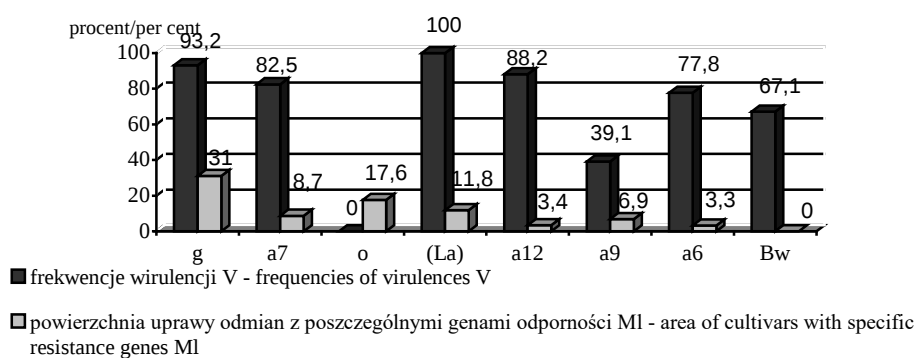
Tabela 2

Frekwencje wirulencji w poszczególnych miejscowościach
Virulence frequencies in specific locations

Miejscowość Locations	Liczba bada- nych izola- tów Number of tested isolates	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
		<i>Va8</i>	<i>Va1</i>	<i>Va3</i>	<i>Va6</i> , <i>Va14</i>	<i>Va7</i> , <i>Vk</i>	<i>Va7</i>	<i>Va7</i> , <i>V(LG2)</i>	<i>Va9</i> , <i>Vk</i>	<i>Va9</i> , <i>Vk</i>	<i>Va9</i>	<i>Va10</i> , <i>V(Du2)</i>	<i>Va12</i>	<i>Va13</i> , <i>V(Ru3)</i>	<i>Va22</i>	<i>Va23</i>	<i>Vra</i>	<i>V(Ru2)</i>
Bartążek	20	100	5	90	100	100	50	35	30	30	50	10	100	50	90	0	100	100
Strzelce	20	100	35	30	80	0	75	70	30	30	50	35	100	35	80	0	100	100
Przebó- dowo	18	100	0	39	89	17	95	100	56	56	67	95	100	100	22	0	100	100
Kończe- wice	20	100	25	35	75	25	100	85	35	35	35	85	95	85	30	0	100	100
Małyszyn	20	100	0	55	100	0	60	25	15	15	15	20	95	50	90	0	100	100
Bonin	20	100	25	30	90	5	95	85	20	20	20	95	100	75	5	0	100	100
Oleśnica Mała	20	100	15	0	40	65	70	60	20	20	20	80	70	70	45	0	100	100
Zamarte	20	100	30	35	70	75	75	65	35	40	40	85	85	75	25	0	100	100
Grodko- wice	20	100	25	25	65	45	100	80	10	10	30	50	85	100	55	0	100	100
Borawo	20	100	25	65	55	70	75	55	25	20	45	80	90	80	25	0	100	100
Radzi- ków	20	100	15	80	85	55	70	55	15	15	20	75	60	70	45	0	100	100
Jadwisin	20	100	40	10	40	80	100	100	35	35	45	70	55	65	30	0	100	100
Smolice	20	100	65	10	100	0	100	95	25	25	55	60	100	100	50	0	100	100
Baków	20	100	35	85	100	0	90	85	45	45	55	20	100	90	95	0	100	100
Srednia (Mean)		100,0	24,3	42,1	77,8	38,4	82,5	71,1	28,3	28,3	39,1	61,4	88,2	74,6	49,1	0,0	100,0	100,0
<i>Cv</i> (%)		0,0	71,3	68,5	27,4	93,1	20,2	32,7	44,0	44,0	41,1	47,8	17,7	26,9	59,4	0,0	0,0	0,0

c.d. Tabela 2

Miejscowość Locations	Liczba badanych izolatów Number of tested isolates	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
		Vk	Vnn	Vp	Vat	Vg, V(CP)	Vo5	V(La)	Vh	Va9, V(IM9)	Va13, V(Ab)	Va3, V(Tu2)	V(St1), V(St2)	V(Kr)	V(Kr) +?	Va7, V(Ab)	V(Bo)
Bartążek	20	45	5	0	85	60	0	100	100	60	45	0	5	40	10	100	60
Strzelce	20	35	25	0	70	100	0	100	100	90	30	0	30	40	30	100	85
Przebędowo	18	83	72	0	11	100	0	100	100	100	100	6	11	95	100	100	84
Końcewice	20	75	35	0	65	100	0	100	100	95	75	0	55	90	90	100	95
Małyszyn	20	25	25	0	15	100	0	100	100	90	50	5	15	65	55	100	70
Bonin	20	80	30	0	5	100	0	100	100	100	70	30	20	70	40	100	80
Oleśnica Mała	20	55	75	0	55	100	0	100	100	70	70	15	5	75	100	100	70
Zamarte	20	70	80	0	20	100	0	100	100	80	75	25	15	80	95	100	60
Grodzice	20	55	80	0	55	85	0	100	90	65	95	0	30	100	90	100	30
Borawo	20	80	75	0	30	100	0	100	90	90	80	0	0	90	100	100	40
Radzików	20	70	90	0	80	70	0	100	100	55	65	0	15	75	100	100	20
Jadwisin	20	80	75	0	60	100	0	100	100	75	65	0	35	75	100	100	45
Smolice	20	60	10	0	20	95	0	100	100	100	100	25	80	100	25	100	100
Bąków	20	60	30	0	65	95	0	100	100	95	90	35	65	90	40	100	100
Średnia (Mean)		62,4	50,5	0,0	45,4	93,2	0,0	100,0	98,6	83,2	72,1	10,1	27,2	77,5	69,6	100,0	67,1
Cv (%)		28,9	59,3	0,0	60,4	13,7	0,0	0,0	3,7	18,8	28,7	130,9	88,5	24,9	49,1	0,0	38,4



Rys. 2. Procent powierzchni upraw odmian jęczmienia z poszczególnymi genami odporności Ml oraz frekwencja korespondujących wirulencji V *B. graminis* f. sp. *hordei* w 2001 roku

Fig. 2. Per cent of barley cultivars area with specific resistance genes Ml and frequency of the corresponding virulences V of *B. graminis* f. sp. *hordei* in 2001

DYSKUSJA

Dla właściwego doboru źródeł odporności w hodowli nowych odmian jęczmienia odpornych na mączniaka potrzebna jest wiedza o strukturze frekwencji genów wirulencji w populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* (Jørgensen, 1992, 1994; Czembor, 2002, 2004 a, 2004 b). W roku 2001 korespondującymi wirulencjami w stosunku do genów odporności w uprawianych odmianach jęczmienia były *Vg*, *Va7*, *Vo*, *V(La)*, *Va12*, *Va9*, *Va6* i *V(Bo)*. Odmiany z odpornością Weihenstephan — We (geny odporności *Mlg* + *CP*) były uprawiane podobnie jak w latach poprzednich, na największej powierzchni (31%). Działo się tak pomimo niskiej efektywności tej odporności ze względu na wysoki poziom frekwencji korespondującej wirulencji *Vg*. Odporność We wykorzystywana jest w hodowli nowych odmian już od lat 40-tych, a wynikiem tego jest występowanie frekwencji *Vg* na stałym i wysokim poziomie już w latach 80-tych (Gacek, 1990; Fischbeck, 2003).

Wyniki uzyskane w roku 2001 potwierdziły, że wirulencje *Va6* i *Va7*, podobnie jak *Vg*, mają utrwaloną wysoką frekwencję w populacjach *B. graminis* f. sp. *hordei* w Polsce (Gacek, 1990). Pomimo niskiej efektywności odporności korespondujących do *Va6* i *Va7*, w roku 2001 w Polsce były wciąż uprawiane odmiany z tymi opornościami. Innymi wirulencjami korespondującymi do genów odporności występujących w uprawianych odmianach jęczmienia w roku 2001 były *V(La)*, *Vo*, *Va12*, *Va9*, *Va6* i *V(Bw)*. Wszystkie te wirulencje, z wyjątkiem *Vo*, występowały z dużą frekwencją, pomimo że powierzchnia uprawy odmian z korespondującymi genami odporności była niewielka. Wykazany brak ścisłej zależności między tymi frekwencjami, a powierzchnią uprawy na terenie Polski odmian z korespondującymi genami odporności wskazuje na oddziaływanie populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* z krajów sąsiednich. Czynnikiem sprzyjającym dużemu oddziaływaniu populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* z krajów sąsiednich takich jak Niemcy, Czechy i Dania jest duży udział uprawy jęczmienia ozimego w tych krajach oraz wcześniej rozpoczynający się okres wegetacji (Limpert i Fischbeck, 1987; Gacek, 1990; Limpert i in., 1990, 1999).

Uzyskany obraz frekwencji wirulencji *B. graminis* f. sp. *hordei* w Polsce potwierdził, że wirulencje *Va7* + *Ab*, *V(Ru2)*, *V(Bw)*, *Vra*, *Vh* i *V(Kr)* + ? występują w Polsce z dużą frekwencją, pomimo braku w uprawie odmian z korespondującymi odpornościami. Wirulencje *Vra* i *Vh* występujące z częstością bliską 100% w populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* w Polsce w 2001 korespondują z odpornościami Ragusa (*Ra*) i Hauters (*Ha*), które były wykorzystywane w hodowli jęczmienia ozimego już od drugiej połowy lat 40-tych (Fischbeck, 2003). Dlatego wirulencje *Vra* i *Vh* mają utrwaloną wysoką frekwencję w populacjach *B. graminis* f. sp. *hordei* w Europie i w Polsce (Gacek, 1987, 1990; Limpert i in., 1990, 1999).

W przeprowadzonych badaniach nie zaobserwowano występowania korespondujących genów wirulencji w populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* w Polsce w 2001 roku w stosunku do genów *Mla23*, *Mlo* i *Mlp*. Biorąc to pod uwagę można stwierdzić, że należą one do najbardziej efektywnych genów odporności na terenie Polski. Należy zwrócić uwagę na fakt ciągłego braku wirulencji korespondującej do odporności *Mlo*, pomimo że odmian z tą odpornością były uprawiane w Polsce w roku 2001 na poziomie około 17,6%. Dzieje się

tak, ponieważ nie zaobserwowano występowania Europy wirulencji Vo, a jedynie opisano izolaty patogena z podwyższoną agresywnością w odniesieniu do tej odporności (Czembor i Czembor, 2003). Wirulencje V(*St1*) + *St2*, *Va1* i *Va3*+ *Tu2* występowały z niską frekwencją. Wirulencje te występowały w populacji mączniaka, pomimo że w roku 2001 nie uprawiano w Polsce odmian z korespondującymi genami odporności. Obecność tych wirulencji można tłumaczyć szeroką uprawą odmian z tymi genami w wielu krajach Europy, głównie w Niemczech (Gacek, 1990; Hovmöller i in., 2000; Fischbeck, 2003).

WNIOSKI

1. Metoda ilościowego badania chorobotwórczości populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* umożliwiła określenie frekwencji najważniejszych wirulencji tego patogena w Polsce w roku 2001.
2. W roku 2001, populacje *B. graminis* f. sp. *hordei* występujące w krajach sąsiednich, a zwłaszcza w Niemczech, wykazały silnie oddziaływanie chorobotwórcze na plantacje jęczmienia w Polsce.
3. Zaobserwowano występowanie wirulencji, dla których korespondujące odporności nie były użyte w odmianach uprawianych w Polsce w roku 2001.
4. Nie zaobserwowano korespondujących wirulencji w stosunku do genów odporności *Mlo*, *Mla23* i *Mlp* w Polsce w roku 2001.

LITERATURA

- Balkema-Boomstra A. G., Masterbroek H. D. 1995. Effect of powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) on photosynthesis and grain yield of partial resistant genotypes of spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Breed.* 114: 126 — 130.
- Czembor H. J. 1976. Źródła odporności na mączniaka jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Hod. Rośl. Aklim.* 20.5: 467 — 490.
- Czembor H. J. 1981. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) występujące w latach 1975—1979. *Hod. Rośl. Aklim.* 25, 5/6: 215 — 226.
- Czembor H. J. 1983. Hodowla jęczmienia odpornego na choroby — stan badań i program. *Biul. IHAR* 150: 4 — 10.
- Czembor H. J. 2004 a. Odporność krajowych odmian jęczmienia jarego na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). *Biul. IHAR* 230: 327 — 334.
- Czembor H. J. 2004 b. Odporność krajowych odmian jęczmienia ozimego na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). *Biul. IHAR* 231: 331 — 337.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2001. Resistance to powdery mildew in barley cultivars and breeding lines included in 1998-2000 Polish registration trials. *Plant Breed. Seed Sci.* 45 (1): 19 — 28.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2004 a. Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w Polsce w roku 1999. *Biul. IHAR* 231: 377 — 386.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2004 b. Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w Polsce w roku 2000. *Biul. IHAR* 233: 107 — 115.
- Czembor J. H. 2002. Resistance to powdery mildew in selections from Moroccan barley landraces. *Euphytica* 125 (3): 397 — 409.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003. Odporność *Mlo* jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). *Cz. III. Trwałość odporności. Biul. IHAR* 230: 375 — 386.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 1998. Powdery mildew resistance in cultivars of spring barley from Polish Register. *Plant Breed. Seed Sci.* 42 (2): 87 — 99.

- Czembor H. J., Gacek E. 1987. Badania nad sposobami zwiększenia trwałości odporności genetycznej jęczmienia na mączniak i inne choroby. Biul. IHAR 163: 25 — 32.
- Czembor H. J., Gacek E. 1995. Systemy zwiększania trwałości odporności odmian na choroby w hodowli i uprawie zbóż. W: 2-gie Krajowe Sympozjum "Odporność Roślin na Choroby, Szkodniki i Niesprzyjające Czynniki Środowiska", 12–14 wrzesień: 39 — 48.
- Czembor H. J., Kudła M. M. 1984. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1980–1982. Hod. Rośl. Aklim. 28, 3/4: 219 — 230.
- Fischbeck G. 2003. Diversification through breeding. In: Diversity in barley (*Hordeum vulgare*), R. von Bothmer, Th. van Hintum, Knüpfer H., K. Sato (eds.), Elsevier Science B. V., Amsterdam, The Netherlands: 29 — 52.
- Gacek E. 1983. Analiza patogeniczności grzybów porażających jęczmień. Biul. IHAR 150: 11—19.
- Gacek E. 1987. Distribution of barley powdery mildew resistance and virulence in Poland in 1984–1986. In: Advances in Agricultural Biotechnology, M. S. Wolfe, E. Limpert (ed.), Martinus Nijhoff Publishers., Dordrecht, The Netherlands: 93 — 98.
- Gacek E. 1990. Studia nad sposobami wykorzystania odporności genetycznej jęczmienia w zwalczaniu mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Marchal.) Hod. Rośl. Aklim. 34 (5/6): 3 — 49.
- Gacek E. 1998. Strategie wykorzystania odporności genetycznej w zwalczaniu chorób roślin uprawnych. Postępy w Ochronie Roślin: 38 (1): 44 — 49.
- Gacek E., Czembor H. J. 1983. Problem wykorzystania genetycznej odporności w hodowli i uprawie zbóż, ze szczególnym uwzględnieniem jęczmienia. Biul. IHAR 151: 37 — 45.
- Gacek E., Czembor H. J. 1984. Prawidłowe wykorzystanie genetycznej odporności jęczmienia na choroby. Zesz. Probl. Post. Nauk Roln. 305: 163 — 170.
- Gacek E., Czembor H. J. 1993. Evolution of barley powdery mildew population in Poland. Polnohospodarstvo — Bratislava 39: 373 — 379.
- Gacek E., Czembor H. J. 1995. Metody badań chorobotwórczości patogenów obligatoryjnych zbóż. W: 2-gie Krajowe Sympozjum "Odporność Roślin na Choroby, Szkodniki i Niesprzyjające Czynniki Środowiska", 12–14 wrzesień: 169 — 179.
- Gacek E., Biliński Z. R., Czembor H. J., Czembor J. H. 2004. Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) w Polsce w latach 1993–1996. Biul. IHAR 231: 365 — 376.
- Honecker I. 1934. Über die Modifizierbarkeit des Befalles und als Auftreten verschiedener physiologischer Formen beim Melhtau der Gerste *Erysiphe graminis hordei* Marchal. Zeitschrift für Züchtung. A. Pflanzenzüchtung 19: 577 — 602.
- Hovmoller M. S., Caffier V., Jalli M., Andersen O., Besenhofer G., Czembor J. H., Dreiseitl A., Flath K., Fleck A., Heinrics F., Jönsson R., Limpert E., Mercer P., Plesnik S., Rashal I., Skinnies H., Slater S., Vronska O. 2000. The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery 1993–1999. Agronomie 20 (7): 729 — 744.
- Jørgensen J. H. 1992. Durability of the resistance in the pathosystem: barley powdery mildew. In: Proc. Durability of Disease Resistance. Wageningen, The Netherlands: 159 — 176.
- Mains F. B., Dietz S. M. 1930. Physiologie forms of barley mildew, *Erysiphe graminis hordei*, Marchal. Phytopathology 20: 229 — 299.
- Limpert E., Fischbeck G. 1987. Distribution of virulence and of fungicide resistance in the European barley mildew population. In: Integrated Control of Cereal Mildews: Monitoring the pathogen, M. S. Wolfe, E. Limpert (ed.), Martinus Nijhoff Publishers., Dordrecht, The Netherlands: 9 — 30.
- Limpert E., Andrivon D., Knittel R., Fischbeck G. 1990. Barley mildew in Europe — patterns of the composition of the pathogen population during the period 1985–1988. Second European Workshop, Integrated Control of Cereal Mildew: Virulence Patterns and Their Change, Roskilde, Denmark, 23–25 January 1990. Abstr.:1.
- Limpert E., Godet F., Muller K. 1999. Dispersal of cereal mildews across Europe. Agric. For. Meteorol. 97: 293 — 308.
- Nieróbca A., Horoszkiewicz-Janka J., Czembor J. H. 2003. Ochrona roślin — ważny element technologii uprawy zbóż w UE. Pamiętnik Puławski 132: 311 — 320.

