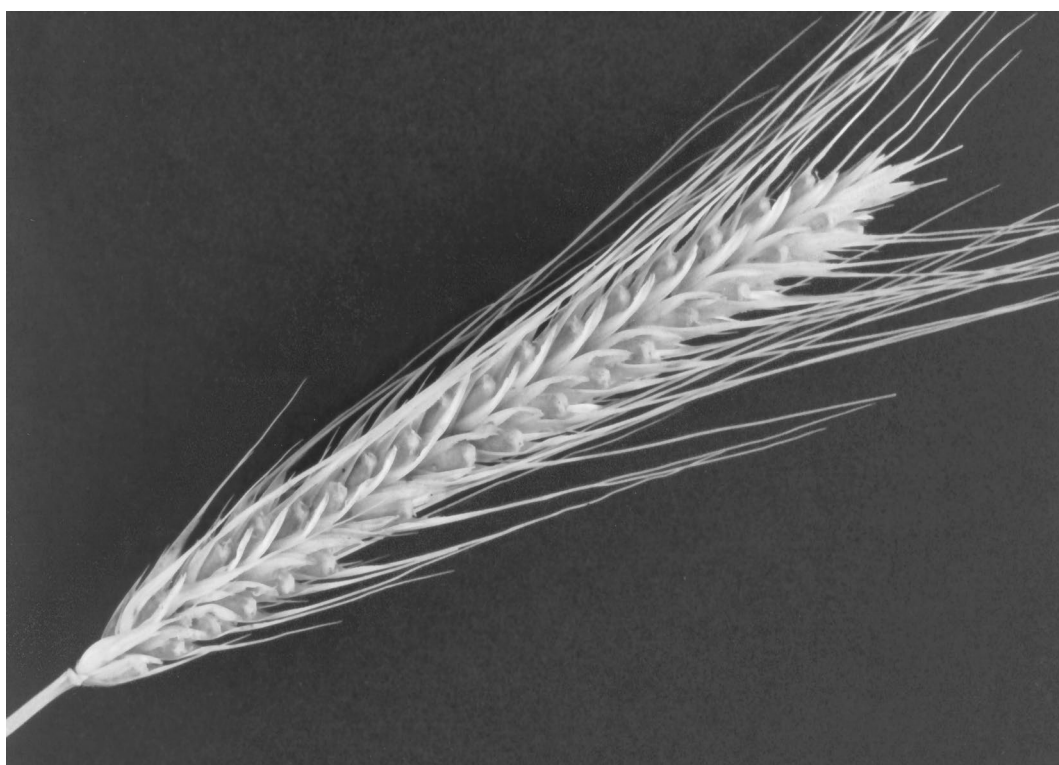




Ksenia u żyta

Fot. Lechosław Grochowski

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 230/2003



Ksenia u żyta. Fot. Lechosław Grochowski

RADZIKÓW 2003
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN — RADZIKÓW
05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

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

Komitety Redakcyjne:

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)

Wydanie publikacji dofinansowane przez Komitet Badań Naukowych

Redaktor techniczny i skład komputerowy
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o.

MATERIAŁY Z SYMPOZJUM

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

ZAKOPANE, 27–31 STYCZNIA 2003

KOMITET ORGANIZACYJNY:

PROF. DR HAB. EDWARD ARSENIUK
DR JACEK WAGA
DR ANNA STRZEMBICKA
DOC. DR HAB. HELENA GRZESIK
DR TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI
DR ANDRZEJ BICHOŃSKI
MGR TADEUSZ ZAWISKI

SPONSORZY SYMPOZJUM:

KOMITET BADAŃ NAUKOWYCH
SYNGETA, CROP PROTECTION SP.ZOO
PRECOPTIC, CO. WOJCIECHOWSCY
PROSCIENTIUM
DAR NATURY, PK-DISTRIBUTION SP. ZOO
BAHLEN SWEET
INTERMAG
PIEKARNIA HANKPOL
TYSKIE BROWARY KSIĄŻECIE
ZPHC MANLEDD

WARSZAWA UL. WSPÓLNA 1/3
POZNAŃ UL. GRONOWA 22
WARSZAWA, UL. ARKUSZOWA 60
WARSZAWA, UL