- Ralski E., Mikołajewicz T. 1958. Z badań nad wrażliwością form jęczmienia na mączniaka właściwego. Hod. Rośl. Aklim. 2, 3: 313 — 332.
- Ralski E., Mikołajewicz T. 1969. Studia nad odpornością jęczmienia na mączniaka właściwego. Hod. Rośl. Aklim. 13, 5: 359 — 373.
- Schally H., Zedebrauer R., Zwatz B. 1995. Virulenzanalyse am Beispiel Sommergerste Mehltau in Österreich unter Nutzung die Kollektionssysteme Sporenfall und Pflanzendeposition. Pflanzenschutzberichte 55: 52 — 68.
- Zwatz B. 1987. Analyse der Resistenzfaktoren und Virulenzfaktoren im Wirt-Parasit-System Sommergerste-Sorten und Mehltau (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei*) in Österreich. Die Bodenkultur 38: 341 — 349.

EDYTA PACZOS-GRZĘDA**MARIA CHRZĄSTEK****DANUTA MIAZGA**

Instytut Genetyki i Hodowli Roślin, Akademia Rolnicza w Lublinie

Badania genetyczno-hodowlane mieszańców heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena byzantina* Koch.

Genetic and breeding studies of hexaploid hybrids *Avena sativa* L. × *Avena byzantina* Koch.

Celem pracy były badania genetyczno-hodowlane nad mieszańcami heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena byzantina* Koch. Do określenia mieszańcowego charakteru analizowanych kombinacji wykorzystano metodę RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Z uwagi na duże podobieństwo genetyczne pomiędzy *A. sativa* i *A. byzantina* nie zidentyfikowano fragmentów DNA, które mogłyby potwierdzić mieszańcowy charakter analizowanych kombinacji. Stabilność cytogenetyczną mieszańców szacowano w oparciu o zachowanie się chromosomów w metafazie I, anafazie I oraz późnej telofazie II, a także na podstawie żywotności i wymiarów ziaren pyłku. Uzyskano wyniki świadczące o dobrej stabilności testowanych materiałów. Mieszańce były porównywane do form rodzicielskich pod względem niektórych cech ilościowych. Kombinacja Santor × *A. byzantina* przewyższała istotnie formy rodzicielskie pod względem średniej wysokości roślin i długości wiechy. Masa 1000 ziarniaków była wyższa u mieszańców niż u form wyjściowych. Ziarniaki mieszańcowe zawierały więcej białka ogółem w porównaniu z formą mateczną.

Słowa kluczowe: *Avena byzantina* Koch., *Avena sativa* L., mieszańce, mejoza, RAPD

The aim of the presented paper was genetic and breeding studies of F₂ hexaploid hybrids *Avena sativa* L. × *Avena byzantina* Koch. RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) method was used to confirm hybrid character of the analyzed cross combinations. Close similarity of *A. sativa* and *A. byzantina* was probably the reason of lack of DNA fragments, which could confirm hybrid pedigree of the analyzed forms. Behaviour of chromosomes in metaphase I, anaphase I and late telophase II of meiosis, viability and size of pollen grains were analyzed in order to estimate cytogenetic stability of the hybrids. The obtained results testify to good cytogenetic stability of the analyzed genotypes. The hybrids were compared to their parental forms regarding some quantitative traits. The plants of combination Santor × *A. byzantina* were significantly taller than the initial forms and had longer panicles. The weight of 1000 kernels of hybrids was higher than that of the initial forms. Kernels of the hybrids Santor × *A. byzantina* contained significantly more protein than the maternal variety.

Key words: *Avena byzantina* Koch., *Avena sativa* L., hybrids, meiosis, RAPD

WSTĘP

Wśród gatunków uprawnych owsa największe znaczenie ekonomiczne mają formy heksaploidalne: *Avena sativa* L. (owies zwyczajny) oraz *Avena byzantina* C. Koch. (owies bizantyjski). Na podstawie strukturalnego podobieństwa chromosomów oraz ich koniugacji w mieszańcach, skład genomowy wszystkich heksaploidów został opisany przez Rajhathego i Morrisona (1959) jako AACCCDD. Istnieje wiele kontrowersji odnośnie odrębności gatunków wśród heksaploidów. Ladizinsky i Zohary (1971) sugerują, że wszystkie heksaploidy należą do jednego gatunku *A. sativa*, natomiast według Rajhathego (1991) należy wyodrębnić cztery gatunki heksaploidalne, a mianowicie: *A. sativa*, *A. byzantina*, *A. fatua* i *A. sterilis*. Baum (1977), a następnie Leggett (1992) i Zeller (1998), wyróżniają siedem heksaploidów: *A. atheranta*, *A. fatua*, *A. hybrida*, *A. occidentalis*, *A. sativa*, *A. sterilis* oraz *A. trichophylla*. Z uwagi na duże podobieństwo morfologiczne do *A. sativa* autorzy nie wyodrębniają gatunku *A. byzantina*. Stosując markery morfologiczne, cytologiczne, izoenzymatyczne, a także molekularne Phillips i Murphy (1993), Zhou i wsp. (1999) oraz Jellen i Beard (2000) stwierdzili, że *A. sativa* i *A. byzantina* stanowią dwa różne ekotypy lub odmiany botaniczne, ale nie odrębne gatunki. Niemniej jednak genotypy określane nadal jako *A. byzantina* są często wykorzystywane w programach mających na celu wyprowadzenie materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian owsa zwyczajnego. U *A. byzantina* zidentyfikowano wiele interesujących genów, m.in. warunkujących odporność na rdzę koronową, skrzypionki zbożowe oraz niewrażliwość na długość dnia (Frey, 1986; Wight i in., 1994).

Celem pracy było potwierdzenie mieszańcowego charakteru kombinacji *Avena sativa* L. × *Avena byzantina* Koch przy pomocy metody RAPD oraz określenie stabilności cytogenetycznej mieszańców i ich ocena pod względem niektórych cech ilościowych.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem pracy były uzyskane w Instytucie Genetyki i Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Lublinie mieszańce F₂ heksaploidalnego owsa:

- *Avena sativa* L. cv. Farys × *Avena byzantina* Koch.
- *Avena sativa* L. cv. Góral × *Avena byzantina* Koch.
- *Avena sativa* L. cv. Santor × *Avena byzantina* Koch.

oraz formy rodzicielskie: trzy polskie odmiany *A. sativa* L. i genotyp 50468 *A. byzantina* sprowadzony z Banku Genów IHAR w Radzikowie. Krzyżowanie roślin przeprowadzono w warunkach szklarniowych. Z kłosek w wiechach roślin matecznych, na kilka dni przed kwitnieniem, usuwano wszystkie kwiaty, pozostawiając jedynie pierwszy, z którego następnie wrywano pylniki. Tak przygotowane wiechy izolowano. Po około trzech dniach na dojrzałe znamiona nanoszono świeży pyłek z kwitnących roślin *A. byzantina*. W roku następnym ziarniaki mieszańcowe F₁ wysadzono w wazonach w hali wegetacyjnej AR w Lublinie. Jednocześnie dokonano rozmnożenia form rodzicielskich. Rośliny zebrano w fazie dojrzałości pełnej. W kolejnym roku na poletkach doświadczalnych Gospodarstwa Doświadczalnego Akademii Rolniczej w Czesławicach

wysiano mieszańce F_2 i formy wyjściowe. Doświadczenie polowe założono metodą bloków losowanych, w trzech powtórzeniach.

W trakcie wegetacji roślin młode wiechy do analizy mejozy oraz dojrzałe pylniki do oceny żywotności pyłku pobierano i utrwalano w roztworze Carnoya. Preparaty rozmazowe wykonywano w 2% acetokarminie. W około 100 komórkach macierzystych pyłku (KMP) każdej formy analizowano konfiguracje chromosomów w metafazie I oraz częstotliwość chromosomów opóźnionych i mostów chromatydowych w anafazie I. Frekwencję mikrojąder określono obserwując ok. 2500 tetrad u każdej z badanych form, zaś żywotność pyłku oceniano na podstawie stopnia wypełnienia cytoplazmą ok. 3000 ziarn pyłku każdej formy. Ziarna, w których cytoplazma stanowiła od 75 do 100% objętości klasyfikowano jako pyłek żywotny. Średnie wymiary pyłku ustalono mierząc długość i szerokość 50 ziaren z każdej formy.

Po zbiorze przeprowadzono ocenę laboratoryjną 30 losowo wybranych pojedynków z każdej formy rodzicielskiej oraz po 60 mieszańców. Ponieważ doświadczenie założono w trzech powtórzeniach z jednego poletka pobierano po 10 pojedynków form rodzicielskich lub po 20 mieszańców. Analizowano wysokość roślin, liczbę pędów produkcyjnych, długość wiechy, liczbę kłosków w wieszce, liczbę i masę ziarniaków z wiechy, płodność kłoska (liczba ziarniaków przypadających na jeden kłosek w wieszce) oraz MTZ (masa ziarniaków z wiechy / liczba ziarniaków z wiechy $\times$ 1000). Zawartość białka w ziarniakach oznaczono metodą Kjeldahla stosując przelicznik 5,7.

Ekstrakcję DNA przeprowadzono metodą Milligana (1992) dla każdego genotypu z pięciu koleoptyli kilkudniowych siewek. Amplifikację markerów RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) przeprowadzono zmodyfikowaną metodą Williamsa i wsp. (1990) (Paczos-Grzęda, 2003 a). Reakcje wykonywano w dwóch powtórzeniach dla każdej analizowanej formy, jednocześnie prowadząc reakcję kontrolną bez matrycy DNA. Uzyskane produkty rozdzielano na 1,5% żelu agarozowym z 0,01% EtBr w buforze TBE (89 mM Tris-borate, 2.5 mM EDTA) przez 2 h przy napięciu 100V. Rozdzielone fragmenty DNA stawały się widoczne po podświetleniu żelu na transiluminatorze UV. W celu dokumentacji wyników uzyskany obraz fotografowano na filmach Polaroid. Zdjęcia skanowano i analizowano.

Do analizy statystycznej otrzymanych wyników wykorzystano program opracowany przez Ośrodek Informatyki AR w Lublinie. Zastosowano test F-Snedecora, a istotności różnic pomiędzy obiektami stwierdzono przy pomocy wielokrotnych przedziałów ufności Tukeya.

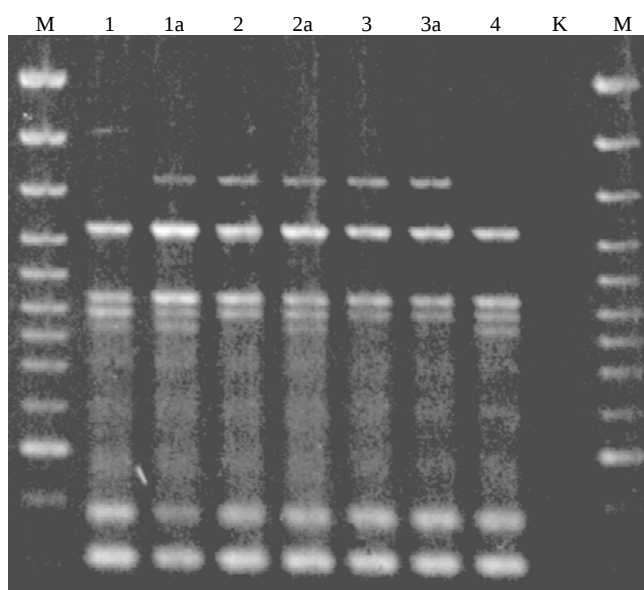
WYNIKI I DYSKUSJA

Według Souza i Sorrells (1991) *A. byzantina* może stanowić łatwo dostępne dla hodowców źródło zmienności. Dystans genetyczny pomiędzy odmianami owsa oceniony przez wyżej wymienionych autorów na podstawie cech ilościowych wskazuje, że pula genów odmian *A. byzantina* jest bardziej zróżnicowana niż pula genów odmian *A. sativa*. W programach hodowlanych *A. byzantina* wykorzystywany jest przede wszystkim jako dawca genów odporności na niektóre choroby. Gatunek ten stanowił również źródło genów

niewrażliwości na długość dnia w hodowli kanadyjskich odmian: Donald, Newman i AC Lotta (Wight i in., 1994).

W trakcie selekcji korzystnych genotypów z populacji mieszańców nieodzowne jest testowanie roślin pod względem stabilności cytogenetycznej, a zastosowanie technik molekularnej analizy DNA umożliwia skrócenie procesu hodowlanego pod warunkiem wcześniejszej identyfikacji stabilnych markerów, silnie sprzężonych z pożądanym genem lub genami.

U badanych w pracy mieszańców *A. sativa* × *A. byzantina* dla 80 testowanych starterów RAPD nie obserwowano amplifikacji odcinków DNA charakterystycznych wyłącznie dla *A. byzantina*. W DNA mieszańców sporadycznie identyfikowano fragmenty niewystępujące u żadnej z form rodzicielskich. Jednocześnie u mieszańców nie zawsze miała miejsce amplifikacja odcinków DNA, których obecność stwierdzono wcześniej u form wyjściowych (rys. 1).



Rys. 1. Obraz markerów RAPD amplifikowanych w obecności startera T02. 1-*A. sativa* cv. Farys, 1a-Farys × *A. byzantina*; 2-Góral, 2a-Góral × *A. byzantina*; 3-Santor, 3a-Santor × *A. byzantina*, 4-*A. byzantina*, K-kontrola, M-marker wielkości

Fig. 1. RAPD patterns obtained with the primer T02. 1-*A. sativa* cv. Farys, 1a-Farys × *A. byzantina*; 2-Góral, 2a-Góral × *A. byzantina*; 3-Santor, 3a-Santor × *A. byzantina*, 4-*A. byzantina*, K-control, M-marker

Pojawienie się bądź zanikanie niektórych odcinków może być związane z introgresją materiału genetycznego *A. byzantina*. Stosując metodę RAPD Chrzastek i Paczos-Grzęda (2003) zidentyfikowały fragmenty DNA charakterystyczne dla formy ojcowskiej u mieszańców *A. sativa* × *A. fatua*, zaś Paczos-Grzęda (2003 a) u *A. sativa* × *A. sterilis*.

Zachowanie się chromosomów w mejozie i żywotność pyłku u mieszańców *Avena sativa* × *Avena byzantina* oraz form wyjściowych
Chromosomes behaviour and pollen viability of *Avena sativa* × *Avena byzantina* hybrids and initial forms

[illegible]

Brak odpowiednio wysokiego poziomu polimorfizmu markerów RAPD, świadczy o dużym podobieństwie genetycznym *A. sativa* i *A. byzantina* oraz wskazuje na konieczność zastosowania metody identyfikującej wyższy polimorfizm np. AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) lub SSR (*Simple Sequence Repeats*).

W celu określenia stabilności cytogenetycznej otrzymanych mieszańców analizowano zachowanie się chromosomów w mejozie i żywotność pyłku. W metafazie I zarówno u form rodzicielskich, jak i u mieszańców chromosomy tworzyły głównie biwalenty (tab. 1). Najczęściej miały one kształt pierścieni, rzadziej występowały jako pręty. Wśród form rodzicielskich najmniej prętów obserwowano w płycie metafazowej cv. Santor (3,67%), a najwięcej u *A. byzantina* (6,53%). Częstotliwość prętów u mieszańców była większa aniżeli u form matecznych i wahała się od 5,48% w kombinacji Góral $\times$ *A. byzantina* do 6,57% dla Santor $\times$ *A. byzantina*. Różnice pomiędzy mieszańcami a formami rodzicielskimi pod względem średniej liczby prętów nie były istotne. W żadnej z analizowanych form nie obserwowano połączeń multiwalentnych, natomiast w nielicznych komórkach wszystkich mieszańców i u *A. byzantina* ze zbliżoną częstotliwością występowały uniwalenty. W tej postaci występowało od 0,09 do 0,38% chromosomów. Równie niewielką liczbę uniwalentów przypadających na jedną KMP odnotowali Mc Mullen i wsp. (1982) u mieszańców *A. sativa* $\times$ *A. sterilis* oraz Chrzastek i Paczos-Grzęda (2003) u *A. sativa* $\times$ *A. fatua*. Zachowanie się chromosomów w metafazie I wskazuje na biwalentną koniugację, o czym wcześniej informowali inni autorzy m.in. Thomas i Al-Ansari (1980).

Segregacja chromosomów w anafazie I przebiegała bez istotnych zakłóceń (tab. 1). We wszystkich analizowanych formach sporadycznie obserwowano chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe. Największe różnice pod względem średniej liczby chromosomów opóźnionych odnotowano pomiędzy formami rodzicielskimi Santor (0,164) i *A. byzantina* (0,045). Wśród form mieszańcowych najwięcej zaburzeń stwierdzono w kombinacji Góral $\times$ *A. byzantina*.

Analizowane formy tworzyły najczęściej prawidłowo wykształcone tetrady (tab. 1). Rzadko obserwowano mikrojądra, a ich średnia liczba w tetradzie u mieszańców była zbliżona i zawierała się w przedziale od 0,01 do 0,02. Najwięcej mikrojąder w tetradach stwierdzono u odmiany Farys (0,04). Więcej mikrojąder w tetradach (1,17) obserwowali Mc Mullen i wsp. (1982) w mieszańcach *A. sativa* $\times$ *A. sterilis*.

Nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy badanymi formami pod względem żywotności pyłku (tab. 1). Ziarna pyłku całkowicie wypełnione cytoplazmą stanowiły od 98,07% u cv. Farys do 99,43% u mieszańca Farys $\times$ *A. byzantina*. Średnie wymiary ziaren pyłku u testowanych mieszańców były mniejsze w porównaniu z formami rodzicielskimi, ale tylko w przypadku kombinacji Santor $\times$ *A. byzantina* różnice były istotne.

Niska frekwencja zaburzeń w mejozie i wysoka żywotność pyłku świadczą o dobrej stabilności cytogenetycznej analizowanych kombinacji mieszańcowych *A. sativa* $\times$ *A. byzantina*.

Na podstawie wyników uzyskanych w doświadczeniu polowym stwierdzono, że badane w pracy mieszańce różniły się między sobą i od form rodzicielskich pod względem niektórych cech ilościowych (tab. 2).

Tabela 2

Wartości średnie niektórych cech ilościowych mieszańców oraz form wyjściowych
Mean values of some quantitative traits in hybrids and parental forms

Formy wyjściowe, Mieszańce Initial forms, Hybrids	Wysokość roślin Plant height (cm)	Liczba pędów produkcyjnych Productive tillering	Długość wiechy Panicle lenght (cm)	Liczba kłosków w wieszce Number of spikelets per panicle	Liczba ziarniaków w wieszce Number of kernels per panicle	Masa ziarniaków w wieszce Weight of kemels per panicle (g)	Płodność kłoska Spikelet fertility	Masa tysiąca ziarniaków 1000 kernels weight (g)	Zawartość białka w ziarnie z łuską Protein content of kernel with husk (%)	Zawartość białka w ziarnie bez łuski Protein content of kernel without husk (%)
Formy wyjściowe Initial forms										
Farys	97,7	4,0	18,2	53,2	102,6	3,14	1,91	30,7	9,5	13,6
Góral	93,5	3,8	18,5	51,2	97,5	3,04	1,91	31,2	9,5	13,5
Santor	96,7	4,5	17,7	50,5	102,4	3,21	2,10	31,5	9,3	13,7
<i>A. byzantina</i>	98,8	4,1	17,9	43,8	80,2	2,47	1,80	30,9	9,7	13,2
Mieszańce Hybrids										
Farys × <i>A. byzantina</i>	100,7	4,2	19,4	52,2	92,9	2,96	1,80	31,9	12,2	14,5
Góral × <i>A. byzantina</i>	103,7	5,0	19,9	55,1	91,4	3,04	1,70	33,5	11,5	14,7
Santor × <i>A. byzantina</i>	112,9	3,8	21,4	53,6	101,8	3,60	1,90	35,2	11,0	15,1
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	5,3	1,0	2,3	10,5	23,5	0,85	—	3,6	1,2	1,3

Wszystkie uzyskane mieszańce były wyższe od form rodzicielskich i miały dłuższą wiechę. Istotne różnice pod względem obu tych cech stwierdzono dla kombinacji Santor $\times$ *A. byzantina*. Spośród badanych genotypów istotnie więcej pędów produkcyjnych, w porównaniu z formą mateczną, wytwarzały rośliny uzyskane z krzyżowania Góral $\times$ *A. byzantina*. Wszystkie mieszańce, z wyjątkiem kombinacji Farys $\times$ *A. byzantina*, charakteryzowały się większą, w porównaniu z formami rodzicielskimi, liczbą kłosek w wiesze. Nie stwierdzono jednak istotnych różnic pod względem tej cechy pomiędzy odmianą mateczną a mieszańcami. Analizowane mieszańce nie różniły się istotnie od odmian, ani między sobą, pod względem liczby i masy ziarniaków z wiechy. Nie obserwowano również dużych różnic pod względem średniej płodności kłosa. Formy rodzicielskie zawiązywały w kłosku od 1,80 do 2,10 ziarniaków, natomiast liczba ziarniaków przypadających na kłosek u mieszańców wynosiła 1,70 (Góral $\times$ *A. byzantina*), 1,80 (Farys $\times$ *A. byzantina*) i 1,90 (Santor $\times$ *A. byzantina*). Masa tysiąca ziarniaków wszystkich kombinacji mieszańcowych była wyższa w porównaniu z formami rodzicielskimi, ale różnica ta była istotna tylko w przypadku kombinacji Santor $\times$ *A. byzantina*. Wszystkie formy rodzicielskie charakteryzowały się zbliżoną zawartością białka w ziarnie (13,2%–13,7%). Spośród mieszańców tylko w ziarniakach kombinacji Santor $\times$ *A. byzantina* stwierdzono istotnie więcej białka (15,1%) niż u formy matecznej. U analizowanych wcześniej mieszańców *A. sativa* $\times$ *A. fatua* zawartość białka w ziarnie bez łuski wynosiła 16,1% (Chrzastek, Paczos-Grzęda, 2003), natomiast u *A. sativa* $\times$ *A. sterilis* wahała się od 14,3% do 15,5% (Paczos-Grzęda, 2003 b).

WNIOSKI

1. Wyniki analiz molekularnych oraz cytologicznych przemawiają za hipotezą, że *A. sativa* i *A. byzantina* nie są odrębnymi gatunkami.
2. Polimorfizm DNA identyfikowany w analizowanym materiale metodą RAPD nie jest na tyle wysoki, aby potwierdzić mieszańcowy charakter badanych kombinacji.
3. Uzyskane w wyniku krzyżowania formy transgresywne pod względem cech ilościowych np. zawartości białka, świadczą o zróżnicowaniu alleli genów warunkujących te cechy u form rodzicielskich. Badane w pracy mieszańce mogą, więc stanowić cenny materiał wyjściowy do hodowli nowych odmian owsa.

LITERATURA

- Baum B. R. 1977. Oats: wild and cultivated. A monograph of the genus *Avena* L. (*Poaceae*). Monogr. No. 14. Canada Dep. of Agric. Supply and Services Canada, Ottawa, ON.
- Chrzastek M., Paczos-Grzęda E. 2003. Analiza molekularna i cytologiczna oraz ocena niektórych cech ilościowych mieszańców międzygatunkowych F2 *Avena sativa* L. $\times$ *Avena fatua* L. Biul. IHAR 230: 387 — 397.
- Frey K. J. 1986. Genetic resources and their use in oat breeding. In: Lawes D. A., Thomas H. (red.). Proc. of the 2nd Int Oat Conf. 1985, Aberystwyth, U.K.: 9 — 15.
- Jellen E. N., Beard J. 2000. Geographical distribution of a chromosome 7C and 17 intergenomic translocation in cultivated oat. Crop Sci. 40: 256 — 263.
- Ladizinsky G. 1970. Chromosomal rearrangements in hexaploid oats. Heredity 25: 457 — 461.

- Ladizinsky G., Zohary. 1971. Notes of species delimitation, species relationships and polyploidy in *Avena*. *Euphytica* 20: 380 — 395.
- Leggett J. M. 1992. Classification and speciation in *Avena*. In: S. Segoe (ed.), Oat science and technology. American Society of Agronomy. Agronomy Monograph No. 33, Madison, WI, USA: 29 — 52.
- McMullen M. S., Philips R. L., Stuthman D. D. 1982. Meiotic irregularities in *Avena sativa* L./ *A. sterilis* L. hybrids and breeding implications. *Crop Sci.* 22: 890 — 897.
- Milligan B. G. 1992. Plant DNA isolation. In: Molecular analysis of populations: a practical approach. IRL Press, Oxford, UK: 59 — 88.
- Paczos-Grzęda E. 2003 a. Badania cytogenetyczne i molekularne mieszańców międzygatunkowych heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. oraz form wyjściowych. *Biul. IHAR* 229: 21 — 32.
- Paczos-Grzęda E. 2003 b. Charakterystyka niektórych cech ilościowych mieszańców międzygatunkowych heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. oraz form wyjściowych. *Biul. IHAR* 229: 33 — 41.
- Phillips T. D., Murphy J. P. 1993. Distribution and analysis of isozyme polymorphism in North American cultivated oat germplasm. *Crop Sci.* 33: 460 — 469.
- Rajhathy T. 1991. The chromosomes of *Avena*. In: Gupta P. K., Tsuchiya T. (ed.) Chromosome engineering in plants: Genetics, Breeding and evolution. Elsevier Science Publishers, Netherlands: 449 — 467.
- Rajhathy T., Morrison J. W. 1959. Chromosome morphology in the genus *Avena*. *Can. J. Botany*, 37: 331 — 337.
- Souza E., Sorrells M. E. 1991. Relationships among 70 North American oat germplasms: II. Cluster analysis using qualitative characters. *Crop Sci.* 31: 605 — 612.
- Thomas H., Al-Ansari N. 1980. Genotypic control of chromosome pairing in amphiploids involving the cultivated oat *Avena sativa* L. *Euphytica* 37: 37 — 45.
- Wight C. P., Penner G. A., O'Donoghue L. S., Burrows V. D., Molnar S. J., Fedak G. 1994. The identification of random amplified polymorphic DNA markers for daylength insensitivity in oat. *Genome* 37: 910 — 914.
- Williams J. G. K., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A., Tingey S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* 18 (22): 6531 — 6535.
- Zeller F. J. 1998. Nutzung des genetischen Potentials der *Avena*-Wildarten zur Verbesserung des Saathafters (*Avena sativa* L.). *J. Appl. Bot.* 72: 180 — 185.
- Zhou X., Jellen E. N., Murphy J. P. 1999. Progenitor germplasm of domesticated hexaploid oat. *Crop Sci.* 39: 1208 — 1214.

ELŻBIETA CZEMBOR¹ROMAN WARZECHA¹JÓZEF ADAMCZYK²ZBIGNIEW KURCZYCH³¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.³ Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o., Kobierzyc

Wytwarzanie materiałów wyjściowych kukurydzy o podwyższonej odporności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi

Pre-breeding of maize with improved resistance to ear rot and stalk rot

Na przykładzie 2 odmian syntetycznych typu zębokształtnego i 2 typu szklatego przedstawiono efekt selekcji w kierunku odporności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi. Fuzariozę kolb oceniano po inokulacji kolb grzybami *Fusarium graminearum* i *F. culmorum*. Zgorzel podstawy łodygi oceniano przy infekcji naturalnej. Inokulacja kolb okazała się skuteczna do istotnego zróżnicowania badanego materiału. Odmiany syntetyczne użyte w badaniach charakteryzowały się średnią podatnością na fuzariozę kolb i średnią odpornością na zgorzel podstawy łodygi. Wyselekcjonowano linie o znacznie poprawionej odporności na fuzariozę w porównaniu do syntetycznych odmian wyjściowych.

Słowa kluczowe: fuzarioza kolb, zgorzel podstawy łodygi, kukurydza, selekcja

Effect of selection for ear rot and stalk rot resistance was tested in two flints and two dent maize synthetic varieties. Ear rot was observed after inoculation by *Fusarium graminearum* and *F. culmorum*. Stalk rot was estimated at natural infection. The inoculation of maize ear was effective for differentiation of the tested plant material. The investigated synthetic varieties were characterized as susceptible to ear rot and weekly resistant to stalk rot. The lines have been selected with much higher resistance to the diseases, in relation to the initial synthetic varieties.

Key words: ear rot, stalk rot, maize, selection

WSTĘP

Warunki glebowo-klimatyczne Polski umożliwiają uprawę kukurydzy na ziarno, kiszonkę z rozdrobnionych kolb — CCM i kiszonkę z całych roślin. Rosnące zapotrzebowanie na ziarno ze strony przemysłu paszowego spowodowało, że w ostatnim dziesięcioleciu znacznie zwiększyła się powierzchnia uprawy kukurydzy na ziarno. Ziarno

kukurydzy jest zazwyczaj tańsze od pszenicy, natomiast wartość użytkowa obu tych gatunków jako surowców paszowych jest zbliżona. Jeszcze w roku 1990 wynosiła 59 tys. ha, w roku 2001 wzrosła do 224 tys. ha. W 2002 roku powierzchnia uprawy osiągnęła poziom już 500 tys. ha (w tym ponad 300 tys. ha na ziarno), a w 2004 roku 700 tys. ha (w tym około 450 na ziarno; (Dubas, 2001; Poślednik, 2005).

Obecnie najważniejszymi cechami decydującymi o wykorzystaniu poszczególnych odmian w uprawie są ich wczesność i odporność na grzyby z rodzaju *Fusarium* powodujące fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi (Abbas i in., 1988; Dubas, 2001).

Fuzarioza kolb jest najgroźniejszą chorobą kukurydzy na całym świecie już od wielu lat (Teich, 1989; Presello i in., 2004;). W Polsce choroba ta stanowi również duże zagrożenie dla kukurydzy, szczególnie nasiennej i na ziarno konsumpcyjne (Chełkowski, Kwaśna, 1986). Zaatakowane przez grzyby z rodzaju *Fusarium* ziarno zawiera szkodliwe dla zwierząt mykotoksyny. Najgroźniejsze z nich to deoksyniwalenol (DON), niwalenol (NIV), zearalenon (ZEA) (Ross i in., 1992; Logrieco i in., 1995; Pascale i in., 1999; Shelby i in., 1994). Zawartość mykotoksyn powyżej określonych norm dyskwalifikuje wykorzystanie takiego ziarna przez przemysł spożywczy i paszowy. W Unii Europejskiej obowiązują normy zawartości substancji toksycznych w ziarnie i w innych płodach rolnych na skutek porażenia przez grzyby z rodzaju *Fusarium*.

Drugą groźną chorobą kukurydzy w Polsce powodowaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* jest zgorzel podstawy łodygi (zgnilizna korzeni) (Prończuk i in., 1991, 2004). Zapobieganie stratom w plonach kukurydzy powodowanym przez grzyby z rodzaju *Fusarium* nie jest możliwe poprzez ochronę chemiczną, ponieważ po wystąpieniu objawów porażenia roślin jest ona nieskuteczna. Jedynie wybór odmian o podwyższonej odporności na wymienione patogeny może skutecznie ograniczyć rozwój chorób. Coraz większą uwagę poświęca się selekcji materiałów wyjściowych do hodowli pod względem odporności na grzyby z rodzaju *Fusarium*, a szczególnie na fuzariozę kolb (Adamczyk, 1998; Dolstra i in., 1993; Jarvis i in., 1984; Mesterhazy, 1989). Sztuczna inokulacja materiałów hodowlanych przyspiesza selekcję i podnosi jej skuteczność (Clements i in., 2003; Dolstra i in., 1993;). Wczesność i odporność na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi są podstawowymi obok plonu czynnikami decydującymi o wartości materiału hodowlanego kukurydzy. Dlatego celem prowadzonych badań była równoległa z hodowlą selekcja materiałów uzyskanych od hodowców pod względem wczesności i odporności na grzyby z rodzaju *Fusarium*.

MATERIAŁY I METODY

Materiał roślinny

W 2003 roku materiał roślinny stanowiły 4 odmiany syntetyczne SQ: 2 typu szklistego i 2 typu zębokształtnego. W 2004 roku badano 200 linii S_1 uzyskanych po selekcji w 2003 roku. Po rozmnożeniu w warunkach polowych uzyskano 25 roślin dla każdej linii, łącznie ok. 5000 roślin.

Kukurydza uprawiana była w monokulturze, co sprzyjało kumulowaniu się patogenów kukurydzy w glebie. Doświadczenia prowadzono według ogólnie zalecanej technologii uprawy kukurydzy bez zaprawiania nasion.

Patogen

W warunkach laboratoryjnych wyizolowano nowe izolaty *Fusarium* spp. z porażonych kolb zebranych w 2002 i 2003 roku w Radzikowie, Kobierzycach i Smolicach. Oceniono patogeniczność izolatów pozyskanych w latach 2003–2004 oraz sprawdzono patogeniczność 19 izolatów pozyskanych w roku poprzednim. Izolaty *F. graminearum* i *F. culmorum* o najwyższych zdolnościach do uszkodzania roślin wybrano do inokulacji kolb u linii i odmian syntetycznych w polu.

Ocena odporności

Odporność roślin oceniano na przełomie września i października. Oceny porażenia kolb dokonano posługując się skalą od 1 do 5 (tab. 1; Chelkowski, 1993). Bazując na tej skali liczono współczynnik fuzariozy, o zakresie 0–500 odzwierciedlający odporność badanych materiałów na fuzariozę kolb używając wzoru:

$$Wf = \frac{\sum F \times 100}{n}$$

gdzie:

Wf — współczynnik fuzariozy

F — oznacza stopień porażenia kolby

n — oznacza liczbę ocenianych kolb.

Tabela 1

Skala oceny porażenia kolb przez grzyby z rodzaju *Fusarium* (Chelkowski, 1989)
The scale to estimate severity of ear rot in maize (Chelkowski, 1989)

Ocena Score	Opis Severity of infection
1	Porażenie bardzo słabe (1-6 ziarniaków, 2%) — Very low (1-6 kernels, 2%)
2	Porażenie słabe (7-30 ziarniaków, 3-10%) — Low (7-30 kernels, 3-10%)
3	Porażenie średnie (1/3 kolby, 11-30 ziarniaków) — Medium (1/3 of ear, 11-30 kernels)
4	Porażenie silne (1/2 kolby, 31-50%) — High (1/2 of ear, 31-50%)
5	Porażenie bardzo silne (ponad 1/2 kolby, 51-100%) — Very high (more than 1/2 of ear, 51-100%)

Ocenę porażenia roślin przez zgorzel podstawy łodygi wykonywano na podstawie wyglądu przekroju łodygi, metodą opracowaną przez grupę roboczą FAO w latach 80-tych stosując skalę od 1 do 9 (tab. 2; Prończuk i in., 2004). Ocena w powyższej metodzie opiera się na ocenie stopniu rozkładu tkanek w węzłach i międzywęzłach. Obliczono indeks zgorzeli podstawy łodygi — P według wzoru Townsenda Heubergera (Prończuk, Prończuk, 1987):

$$P = \frac{\sum (n \times v) \times 100}{V \times N}$$

gdzie:

P — indeks zgorzeli podstawy łodygi

v — oznacza stopień porażenia roślin (1–9)

n — oznacza liczbę roślin w poszczególnych stopniach porażenia
 N — oznacza liczbę ocenianych roślin
 V — oznacza najwyższy stopień porażenia.

Tabela 2

Skala oceny zgorzeli podstawy łodygi kukurydzy
Scale to estimate severity of stalk rot in maize

Ocena Score	Opis Severity in infection
1	Brak objawów choroby — no symptoms
2	Porażenie bardzo słabe: niewielkie zmiany chorobowe (przebarwienia) w węźle u podstawy rośliny Very low: small discolour changes in base node
3	Porażenie bardzo słabe: niewielkie zmiany chorobowe (przebarwienia) w węzłach, łodyga jest bardzo twarda Very low: small discolour changes in nodes, stem is very tough
4	Porażenie nadal słabe: wyraźne zmiany chorobowe (przebarwienia) w węzłach oraz niewielkie u podstawy rośliny, łodyga jest wciąż twarda Still very low: distinct discolour changes in nodes and small ones at plant base, stem remains tough
5	Porażenie średnie: zmiany chorobowe obejmują 1-sze międzywęźle. Porażona część łodygi staje się miękka Medium: disease changes comprise 1 st internode, the infected part of stem becomes soft
6	Porażenie średnie: zmiany chorobowe sięgają 2-go międzywęźla. Porażona część łodygi jest miękka Medium: disease changes reach 2 nd internode, the infected part of stem is soft
7	Porażenie średnio silne: 1/2 tkanek łodygi w stanie rozkładu — Medium-high: 1/2 of stem tissues in decay
8	Porażenie silne: tkanek i łodygi w stanie rozkładu — High: tissues and stem in decay
9	Porażenie bardzo silne: całkowity rozkład tkanek łodygi — Very High: total decay of stem tissues

Test odpornościowy

W 2003 roku w każdej odmianie syntetycznej zaizolowano w okresie kwitnienia około 200 roślin w celu zapylenia wsobnego. Te rośliny zainokulowano mieszaniną wybranych izolatów *F. culmorum* i *F. graminearum*. W 2004 roku w obrębie wybranych linii zaizolowano od 2–3 najwcześniej kwitnących roślin, które ponownie inokulowano jak w roku poprzednim.

Inokulum wybranych izolatów obu patogenów produkowano na pożywce maltozowej. Do inokulacji stosowano mieszaninę roztwów *F. graminearum* i *F. culmorum* w stosunku 1:1, przy koncentracji zarodników 10^{-5} . Kolby zaizolowanych roślin inokulowano 2 tygodnie po kwitnieniu kwiatostanów żeńskich, nakłuwając je bolcami zanurzonymi w inokulum. Na podstawie badań prowadzonych w latach 2002 i 2003 wykazano, że metoda ta jest bardziej efektywna i powtarzalna w stosunku do inokulacji przy pomocy strzykawki (dane niepublikowane). Papierowe izolatory zapewniały utrzymanie wilgoci.

Pod koniec sezonu wegetacyjnego dokonywano selekcji oceniając na poszczególnych roślinach nasilenie fuzariozy kolb po inokulacji oraz zgorzeli podstawy łodygi przy infekcji naturalnej. Rośliny zdrowe lub tylko w niewielkim stopniu porażone, tj. kolby porażone do 25%–30% (fuzarioza kolb 1, 2 lub 3; zgorzel podstawy łodygi 1–5 w skali 9-stopniowej, gdzie 1 — oznacza brak choroby) wybierano do dalszej hodowli odpornościowej.

Warunki pogodowe w okresie trwania doświadczenia

Dane pogodowe, tj. temperatury dobowe, średnie wartości miesięczne, wartości minimalne i maksymalne oraz miesięczne sumy opadów zostały uzyskane ze Stacji Meteorologicznej Warszawa-Ursus.

WYNIKI

W roku 2003 i 2004 inokulacja kolb kukurydzy grzybami z rodzaju *Fusarium* okazała się skuteczna do selekcji przekazanego przez hodowców materiału. Spowodowała zróżnicowanie materiału pod względem podatności i umożliwiła wyselekcjonowanie roślin o podwyższonej odporności.

W 2003 roku nie zaobserwowano istotnych różnic w podatności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi między odmianami syntetycznymi typu zębokształtnego i szklatego. Po inokulacji grzybami z rodzaju *Fusarium* badane odmiany syntetyczne można było scharakteryzować jako średnio podatne na fuzariozę kolb. Średni stopień porażenia kolb wynosił 3,6–3,7 przy współczynniku fuzariozy $Wf = 361,9\%–373,6\%$ (tab. 3). Przy infekcji naturalnej wszystkie badane odmiany syntetyczne oceniono jako średnio odporne na zgorzel podstawy łodygi. Porażenie podstawy łodygi roślin badanych odmian przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oceniono na 5,0 lub powyżej 5,0. Jedynie średni stopień porażenia odmiany syntetycznej Nr 4 wynosił 5,5.

Tabela 3

Odporność badanych odmian syntetycznych na fuzariozę kolb po inokulacji i na zgorzel podstawy łodygi przy infekcji naturalnej w 2003 roku
Resistance of the tested synthetic varieties to ear rot, after inoculation, and stalk rot at natural infection in 2003

Odmiana syntetyczna Synthetic varieties	Typ Type	Liczba badanych roślin Number of tested plants	Liczba dni od siewu do kwitnienia Number of days from sowing to flowering		Fuzarioza kolb Ear rot		Zgorzel podstawy łodygi Stalk rot	
			średnia mean	zakres range	średni stopień porażenia ¹⁾ mean	wskaźnik porażenia ²⁾ (Wf) index	średni stopień porażenia ³⁾ mean	indeks choroby ⁴⁾ index
Nr 1	zębokształtna	197	76	71–81	3,6	361,9	4,4	48,4
Nr 2	dent	199	75	70–79	3,7	367,3	5,0	55,3
Nr 3	szklista	197	70	64–76	3,7	373,6	4,9	54,7
Nr 4	flint	198	69	64–72	3,6	359,6	5,5	61,4

¹⁾ Porażenie w skali 1–5 (1-porażenie słabe); Severity in 1–5 scale (1 — low)

²⁾ Wskaźnik wg Chełkowskiego i wsp. (1993); Index of the disease after Chełkowski *et. al.* (1993)

³⁾ Porażenie w skali 1-9 (1- brak choroby, 9 — bardzo silne porażenie); Severity in 1–9 scale (1 — low)

⁴⁾ Indeks choroby według wzoru (Townsenda i Heubergera za Prończuk, Prończuk 1987); Index of the disease (Townsend and Heuberger, after Prończuk, Prończuk, 1987)

W 2004 roku rośliny linii uzyskanych w 2003 roku odmian syntetycznych typu szklatego i zębokształtnego nie różniły się istotnie pod względem odporności na fuzariozę kolb. Wykazano natomiast różnice między tymi liniami w podatności na zgorzel podstawy łodygi. W 2004 roku linie uzyskane po selekcji na odporność w 2003 roku można było

scharakteryzować jako średnio odporne na fuzariozę kolb. Średni stopień porażenia kolb badanych linii po inokulacji kolb grzybami z rodzaju *Fusarium* wynosił 2,8–3,1, przy współczynniku fuzariozy $Wf = 275,5\%–326,6\%$ (tab. 4). Materiał roślinny badanych linii w 2004 roku oceniono jako średnio odporny i odporny na zgorzel podstawy łodygi. Przy infekcji naturalnej porażenie podstawy łodygi roślin przez grzyby z rodzaju *Fusarium* oceniono średnio na 2,7–4,3 w skali 1–9.

Tabela 4

Odporność linii uzyskanych po selekcji odmian syntetycznych w 2003 roku na fuzariozę kolb po inokulacji i na zgorzel podstawy łodygi przy infekcji naturalnej w 2004 roku
Resistance of the tested lines, obtained in 2003 from the synthetic varieties, to ear rot after inoculation and stalk rot at natural infection in 2004

Odmiana syntetyczna Synthetic varieties	Typ Type	Liczba badanych roślin Number of tested plants	Liczba dni od siewu do kwitnienia Number of days from sowing to flowering		Fuzarioza kolb Ear rot		Zgorzel podstawy łodygi Stalk rot	
			średnia mean	zakres range	średni stopień porażenia ¹⁾ mean	wskaźnik porażenia ²⁾ (Wf) index	średni stopień porażenia ³⁾ mean	ndeks choroby ⁴⁾ index
Nr 1	zębokształtna	167	86,5	78–93	2,9	286,8	3,1	26,4
Nr 2	dent	140	87,2	78–98	2,9	285,7	2,7	30,4
Nr 3	szklista	110	83,5	78–98	2,8	275,5	3,6	40,1
Nr 4	flint	114	79,2	78–86	3,1	326,6	4,3	49,4

¹⁾ Porażenie w skali 1–5 (1 — porażenie słabe); Severity in 1–5 scale (1 — low)

²⁾ Wskaźnik wg Chełkowskiego i wsp. (1993); Index of the disease after Chełkowski *et al.* (1993).

³⁾ Porażenie w skali 1–9 (1 — brak choroby, 9 - bardzo silne porażenie); Severity in 1–9 scale (1 — low)

⁴⁾ Indeks choroby według wzoru (Townsenda i Heubergera za Prończuk, Prończuk, 1987); Index of the disease (Townsend and Heuberger, after Prończuk, Prończuk, 1987)

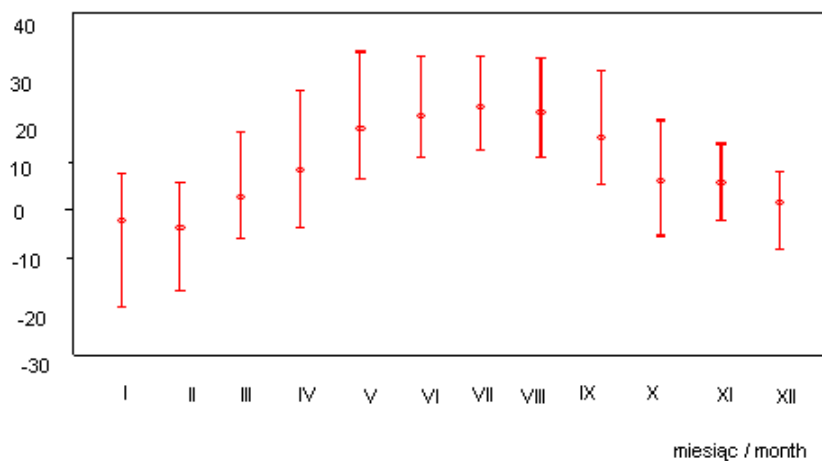
Porównując wyniki uzyskane w 2003 i 2004 roku można zaobserwować istotny wpływ selekcji przeprowadzonej w 2003r. (tab. 3, 4). Po selekcji w 2004 roku linie uzyskane z badanych odmian syntetycznych wykazywały wyższą odporność na fuzariozę kolb niż w pierwszym roku selekcji, średnio o ok. 1,0 stopień w skali 1–5. Wyniki te potwierdziły również obliczone współczynniki fuzariozy kolb badanego materiału. Współczynniki fuzariozy kolb trzech odmian syntetycznych były średnio wyższe o 100%. Mniejszy postęp hodowlany uzyskano dla odmiany syntetycznej Nr 4, której odporność była wyższa o 0,5 stopnia a współczynnik fuzariozy kolb o 33% w stosunku do roku poprzedniego. W roku 2004 średni stopień porażenia podstawy łodygi roślin był niższy jak w roku poprzednim więcej niż o 1,0 stopień w skali 1–9. Jedynie odmiana syntetyczna Nr 1 wykazywała niższą podatność na zakażenie podstawy łodygi średnio o 0,5 stopnia.

Dla określenia wczesności badanego materiału określono liczbę dni od daty siewu do kwitnienia (tab. 3, 4). Nie zaobserwowano istotnej zależności między wczesnością a stopniem odporności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi. Zarówno w 2003 roku jak i w 2004 roku odmiany syntetyczne typu flint kwitły o kilka dni wcześniej, jednak różnic w średnim stopniu porażenia przez obie choroby nie było.

Stosując te same kryteria oceny w 2003 i 2004 roku w pierwszym cyklu selekcji (rok 2003) do dalszych badań wytypowano: (tab. 5) dla odmiany syntetycznej Nr 1; 30,5%

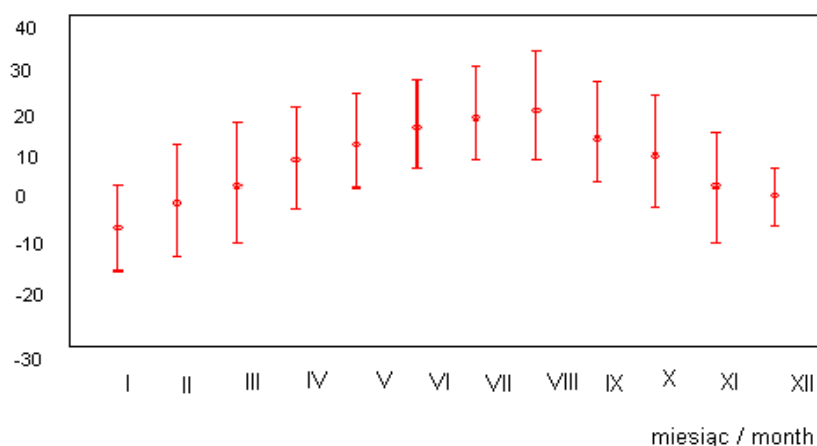
badanych roślin, dla odmiany syntetycznej Nr 2; 26,7% badanych roślin, dla odmiany syntetycznej Nr 3 21,3% badanych roślin a dla odmiany syntetycznej Nr 4; 20,7% badanych roślin. W 2004 roku (drugi cykl selekcji) dla 3 odmian syntetycznych: Nr 1, Nr 2 i Nr 3 do dalszych badań wytypowano ponad 70% roślin, a jedynie u odmiany syntetycznej Nr 4 procent wyselekcjonowanych do dalszych badań roślin wynosił 49,9%.

Warunki pogodowe w latach 2003 i 2004 były zasadniczo różne (rys. 1, 2, 3, 4).



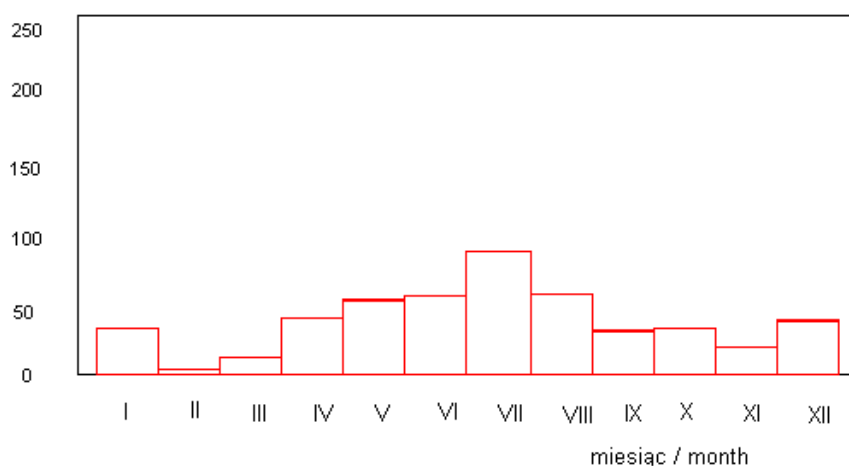
Rys. 1. Temperatury w roku 2003 (średnie, minimalne i maksymalne)

Fig. 1. The temperature in 2003 (mean, max. and min.)

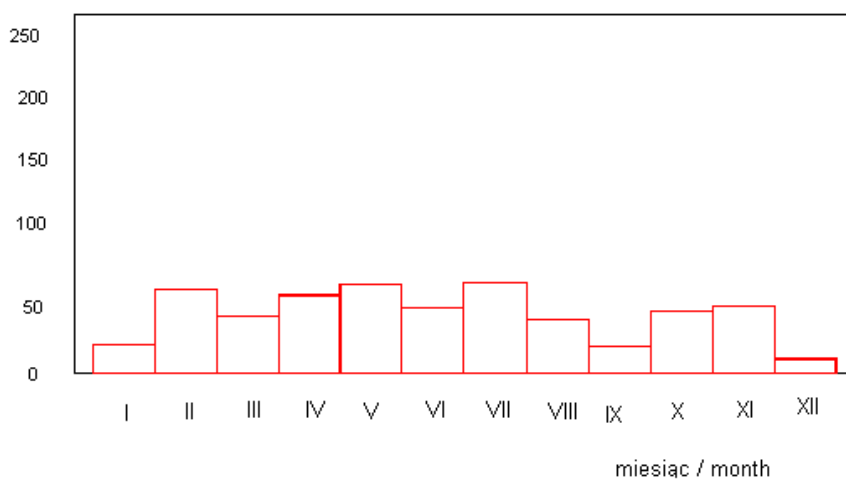


Rys. 2. Temperatury w roku 2004 (średnie, minimalne i maksymalne)

Fig. 2. The temperature in 2004 (mean, max. and min.)



Rys. 3. Miesięczne sumy opadów w roku 2003 (mm)
Fig. 3. Precipitation in 2003



Rys. 4. Miesięczne sumy opadów w roku 2004 (mm)
Fig. 4. Precipitation in 2004

W roku 2003 średnie temperatury dobowe w maju, czerwcu i lipcu były istotnie wyższe niż w roku 2004. Natomiast sumy opadów w tych miesiącach w roku 2003 były niższe niż w roku 2004. Miało to istotny wpływ na liczbę dni od daty siewu do kwitnienia i na termin wykonania inokulacji kolb. W 2003 roku odmiany syntetyczne typu szklatego jak i zębkształtnego kwitły wcześniej. Spowodowało to dłuższy rozwój patogena na porażonych kolbach.

Tabela 5

Procent roślin odmian syntetycznych w 2003 roku i linii w 2004 roku z określonymi ocenami porażenia na fuzariozę kolb po inokulacji oraz liczba i procent roślin wybranych do dalszych badań (po selekcji w 2003 i w 2004 roku)

Severity of the diseases on plants tested in 2003 and 2004 and percent of plants selected for the next investigation

Odmiana syntetyczna Synthetic varieties	Ocena porażenia / % roślin Disease severity / % plants	2003					2004				
		1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
Nr1	% roślin badanych % tested plants	0,5	13,2	36,6	23,4	26,4	0,0	44,9	31,7	15,0	8,4
	% roślin wybranych % selected plants	0,5	11,2	18,8			0,0	41,9	28,7		
Nr 2	% roślin badanych % tested plants	2,0	8,5	37,2	24,6	27,6	0,0	42,9	35,0	15,7	6,4
	% roślin wybranych % selected plants	1,5	5,1	20,1			0,0	42,1	33,6		
Nr 3	% roślin badanych % tested plants	2,5	9,6	29,9	37,4	30,5	0,0	49,1	31,8	13,6	5,5
	% roślin wybranych % selected plants	2,0	6,1	13,2			0,0	47,3	25,5		
Nr 4	% roślin badanych % tested plants	1,0	12,6	37,9	22,7	25,8	0,0	38,6	25,4	21,9	14,0
	% roślin wybranych % selected plants	0,5	7,6	12,6			0,0	29,8	20,1		

DYSKUSJA

Najbardziej krytycznym okresem w rozwoju kukurydzy jest czas kwitnienia. Okres przed i w trakcie kwitnienia decyduje w znacznym stopniu o wielkości wykształconej kolby. Czynniki stresowe występujące w tym okresie mogą wpływać na wielkość zawiązywanej kolby. Najczęstszym czynnikiem stresowym jest susza oraz patogeny grzybowe, do których należą grzyby z rodzaju *Fusarium* spp. Dlatego w hodowli przywiązuje się dużą uwagę przy selekcji badanego materiału do wczesności i odporności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi (Adamczyk, Rogacki, 2005). Odporność na grzyby z rodzaju *Fusarium* jest uwarunkowana poligenicznie, co dodatkowo utrudnia i wydłuża proces hodowlany. Selekcję pod względem odporności należy podejmować już w pierwszych etapach hodowli. Inokulacja badanego materiału może ułatwić selekcję podnosząc jej skuteczność (Clements i in., 2003).

Prowadzono wstępną selekcję w obrębie 4 odmian syntetycznych otrzymanych od hodowców pod względem odporności na fuzariozę kolb oraz na zgorzel podstawy łodygi. Dwie badane odmiany były typu szklistego (Nr 3 i Nr 4) oraz 2 typu zębokształtnego (Nr 1 i Nr 2). Prowadzono selekcję w obrębie odmian pod względem wczesności i odporności na porażenie przez grzyby z rodzaju *Fusarium*, ponieważ materiały wczesne mają większe zastosowanie przy uprawie na ziarno. Grzyb *F. graminearum* szybciej rozwija się stając się głównym sprawcą fuzariozy kolb w wyższych temperaturach w okresie lata. Gdy temperatury są niższe z porażonych kolb bardzo często izoluje się również *F. culmorum*.

Zostało to również potwierdzone na podstawie wcześniej przeprowadzonych badań prowadzonych na kolbach zebranych w Radzikowie (Czembor, Prończuk, dane niepublikowane). Z powodu braku możliwości przewidywania temperatur w trakcie i po wykonaniu inokulacji, do badań użyto mieszaniny obu patogenów.

W latach 90. XX wieku z porażonych kolb kukurydzy izolowane były głównie *F. moniliforme* i *F. proliferatum* (Pascale i in., 1999; Prończuk i in., 1991; Scott, King, 1984). Zawartość *F. graminearum* wśród grzybów powodujących fuzariozę kolb była niska. Jednak ze względu na toksyczność produktów wytwarzanych przez tego patogena badania prowadzono od czasu, gdy wykazano jego występowanie (Bottalico, 1989; Perkowski i in., 1991; Reid i in., 1996). Obecnie *F. graminearum* i *F. culmorum* dominują w populacji *Fusarium* w całej Europie porażając zarówno zboża (Taylor, inf. ustna), jak i kukurydzę (Prończuk, inf. ustna).

Zapewnienie odpowiednio dużej presji patogena uzyskanej poprzez inokulację pozwoliło na ujawnienie zmienności w odporności roślin w obrębie badanych odmian syntetycznych i przeprowadzenie efektywnej selekcji. Ocena w 2004 roku podatności roślin na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi linii S_1 uzyskanych z badanych syntetyków (materiał po selekcji w 2003 roku) wykazała, że selekcja w roku poprzednim była przeprowadzona właściwie, a badany materiał wykazuje podwyższoną odporność na badane choroby. Wykazały to średnie stopnie porażenia, współczynniki fuzariozy i indeksy choroby obliczone dla zgorzeli podstawy łodygi.

WNIOSKI

1. Inokulacja kolb kukurydzy mieszną *F. graminearum* i *F. culmorum* była skuteczna do selekcji przekazanego przez hodowców materiału pod względem odporności na fuzariozę kolb.
2. Materiały wyselekcjonowane w pierwszym roku badań wykazały podwyższoną odporność w roku następnym.
3. Dla potwierdzenia wyników oraz uzyskania materiałów o podwyższonej odporności na badane choroby selekcję należy prowadzić przez kolejne lata.

LITERATURA

- Abbas H. K., Mirocha C. J., Komendhal T., Bumes P. M., Meronuck R. A., Gunther R. 1988. Toxigenicity of *Fusarium proliferatum* and other *Fusarium* species isolated from corn ears in Minnesota. *Phytopathol.* 78: 1258 — 1260.
- Adamczyk J. 1998. Przegląd metod hodowli kukurydzy i ich skuteczność w praktyce. *Biul. IHAR* 208: 123 — 130.
- Adamczyk A., Rogacki J. 2005. Co wpływa na plon kukurydzy. W: *Kukurydza rośliną przyszłości*. Wyd. 3, Warszawa: 22 — 27.
- Bottalico A., Logriecom A., Visconti A. 1989. *Fusarium* species and their mycotoxins infected cereals in the field and in stored grains. In: *Fusarium — Mycotoxins, Taxonomy and Pathogenicity*, vol. 2 In: *Topics in secondary metabolites*. Chełkowski J. (ed.), Elsevier, Amsterdam, The Netherlands: 85 — 119.
- Chełkowski J., Kwaśna H. 1986. Zagrożenie upraw kukurydzy fuzariozą kolb i mikotoksynami fuzaryjnymi. *Ochrona Roślin* 1: 4 — 6.

- Chełkowski J., Prończuk M., Prończuk P. 1993. Observation on *fusarium* ear rot in maize and related species in Poland. *Hod. Rośl. Aklim.* 37 (4): 41 — 46.
- Clements M. J., Kleienschmidt C. E., Maragos C. E., Pataky J. K., White D. G. 2003. Evaluation of inoculation techniques for *Fusarium* ear rot and fumonisin contamination of corn. *Corn Dis.* 87: 147 — 153.
- Dolstra O., Marton C., Menzi M., Mohr I., Plieneger D. L., Prończuk M. 1993. Evaluation of recurrent selection for stalk rot resistance in a synthetic maize population. In: *Proc. of Maize and Sorghum — Eucarpia XVIth Conference on Breeding and Molecular Biology Accomplishments and Future Promises*. Bergamo, Italy, 6–9, 1993: 1 — 7.
- Dubas A. 2001. Aktualne problemy uprawy kukurydzy w Polsce. *Wiś Jutra* 6 (35): 7 — 8.
- Jarvis J. L., Ciark R. L., Guthrie W. D., Berry E. C., Russell W. A. 1984. The relationship between second-generation European corn borers and stalk rot fungi in maize hybrids. *Maydica* 29: 247 — 263.
- Mesterhazy A. 1989. Progress in breeding of wheat and corn genotypes not susceptible to infection by *Fusaria*. In: J. Chełkowski (ed.) *Fusarium Mycotoxins, Taxonomy and Pathogenicity*. Elsevier, Amsterdam: 357 — 386.
- Logrieco A., Moretti A., Ritieni A., Chełkowski J., Altomare C., Bottalico A., Randazzo G. 1993. Natural occurrence of beauvericin in preharvest *Fusarium subglutinans* infected corn ears in Poland. *J. Agric. Food Chem.* 41: 2149 — 2152.
- Pascale M., Visconti A., Avantaggiato G., Prończuk M., Chełkowski J. 1999. Mycotoxin contamination of maize hybrids after infection with *Fusarium proliferatum*. *J. Sci. Food Agric.* 79: 2094 — 2098.
- Perkowski J., Chełkowski J., Plattner R. D., Goliński P. 1991. Cumulation of mycotoxins in maize cobs infected with *Fusarium graminearum*. *Mycotoxin Res.* 7A: 115 — 120.
- Presello D. A., Reid L. M., Mather D. E. 2004. Resistance of Argentine maize germplasm to *Gibberella* and *Fusarium* ear rots. *Maydica* 49: 73 — 81.
- Prończuk M., Prończuk S. 1987. Przydatność „metody chłodniowej” w ocenie odporności żywicy trwałej na *Fusarium nivale* (Fr) Ces. *Biul. IHAR* 162: 27 — 32.
- Prończuk M., Bojanowski J., Warzecha R. 2004. Effect of leaf infection by *Kabatiella zae* on stalk rot prevalence and grain yield of maize hybrids. *J. Phytopathol.* 152: 410 — 415.
- Prończuk M., Prończuk S., Mesyasz M. 1991. Pathogenicity of *Fusarium* spp. contributing the stalk rot of maize in Poland. *Mycotoxin Res.* 7A: 97 — 101.
- Reid L. M., Stewart D. W., Hamilton R. I. 1996. A 4-year study of the association between gibberella ear rot severity and deoxynivalenol concentration. *J. Phytopathol.* 144: 431 — 436.
- Ross P. F., Rice L. G., Osweiler G. D., Nelson P. E., Richard J. L., Wilson T. M. 1992. A review and update of animal toxicoses associated with fumonisin-contaminated feeds and production of fumonisins by *Fusarium* isolates. *Mycopathol.* 117: 109 — 114.
- Scott G. E., King S. B. 1984. Sample size to detect genotypic differences in maize to kernel infection by *Fusarium moniliforme*. *Maydica* 29: 151 — 160.
- Shelby R. A., White D. G., Bauske E. M. 1994. Differential fumonisin production in maize hybrids. *Plant Dis.* 78: 582 — 584.
- Teich A. H. 1989. Epidemiology of corn (*Zea mays* L.) ear rot caused by *Fusarium* spp. In: *Fusarium — Mycotoxins, Taxonomy and Pathogenicity*. Chełkowski J. (ed.), Elsevier, Amsterdam, The Netherlands: 319 — 328.

JANUSZ ROGACKI**JÓZEF ADAMCZYK**

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.

Rolnice — nowy szkodnik kukurydzy Komunikat

Cutworms — a new insect pest of maize Short communication

Praca jest przeglądem literatury na temat występujących gatunków rolnic, ich biologii, szkodliwości oraz sposobów zwalczania. W artykule przedstawiono również obserwacje dokonane na polach kukurydzy HR Smolice w sezonie 2004. Masowe wystąpienie rolnic, na jednym z pól doświadczalnych, pozwoliło zaobserwować zróżnicowaną podatność testowanych odmian kukurydzy na wyleganie spowodowane żerowaniem gąsienic. Zwrócono uwagę na wzrastające znaczenie tego szkodnika na terenie Polski.

Słowa kluczowe: kukurydza, rolnice

This work is a concise summary of literature concerning cutworms, their occurrence, biology, harmfulness and crop protection. The article includes also observations made on maize fields belonging to HR Smolice breeding station in the season of 2004. Cutworm infestation of one of the experimental fields gave authors the opportunity to recognize differences in stalk lodging susceptibility among tested maize hybrids due to cutworm larvae injury. Increasing importance of this pest to the Polish agriculture has been pointed out.

Key words: cutworms, maize

WSTĘP

Producenci i hodowcy kukurydzy poświęcali w ostatnich latach dużo uwagi stoncy kukurydzianej (*Diabrotica virgifera*) oraz sprawie dopuszczenia do uprawy w Polsce kukurydzy genetycznie zmodyfikowanej (GMO). Tymczasem okazało się, że ta roślina została masowo zaatakowana przez innego owada. Chodzi tu o rolnice (*Agrotinae*), które są znanymi polskim rolnikom szkodnikami wielożernymi. „Łysiny” na polach zbóż ozimych i rzepaku czy wygryzione rany w bulwach ziemniaka i korzeniach buraka to typowy efekt żeru gąsienic rolnic. Polscy hodowcy kukurydzy nie widzieli na przestrzeni ostatnich lat, by rolnice poszerzyły swoją bazę pokarmową również o kukurydzę. To się jednak zmienia i ta podrodzina motyli nocnych z rodziny sówkowatych (*Noctuidae*) zaczyna spędzać sen z powiek wielu producentom kukurydzy w kraju.

BIOLOGIA SZKODNIKA, ZWALCZANIE

W naszym klimacie znaczenie gospodarcze mają cztery gatunki: rolnica zbożówka (*Agrotis segetum*), rolnica czopówka (*Agrotis exclamationis*); rolnica panewka (*Agrotis c-nigrum*) oraz rolnica gwoździówka (*Agrotis ipsilon*). Ich liczebność wykazuje zmienność w zależności od przebiegu pogody w poszczególnych latach, niemniej najliczniejszym gatunkiem pozostaje rolnica zbożówka (Mrówczyński i in., 2003; Walczak, 2002).

Pierwsze motyle pojawiają się w połowie maja i latają do połowy lipca. Drugie pokolenie oblatuje plantacje od sierpnia do października. Z uwagi na nocny tryb życia, trudno zobaczyć latające motyle na plantacji gdyż owady te chowają się w trakcie dnia u nasady roślin. Również szaro-brunatna barwa pierwszej pary skrzydeł o rozpiętości od 25 do 40 mm, doskonale maskuje motyla na tle ziemi. Druga para skrzydeł jest jednolicie, jasno ubarwiona (rys. 1).



Rys. 1. Motyl rolnicy zbożówki (*Agrotis segetum*)
Fig. 1. Butterfly of cutworm (*Agrotis segetum*)

Z jaj złożonych bezpośrednio do ziemi przy roślinie lub u podstawy pędu kukurydzy, po ok. 10 dniach wylęgają się gąsienice.

Młode gąsienice żerują na nadziemnych częściach roślin, starsze schodzą do gleby gdzie kontynuują żerowanie uszkadzając korzenie roślin. Larwy są nagie, mają kształt walcowaty, najczęściej koloru ciemnego z podłużnymi paskami i punktami. Cechą charakterystyczną wszystkich stadiów rozwojowych gąsienicy jest zwijanie się w rogalik w chwili zaniepokojenia (rys. 2).



Rys. 2. Larwa rolnicy żerująca u podstawy pędu kukurydzy
Fig. 2. Larvae of cutworm feeding at the base of a maize stalk

Podobnie jak motyl, gąsienica jest aktywna nocą żerując u podstawy roślin. Angielska nazwa *Cutworm* — czyli gąsienica tnąca — doskonale oddaje rodzaj powstałych uszkodzeń. Obgryzione korzenie przybyszowe, a w skrajnych przypadkach wyjedzona szyjka korzeniowa (w której często można zobaczyć żerującego owada) powodują podcięcie rośliny u podstawy pędu i wywracanie się całych roślin. Osłabiona kukurydza na zaatakowanych plantacjach przewraca się masowo, zwłaszcza po większych wiatrach.

Na jednym ze smolickich pól doświadczalnych w 2004 roku, żer rolnic powodował wyleganie obiektów w niejednakowym stopniu, różnicując testowane mieszańce pod tym względem.

Jak podaje Lisowicz i Tekiela (2004), rok 2003 był pierwszym, w którym zaobserwowano żerowanie gąsienic rolnic na kolbach kukurydzy na południowym wschodzie kraju. Podobnie jak w przypadku gąsienic omacnicy, z jaj złożonych w okresie rozwoju wiech i kolb wylęgają się gąsienice żerujące początkowo na liściach okrywowych,

później wgrzyzają się do wnętrza kolby. Żer na młodych ziarniakach trwa aż do momentu osiągnięcia przez nie dojrzałości woskowej. Gąsienice następnie schodzą do ziemi, gdzie następuje przepoczwarczenie.

Niezwyczajnie ciepły i suchy rok 2003 niewątpliwie wpłynął na zwiększenie liczebności rolnic w sezonie wegetacyjnym 2004, która oprócz tego podlega cykliczności (gradacji) masowych pojawów co 10, 7, 5, a nawet 3 lata. Ostatnie masowe występowanie rolnic odnotowano w latach 1994–1995 oraz 1999–2000.

Chociaż w „normalnym” roku dla polskiego klimatu, najbardziej rozpowszechniona rolnica zbożówka rozwija dwa pokolenia, z czego larwy drugiego pokolenia giną w okresie zimy (Walczak, 2002), to w połowie października 2003 roku zaobserwowano wiele najmłodszych stadiów gąsienic, co może świadczyć o rozwoju trzeciego pokolenia (Mrówczyński i in., 2003).

Zwalczanie rolnic należy rozpocząć od wnikliwej inspekcji plantacji od fazy rozwojowej czterech i dalszych liści. Jeżeli stwierdzi się obecność tego szkodnika, można zastosować jeden z insektycydów: Alfamor 050 S.C. (0,3 l/ha), Alfazot (0,3 l/ha), Alphaquart 100 EC (0,15 l/ha), Alphasop 100 EC (0,15 l/ha), Decis 2,5 EC (0,3 l/ha), Fastac 100 EC (0,15 l/ha), Karate Zeon 050EC (0,2 l/ha), Karate Zeon 100 CS (0,1 l/ha), Ripcord Nowy 050 EC (0,3 l/ha) lub Ripcord Super 050 EC (0,3 l/ha). Zaleca się wykonanie oprysku wieczorem, używając dużej ilości wody.

LITERATURA

- Lisowicz F., Tekiel A. 2004. Szkodniki i choroby kukurydzy oraz ich zwalczanie. Technologia produkcji kukurydzy. Wydawnictwo „Wiś Jutra”, Warszawa.
- Mrówczyński M., Wachowiak H., Boroń M. 2003. Groźny szkodnik jesieni 2003 r. Ochrona roślin. 10: 24 — 26.
- Mrówczyński M., Boroń M. 2004. Łączne stosowanie agrochemikaliów w kukurydzy. Technologia produkcji kukurydzy. Wydawnictwo „Wiś Jutra”, Warszawa.
- Walczak F. 2002. Uwaga na rolnice i inne szkodniki glebowe. Ochrona roślin 8: 8 — 10.

GEORGE FOHNER
STANISŁAW NALEPA
Resource Seeds, Inc. Gilroy, USA

Marketing of triticale for grain production in the U.S.A.

Marketing pszenżyta przeznaczonego na ziarno w USA

W 2002 roku w USA zebrano na ziarno pszenżyto jedynie z 10000 ha. Pszenżyto jest tam wyłącznie zbożem pastewnym i musi konkurować z kukurydzą i soją. Nowe odmiany pszenżyta plonują do 15% wyżej niż pszenica, jednak nie zawsze wystarcza to na zrekompensowanie niższej ceny ziarna i braku subsydiów rządowych, które są dostępne dla uprawiających pszenicę. Polskie odmiany pszenżyta odegrały znaczącą rolę w rozwoju produkcji pszenżyta na ziarno w USA. Podatność odmian Bogo i Alzo na rdzę żółtą wstrzymała ich wdrażanie, ale ród MAH 3800 rokuje dobrze. Resource Seeds, Inc. stara się pobudzić do rozwoju rynek ziarna pszenżyta poprzez koordynację podaży i popytu oraz zapewnienie odpowiedniego zysku pośrednikom handlowym i hodowcom. Na Północnym Zachodzie USA stworzony został system kontroli dystrybucji ziarna siewnego i skupu plonów, we współpracy ze spółką handlową i grupą producentów, który umożliwił także uzyskanie funduszy na prace badawcze, hodowlane i na szkolenie farmerów. Cena ziarna pszenżyta jest ustalana w zależności od zawartości w nim białka i lizyny oraz od cen alternatywnych pasz na rynku. Bardzo obiecującym rynkiem dla pszenżyta jest rejon Południowego Wschodu przodującego w produkcji wieprzowiny i drobiu, gdzie powszechnie wykorzystuje się do skarmiania pszenicę i gdzie istnieje deficyt ziarna paszowego. Zastąpienie tam pszenicy pszenżytem nie tylko poprawiłoby bilans pasz, ale i bilans azotu i fosforu w agro-ekosystemie. Produkcja zwierzęca uwalnia do środowiska zbyt duże ilości tych pierwiastków, pochodzących głównie z importowanej kukurydzy i soi. Włączenie w obieg materii rośliny uprawianej na miejscu i tak dobrze wykorzystującej azot i fosfor jak pszenżyto pozwoliłoby zmniejszyć ilość uwalnianego azotu o ok. 25%. Resource Seed, Inc. nawiązało współpracę zarówno z kadrą uniwersytecką jak i przodującymi rolnikami w tym regionie, w celu rozbudzenia zainteresowania producentów i użytkowników ziarna pszenżyta. Jednocześnie nawiązano współpracę ze spółkami nasiennymi, które zapewniają rozprowadzanie ziarna siewnego i skup plonów, podobnie jak w rejonie Północno-Zachodnim. Takie działania na całej długości łańcucha marketingowego wymuszają ocenę produktu przez rynek, który powinien niebawem zweryfikować przydatność pszenżyta w warunkach USA.

Słowa kluczowe: bilans azotu, bilans fosforu, marketing, pszenżyto, USA, ziarno paszowe

Key words: nitrogen management, phosphorus management, marketing, triticale, U.S.A., feed-grain

Grain markets have proven to be difficult to develop for triticale in the U.S. As reported in the latest Census of Agriculture published by the U.S. Department of Agriculture (Census of Agriculture 2002), in 2002 less than 10,000 ha of triticale were harvested for grain in the entire country. Of that, the majority was produced in the states of Kansas, Nebraska, Oregon, Texas, and Washington.

In the last few years, however, the availability of improved varieties and the increased importance of environmental issues have renewed interest in grain triticale the U.S. Compared to previous varieties, new varieties of triticale have improved agronomic traits and higher test weight, and some produce 15% higher grain yield than wheat. A yield advantage of 15% or more is necessary for success of triticale grain production because almost all triticale grain now used in the U.S. is used for animal feed. The value of triticale for feed use, which is dictated by the prices of the maize and soybean meal that the triticale grain replaces, is usually much lower than the price received for wheat used for human food uses. The higher yield of triticale is essential to compensate the grower for the lower price received for triticale compared to wheat, and for the lack of government support payments that are often available for wheat and not triticale.

Varieties bred in Poland have played a prominent role in the development of triticale grain production in the U.S. The variety Presto provided an important breakthrough in seed yield potential and agronomic suitability in several parts of the country, and is still grown for grazing in the southcentral U.S. The high grain yield potential of the variety Bogo was a catalyst for beginning of one grain production program, which unfortunately has been discontinued because of problems with stripe rust and low feed-grain prices. The use of Alzo in that grain program also was discontinued because of stripe rust, but that variety is now being tested commercially in another production region where stripe rust is not a problem. The variety MAH 3800 shows promise for the future in the U.S.

The approach taken by Resource Seeds, Inc. and its cooperators to develop triticale grain markets in the U.S. has been guided by four key considerations. Access to the genetics. Breeders spend many years and much investment developing triticale varieties. To have access to those varieties, the marketing program must assure the breeders that they will share in the value created by those varieties. In other words, the program had to deter unauthorized use of the varieties while generating royalties for the breeders who developed them. Coordination of supply and demand. Historically an obstacle to the production and use of triticale grain in the U.S. has been the lack of coordination between supply and demand. Potential producers have been hesitant to grow triticale grain until they are confident that there are buyers for the grain who would pay a satisfactory price. Potential users of the grain have been reluctant to commit to purchasing triticale grain or to specify a price until they are confident that supply would be adequate to justify changing to triticale, and until they have determined the value of the triticale grain for meeting their needs.

To succeed where previous efforts have failed the marketing program must include a well-coordinated, efficient system for conveying price signals and grain between growers and grain users.

Adequate income for market intermediaries. To solve the "what comes first" problem involving producers and users, success depends on someone making a commitment to assure growers of a worthwhile market and assure grain users of a convenient, consistent supply of enough grain to justify changing to triticale from other grains. Unless the marketing program provides fair compensation for the effort, expense, and risk of establishing value and making a market, no one will fulfill that essential role. Funding for research and education to maximize crop value. To fulfill the potential of the triticale varieties and marketing program, research and education efforts are needed on how best to grow and use the grain. During the first years of a program, the need for research is at its highest, while research funding from traditional sources is at its lowest, so additional assessments to support research are needed.

In light of these considerations, to develop a triticale grain market in one part of the Northwest U.S., Resource Seeds has worked with a diversified agricultural marketing company to contract and coordinate the production and use of the grain. Prior to planting time, the company assesses the level of demand for the grain and establishes production targets. Based on those targets, seed of the triticale varieties is sold to growers who agree to market the triticale grain they produce back through the marketing company, creating a "closed loop". This closed loop assures reliable markets for producers and reliable supply for grain users, and assures that the breeders of the two varieties are compensated for use of the varieties because seed is available only to those who participate in the marketing program. In addition to paying the grower for the grain, the marketing company is responsible for the cost of operating the marketing program and for payments due to the grain commission and an additional assessment for research, and market development.

Elsewhere in the Northwest U.S., Resource Seeds has worked with a group of growers and grower-owned cooperatives to implement a triticale grain program. That program began by quantifying the value of the triticale grain for swine and poultry producers in the area, then developing relationships with those buyers to obtain their commitment to buy the grain at a price determined by the research. As in the other Northwest marketing program, the coordinator of the program gauges how much grain can be sold to the swine and poultry companies that will use the product, then seeks to match that by selling seed to growers who agree to sell the grain back to the marketing program. The grain produced by the growers goes into storage at the grower-owned cooperatives, is analyzed for crude protein and lysine, then is supplied to the swine and poultry producer as requested, at a price determined by the lysine content and the prices of alternative feeds at the time of the sale. For some buyers, price is typically determined by a linear programming model and the matrix of prices of alternative feeds available at that time to the buyer. For other buyers, price is determined with a formula based simply on the price of maize and soybean meal, which are the dominant feeds in the area.

Triticale grain also has potential as an animal feed in the Southeast U. S., as reflected by the fact that in many years the price at harvest of the soft red wheat grown there is typically very close to the price of maize, and a large proportion of the wheat crop grown in the area is used for feed. Triticale varieties that have higher grain yield than wheat would have a higher market value per acre than the wheat sold for the same feed market, although

this yield advantage can be overshadowed by government subsidies for wheat, and by growers' reluctance to plant triticale and forego any chance at occasional high wheat prices for food use.

The Southeast is a leading production region for swine and poultry, and as a region does not produce nearly enough feed to meet the needs of that livestock industry.

The livestock producers, and in particular the swine producers, have had excellent results feeding triticale grain. The presence of a large, receptive livestock industry in a feed-deficit area offers a significant opportunity for triticale grain.

One of the most important factors currently stimulating interest in triticale in the Southeast is the environmental problem associated with the large livestock industry in the region. Each year, millions of tons of maize and soybean meal are shipped into the Southeast for feed. A significant portion of the nitrogen and phosphorous in that feed ends up in the effluent from animal feeding operations, thereby creating a major environmental problem for the region. Triticale already is being used as a forage crop to help manage that effluent, and to minimize the movement of nitrogen and phosphorous into streams. Use of locally grown triticale grain as feed would reduce the amount of feed that needs to be brought in from other regions, and in effect would recycle livestock effluent back into feed, thereby helping to improve the overall "nutrient budget" of the region. Use of triticale instead of maize can substantially reduce the amount of phosphorous effluent from the feeding operations because of the significantly higher bio-availability of the phosphorous in triticale grain compared to maize. The higher bio-availability results in more efficient use and less excretion of the phosphorous by the animal. Use of triticale grain supplemented with lysine and threonine amino acids can replace the soybean meal as well as the maize in the ration, producing equally good animal weight gains and meat quality as the maize-soy ration while reducing the amount of nitrogen excreted from the animal by over 25%.

Within this generally favorable opportunity for triticale grain production in the Southeast U. S., Resource Seeds has worked with university researchers to document the yield potential and feed value of triticale varieties, and the benefits of triticale to improve the management of nitrogen and phosphorous. On this foundation of university work, Resource Seeds initiated pilot production with progressive farmers, and supplied grain to livestock producers for evaluation. As these steps were being taken to generate interest among growers and uses of grain, Resource Seeds approached seed and grain companies about production and distribution of seed to create "closed loop" programs like those being used in the Northwest.

Within this generally favorable opportunity for triticale grain production in the Southeast U.S., Resource Seeds has worked with university researchers to document the yield potential and feed value of triticale varieties, and the benefits of triticale to improve the management of nitrogen and phosphorous. On this foundation of university work, Resource Seeds initiated pilot production with progressive farmers, and supplied grain to livestock producers for evaluation. As these steps were being taken to generate interest among growers and uses of grain, Resource Seeds approached seed and grain companies about production and distribution of seed to create "closed loop" programs like those being used in the Northwest.

In its efforts to develop triticale grain markets, Resource Seeds has begun at the two ends of the marketing chain: providing superior triticale genetics at one end, and getting commitments from companies to purchase the grain at the other end. The efforts at the two ends of the marketing chain determine the value of the product and the context within which all the other necessary links in the marketing chain must be forged. The outcome of the ongoing marketing efforts will reveal whether the total value of the triticale grain now being marketed is large enough to sustain the triticale breeding programs, seed producers, grain producers, marketing companies, and other participants who fulfill the essential links in the triticale grain marketing programs in the U.S.

MIKE TAYLOR

Limagrain-Nickerson 31226 Peine-Rosenthal, Niemcy

Wprowadzenie odporności na fuzariozę kłosów do europejskich programów hodowlanych pszenicy ozimej

Introduction of scab resistance to European breeding programs of winter wheat

Recent changes in climate and agricultural practices (growing acreage of maize and winter wheat, reduced tillage) increase the danger of a wide scab (fusarium head blight) attack on winter wheat in Europe. Majority of the countries, where the risk of the disease has been low, including Poland, are not well prepared to the imminent epiphytosis. There is no common European system for screening and elimination of grain and flour contaminated with the *Fusarium* toxins, however some work on proper regulations is in progress. The present attitudes in variety testing and registration usually do not accept some yield decrease in forms showing higher resistance to the fusarium head blight. Fungicides are insufficiently effective, if applied on susceptible varieties or at low level of agrotechny. Therefore, the improvement of scab resistance is a serious challenge for wheat breeders. The European population of wheat varieties is much variable in respect of the resistance. The known sources, as Sumai 3 and Type II, are difficult in routine breeding application; they are usually lost in early generations of crosses, if artificial inoculations are not applied. In Germany, spread of post-harvest remains of maize proved to be an effective inoculation method, which ensures constant and long lasting dissemination of the spores. In comparison with the spraying methods, the inoculation proceeds in a more natural way, from beneath. The prospects of DNA markers use are also optimistic. The co-operation between agricultural institutes and private breeders is expected to prevent the catastrophic epiphytosis, similar to that occurred in North America. There is a demand, addressed to the institutes, for pre-breeding of appropriate wheat forms, which combine short stature with high level of the resistance. There is also a need for research on the relationships between the resistance and flowering biology.

Key words: breeding, fusarium head blight, inoculation resistance, winter wheat

Słowa kluczowe: fuzarioza kłosów, hodowla, inokulacja, odporność, pszenica ozima

Unia Europejska składająca się z 25 krajów jest bardzo zróżnicowana klimatycznie. Skala problemu *Fusarium* jest również zróżnicowana: w niektórych krajach prawie nie występuje, w innych zaś jest bardzo wysoka. Ryzyko epidemii jest więc także zróżnicowane; w Wielkiej Brytanii występuje raz na dwadzieścia lat, na Węgrzech niemalże każdego roku.

Rejony podwyższonego ryzyka to głównie kraje klimatu kontynentalnego, o dużym udziale kukurydzy w płodozmianie, tradycją siewu bezpośredniego przy minimalnej uprawie. Podwyższenie udziału w uprawie kukurydzy i pszenicy ozimej, połączone z zawężonym płodozmianem, zmiana technik uprawy, zmiany klimatyczne (globalne ocieplenie) spowodowały w ciągu ostatnich 15 lat wzrost obszarów zagrożonych chorobą.

Obserwacje występowania fuzariozy w Europie wskazują na podwyższenie udziału *F. graminearum* i obniżenie *F. culmorum*. *F. graminearum* ma pozycję dominującą w większości krajów Europy, w tym w Niemczech, Holandii, Wielkiej Brytanii. *F. nivale*, *F. poae* i *F. avenaceum* stanowią niskie zagrożenie z wyjątkiem krajów skandynawskich i przybałtyckich, lecz w niektórych latach ich regionalne zagrożenie może rosnać. Nawet kraje obniżonego ryzyka, takie jak Dania i Szwecja, zaczynają poważnie obawiać się zagrożenia epidemią *Fusarium*. Rozprzestrzenianie się wektora *Fusarium*, Orange Blossom Midge (*Sitodiplosis mosselana*) w rejonach nadmorskich Wielkiej Brytanii w ciągu ostatnich pięciu lat oraz wprowadzenie subsydiowania programów zapobiegających erozji i degradacji gleb (uprawa bez orki), może tylko spowodować wzrost ryzyka wystąpienia epidemii. Jak na razie nie ma jeszcze dramatycznej zmiany sytuacji w Europie, w porównaniu do tej, która wystąpiła w Stanach Zjednoczonych i Kanadzie we wczesnych latach 90.

Unia Europejska wprowadziła limity zawartości substancji toksycznych występujących w płodach rolnych wskutek porażenia fuzariozą, DON (dezoksyniwalenol) i ZEA (zearalenon). Obecny dopuszczalny poziom wynosi 1250 µg DON / kg nieoczyszczonej pszenicy chlebowej i 1750 µg DON / kg pszenicy *durum*. Przepisy zamierza się wprowadzić do ustawodawstwa poszczególnych krajów na przełomie lat 2006/2007.

W Niemczech już w 2004 roku wprowadzono ścisłe limity zawartości toksyn. Maksymalna zawartość DON dla zbóż przeznaczonych do bezpośredniej konsumpcji wynosi 500 mg/kg. Wprowadzono też zakaz domieszania partii ziarna o przekroczonym limicie do partii ziarna spełniającego wymagania zdrowotne.

Dotąd nierozwiązane są problemy związane ze standaryzacją testu ELISA oraz opracowaniem szybkiej metody kontroli zawartości toksyn w punkcie skupu. Standardową metodą odwoławczą jest metoda HPLC.

Młynarze w Niemczech już od kilku lat handlują zbożem o zawartości maksimum 350 µg DON / kg. Stosują test nazywany „Accuscan ELISA Capillary Diffusion”, który w ciągu kilku minut daje odpowiedź o zawartości DON powyżej 1000 µg/kg ziarna, przy cenie 20 € za próbę. Pomiary za pomocą aparatury NIR nie dają wiarygodnych wyników w zakresie wprowadzonych dla DON limitów, lecz wydaje się, że jest już zauważalny postęp w opracowywaniu tzw. elektronicznego nosa.

Istnieją bardzo dobre kontakty pomiędzy hodowcami a instytucjami naukowymi realizującymi prace badawcze i przed hodowlane:

- Eureka — Cerequal,
- INRA Francja,
- IFA Tulln, Austria,
- FAL Reckenholtz, Szwajcaria,

- John Innes Institute, Wielka Brytania,
- Szeged Institute, Węgry,
- Univ. Hohenheim, BAZ, BBA, Niemcy.

Większość hodowli zbóż w krajach Unii Europejskiej znajduje się w prywatnych rękach. Dawniejsze państwowe firmy hodowlane krajów Europy Centralnej i Wschodniej są obecnie na różnych etapach prywatyzacji. Hodowcy muszą zarabiać na sobie poprzez opłaty hodowlane i w tym sektorze konkurencyjność jest bardzo wysoka. Trzeba jednak wziąć pod uwagę, że średnio w UE rolnicy kupują ok. 50% materiału siewnego potrzebnego pod zasiewy, od 8% w Polsce, do 85% w Danii i Szwecji.

Rejestracja odmian w krajach UE ma charakter narodowy. Każdy kraj posiada swoją własną Listę Krajową lub Listę Odmian Rekomendowanych, a także własny system doświadczeń porejestrowych. Ocenę odmian pod kątem odporności na fuzariozę, tak jak i ocenę odporności na inne choroby, każdy kraj realizuje według własnego systemu i jak dotąd, nie ma woli do harmonizacji systemu badań odpornościowych. Bezpośrednie porównanie odmian ocenianych w różnych krajach jest bardzo utrudnione.

Ocena odporności odmian na fuzariozę figuruje w listach opisowych odmian w GB, F, D, NL, CH i A. DK, S, PL i H nie publikują takich danych.

Oficjalne metody oceny różnią się znacznie w różnych krajach. Tam, gdzie stosuje się wydzielone szkółki, wymagana jest inokulacja zawiesiną grzybni w różnych kombinacjach częstotliwości i intensywności. Niemcy zwracają obecnie w kierunku zastosowania szkółek z resztkami łodyg kukurydzy pozostałymi po zbiorze, jako jedynym źródłem infekcji. Resztki łodyg są rozrzucone na poletka w listopadzie w ilości 5 szt./m². Uważa się, że jest to bardziej naturalna metoda infekcji — spory przemieszczają się od dołu ku kłosowi, a nie odwrotnie. W tej metodzie wysokość roślin oraz zagęszczenie również odgrywają ważną rolę. Jak dotąd dokonuje się tylko wizualnej ocena skali infekcji. Tylko we Francji rozważa się wprowadzenie pomiarów zawartości DON do oceny odporności odmian.

W większości krajów starej piętnastki UE plantacje pszenicy opryskuje się co najmniej jeden raz fungicydami — przy średnio dwóch opryskach, a w niektórych regionach nawet 3–4. Niższy poziom ekonomiczny nowej dziesiątki UE ogranicza stosowanie fungicydów, ale taka sytuacja zmienia się szybko wraz z rozwojem tych krajów.

Dostępność fungicydów w racjonalnej cenie powoduje, że odporność na choroby grzybowe w programach hodowlanych winna ograniczać się do takiego poziomu, który gwarantuje zarówno rejestrację odmiany jak i akceptację odmiany przez rolników. Wysoki potencjał plonowania przy zastosowaniu ochrony fungicydami jest najwyższym priorytetem w programach hodowlanych. Ignorowanie tego faktu hodowca czyni na własne ryzyko. Hodowla w kierunku odporności na fuzariozę wymaga więc od hodowcy działań racjonalnych. Hodowca może na tyle wprowadzać odporność, na ile plonowanie nie jest znacząco obniżone. Wiele wysoko odpornych odmian w ostatnich kilku latach nie weszło do uprawy, ponieważ ich potencjał plonowania odbiegał od odmian mniej odpornych. Z drugiej strony, fuzarioza jest pewnym wyjątkiem wśród chorób grzybowych z powodu niepełnej skuteczności oprysków. Dlatego też, aby obniżyć niebezpieczeństwo infekcji,

należy mieć na uwadze kombinację trzech czynników: odmianę, rodzaj fungicydu oraz sposób uprawy roli.

Obecnie najlepszymi fungicydami kontaktowymi są Folicur i Caramba, a lokalnie można też stosować uniwersalny Input-Set firmy Bayer, zawierający aktywne składniki Protiokonazol i Spiroxaminę. Jeśli dostępne będą całkowicie skuteczne preparaty fungicydowe, genetyczna odporność odmian będzie mniej ważna.

Hodowcy stosują różne metody testowania odporności. Szeroko stosowane są opryski zawiesziną sporów, zarówno w wydzielonych szkółkach, jak i na poletkach doświadczalnych po przekątnej lub na półmetrowym pasie przy krawędzi. W Niemczech popularna staje się inokulacja resztkami ścierniskowymi kukurydzy w wydzielonych szkółkach, w połączeniu z nawadnianiem zraszczaczami. Przewaga tej metody w porównaniu z inokulacją zawiesziną sporów jest taka, że askospory są uwalniane w długim okresie, zatem ryzyko zaniku infekcji jest znikome.

Hodowla w kierunku odporności na fuzariozę otrzymała nowy impuls w Europie poprzez wprowadzenie limitu zawartości toksyn. W Niemczech Regionalne Izby Rolnicze zaleciły badanie odporności w doświadczeniach porejestrowych. Francja rozważa podobne badania.

W Niemczech i innych regionach hodowcy stosowali cechy morfologiczne takie jak: wysokość roślin, typ kłosa — jako podstawę do hodowli odpornościowej. W niemieckiej puli genowej korelacja pomiędzy wysokością roślin a odpornością na fuzariozę wynosi 0,6–0,7. Jednakże w rejonach nadmorskich Wielkiej Brytanii, przy wysokim prawdopodobieństwie wylegania, takie rozwiązanie nie jest korzystne. Konieczne jest poszukiwanie innych form odporności.

Biologia kwitnienia stwarza możliwości wytworzenia krótkosłomych odmian z akceptowalną odpornością na fuzariozę. Doniesienia z USA i Kanady pokazują, że cecha kwitnienia z otwartymi kwiatami może odgrywać rolę w pierwszej infekcji. Wiadomo też, że niewychylone lub częściowo wychylone pylniki są pierwszym miejscem inwazji sporów *Fusarium* do kwiata (B. Stefenson, Sympozjum, 2001). Występują bardzo duże różnice pomiędzy odmianami w stopniu wychylenia pylników. Te różnice, warunkowane genetycznie, są łatwe do oceny. Były też w przeszłości wykorzystywane w programach hodowli mieszańcowej do selekcji dawców pyłku męskiego. Według naszych niepublikowanych danych z lat 1998–2003, korelacja pomiędzy wychyleniem pylników a infekcją *Fusarium* wynosi -0,6 do -0,7. Rok 2004 był pod tym względem trudny do zrozumienia, z wyższym, w porównaniu do lat poprzednich, wychyleniem pylników i z pylnikami uwięzionymi w połowie w kwiatach, choć ogólna tendencja została zachowana. Są także doniesienia, że w odporności ważna jest także wielkość pylnika.

Cecha otwarto-zamkniętego kwitnienia (open-closed flowering) była również wykorzystywana w przeszłości w programach hodowli mieszańcowej. Wysoki stopień otwartego kwitnienia jest konieczny do właściwego przyjęcia pyłku od męskiego dawcy. Jednak bez użycia gametocydu trudno jest tę cechę zaobserwować. Byłoby interesujące sprawdzić, czy jakieś loci związane z odpornością na fuzariozę korelują z cechami otwartego kwitnienia.

Jest jeszcze za wcześnie, aby ocenić, na ile te cechy są użyteczne na szerszą skalę. Dane o wychyleniu pylników potwierdziły swoją wartość w naszym programie wstępnej selekcji u wczesnych pokoleń materiału hodowlanego, w latach o niskim zagrożeniu fuzariozą. Trzeba jednak wyjaśnić, że biologia kwitnienia ma znaczenie tylko przy pierwszej infekcji, zaś nie odgrywa żadnej roli w rozprzestrzenianiu się patogenu od kłosa do pozostałej części kłosa.

Występują zauważalne różnice w zachodnioeuropejskiej puli genowej w stosunku do odporności określanej jako Typ II — występującej w kłosach, mimo że na znacznie niższym poziomie w porównaniu do Sumai 3. W Niemczech w 2004 r. z dużymi opadami i wysokimi temperaturami po kwitnieniu, odmiany nieodporne na Typ II były stosunkowo silniej porażone niż w poprzednich latach. Potrzeba wprowadzenia specyficznej odporności Typu II zależy od regionalnego zagrożenia fuzariozą. Choć można uzyskać odmiany zawierające odporność Typu II o poziomie plenności porównywalnym do odmian konwencjonalnych, to jest niewątpliwe, że one mogą być uprawiane w rejonach umiarkowanego i niskiego ryzyka.

Kraje takie jak Węgry i Rumunia, z wysokim zagrożeniem fuzariozą, są z pewnością bardziej zaawansowane w walce z tym patogenem, aniżeli kraje zachodnie. Większość hodowców niemieckich i austriackich wprowadza Sumai 3, rumuńskie i węgierskie źródło odporności. Wczesna selekcja w warunkach polowych jest jednakowoż trudna a krzyżowanie wsteczne jest ciągle konieczne. Także trudno jest sobie wyobrazić szerokie zastosowanie inokulacji pojedynczych kłosów poza projektami badawczymi. Linie przedhodowlane dostępne w instytutach badawczych wydają się najlepszym źródłem materiałów dla hodowców — praktyków.

Rozwój metod i zastosowanie markerów użytecznych w pracach selekcyjnych jest w tym kontekście bardzo ważne. Bez zastosowania specyficznych markerów na wczesnych etapach selekcji odporności Typu II jest niemal pewne, że ta odporność zostanie utracona.

Chociaż markery na odporność Typu II są obecnie dobrze opisane, ich użycie jest jeszcze na etapie badań w zachodnioeuropejskich programach hodowlanych. Hodowcy są, ogólnie rzecz biorąc, raczej powolni we wprowadzaniu nowych technologii. Markery wykorzystują tylko w tych przypadkach, w których zawodzi selekcja na polu. W ostatnich 25 latach szeroką akceptację wśród hodowców znalazły tylko markery białkowe wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych, a ostatnio markery izoenzymatyczne i DNA na odporność Pch1 *Pseudocercospora herpotrichoides* (łamliwość liści).

Podczas, gdy metody biotechnologiczne oraz zastosowanie markerów w pracach hodowlanych jest powszechnie akceptowane, to jednak wprowadzenie w Europie tzw. „zielonej rewolucji” akceptacji nie znajduje. Jest niewątpliwe, że każde rozwiązanie z zakresu technologii genowej (gene-tech) prowadzące do rozwiązania problemu fuzariozy byłoby akceptowane w dającej się przewidzieć przyszłości. W Wielkiej Brytanii, Niemczech i Francji Syngenta testowała linię pszenicy jarej UC 703 posiadającą wzmocnioną odporność na patogena *Fusarium*, ale rejestracja linii okazała się mało prawdopodobna. Aktualne koszty rejestracji, a także restrykcje w stosunku do technologii genowej powodują, że jest mało prawdopodobne, aby prywatni hodowcy podążyli tą drogą.

Podsumowując, zmiany w klimacie oraz w praktyce rolniczej zwiększają ryzyko wystąpienia epidemii fuzariozy w Europie, ale jak dotąd nie nastąpiła jeszcze tak katastrofalna epidemia jak w USA i Kanadzie. Należy mieć nadzieję, że prywatnym hodowlom finansowanym z efektywnie działającego systemu opłat hodowlanych, we współpracy z instytutami naukowymi, uda się uniknąć takiej katastrofy na „starym kontynencie”.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Józef Pilch	Genetyczne możliwości ulepszania jakości ziarna pszenicy ozimej <i>Triticum aestivum</i> L. w efekcie hybrydyzacji introgresywnej z <i>Triticum durum</i> Desf. Genetic possibilities of grain quality improvement of winter wheat <i>Triticum aestivum</i> L. in the effect of introgressive hybridization with <i>Triticum durum</i> Desf.	5
Edward Witkowski Jacek Waga Amelia Bielawska Krystyna Witkowska Helena Luber	Wpływ selekcji na częstotliwość występowania podjednostek glutenin kodowanych chromosomem 1A w populacjach mieszańcowych pszenicy ozimej The influence of selection on the frequency of HMW glutenin subunits coded by chromosome 1A in winter wheat hybrid populations	17
Jacek Waga	Dziedziczenie wybranych frakcji białek gliadynowych u mieszańców orkiszu z pszenicą zwyczajną Inheritance of certain gliadin proteins in spelt and common wheat hybrid genotypes	25
Paweł Cz. Czembor Aleksandra Pietrusińska	Zastosowanie selekcji wspomaganą markerami molekularnymi do wprowadzenia genu <i>Lr50</i> odporności na rdzę brunatną (<i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>) do pszenicy The use of marker-assisted selection for introduction of leaf rust resistance gene <i>Lr50</i> (<i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>) to wheat	41
Halina Góral Grzegorz Jagodziński	Zmienność wykształcenia pylników w obrębie roślin pszenżyta ozimego z cytoplazmą <i>Triticum timopheevi</i> Variation of anther development in individual plants of winter tritcale with <i>Triticum timopheevi</i> cytoplasm	49
Miłosz Smolik Danuta Rzepka-Plevneš Katarzyna Gryś	Genetyczne zróżnicowanie białek zapasowych kilkunastu odmian pszenżyta ozimego (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) Genetic variability of storage proteins in some winter tritcale (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) varieties	55
Andrzej Oleksy Aleksander Szmigiel	Wielkość i struktura plonu mieszanek pszenżyta z pszenicą ozimą w zależności od udziału komponentów Amount and structure of yield of tritcale and winter wheat mixtures depending on proportions of the components	65
Jan Olejniczak Małgorzata Adamczak Wojciech Mikulski	Ocena struktury składników plonu linii mutantów pszenżyta ozimego w różnych miejscowościach Estimation of yield components in mutant lines of winter tritcale at different locations	75
Zygmunt Kaczmarek Wojciech Mikulski Tadeusz Adamski Maria Surma	Plonowanie wybranych rodów pszenżyta ozimego na różnych etapach selekcji w perspektywie ich sukcesu hodowlanego Yielding of winter tritcale lines in different phases of selection process as a measure of their breeding success	81

Helena Grzesik	Zdolność kombinacyjna i efekt heterozji komponentów plonu kilku odmian i rodów pszenżyta jarego (<i>X Triticosecale</i> Witt.)	91
Stanisław Węgrzyn	Combining ability and heterosis effect of yield components of some	
Henryk Cichy	spring triticale varieties and strains	
Grzegorz Milewski		
Halina Góral	Hodowla dopełniaczy i restorerów dla systemu cms- <i>T. timopheevi</i>	99
Ludwik Spiss	u pszenżyta jarego	
	Development of maintainer and restorer genotypes for cms- <i>T. timopheevi</i> system in spring triticale	
Piotr Nieróbca	Reakcja nowych odmian pszenżyta jarego na opóźnienie terminu siewu w warunkach różnego zagęszczenia roślin	105
	Response of new varieties of spring triticale to the delay in sowing term at different plant densities	
Tomasz Warzecha	Podatność auto- i alloplazmatycznych linii pszenżyta na zgorzel siewek wywołaną przez <i>Fusarium culmorum</i> (W.G.Sm.) Sacc.	109
Halina Góral	Susceptibility of auto- and alloplasmic triticale lines to seedling blight caused by <i>Fusarium culmorum</i> (W.G.Sm.) Sacc.	
Bogusław Łapiński	Próba zastosowania żytniej cytoplazmy typu Pampa w hodowli heterozyjnej pszenżyta	115
	An attempt at application of the rye Pampa cytoplasm in hybrid breeding of triticale	
Agata Markowska	Zmienność białek zapasowych i cech morfologicznych wybranych dzikich gatunków żyta (<i>Secale</i> sp.)	125
Danuta Rzepka-Plevneš	Electrophoretic variability of storage protein and morphological features of some rye species (<i>Secale</i> sp.)	
Maria Surma	Fenotypowe i genetyczne zróżnicowanie rodów jęczmienia jarego	137
Tadeusz Adamski	Phenotypic and genetic divergence of spring barley breeding lines	
Andrzej Bichoński		
Zdzisław Biliński		
Zbigniew Bystry		
Piotr Jarosz		
Zygmunt Karczmarek		
Anetta Kuczyńska		
Karolina Krystkowiak		
Wojciech Mikulski		
Jadwiga Nadziak		
Wanda Orłowska-Job		
Zdzisław Paszkiewicz		
Michał Rębacz		
Anna Sybilska		
Alicja Pecio	Analiza przestrzennej zmienności plonu i zawartości białka w ziarnie jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego	147
Krzysztof Kubsik	Analysis of spatial variation of spring barley grain yield and protein content within a production field	
Andrzej Bichoński		
Alicja Pecio	Przyczyny zmienności plonu i jakości ziarna jęczmienia jarego w obrębie pola produkcyjnego	157
Krzysztof Kubsik	The reasons of grain yield and quality variation in a production field of spring barley	
Andrzej Bichoński		

Bogusława Jaśkiewicz	Kształtowanie pokroju rośliny odmian jęczmienia jarego w warunkach różnego składu spektralnego promieniowania Shaping of plant habit of spring barley varieties under different spectral composition of radiation	167
Aleksander Szmigiel Andrzej Oleksy	Plonowanie form nagich i oplewionych jęczmienia jarego i owsa w mieszankach i siewie czystym na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego Yielding of naked and husked forms of spring barley and oat cultivated in mixtures and in pure stands on a soil of very good wheat complex	173
Henryk J. Czembor Jerzy H. Czembor	Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) w Polsce w roku 2001 Pathogenicity of barley powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) in Poland in 2001	183
Edyta Paczos-Grzęda Maria Chrząstek Danuta Miazga	Badania genetyczno-hodowlane mieszańców heksaploidalnego owsa <i>Avena sativa</i> L. × <i>Avena byzantina</i> Koch. Genetic and breeding studies of hexaploid hybrids <i>Avena sativa</i> L. × <i>Avena byzantina</i> Koch.	193
Elżbieta Czembor Roman Warzecha Józef Adamczyk Zbigniew Kurczych	Wytwarzanie materiałów wyjściowych kukurydzy o podwyższonej odporności na fuzariozę kolb i zgorzel podstawy łodygi Pre-breeding of maize with improved resistance to ear rot and stalk rot	203
Janusz Rogacki Józef Adamczyk	Rolnice — nowy szkodnik kukurydzy. Komunikat Cutworms — a new insect pest of maize. Short communication	215
George Fohner Stanisław Nalepa	Marketing of triticale for grain production in the U.S.A Marketing pszenżyta przeznaczonego na ziarno w USA	221
Mike Taylor	Wprowadzenie odporności na fuzariozę kłosów do europejskich programów hodowlanych pszenicy ozimej Introduction of scab resistance to European breeding programs of winter wheat	227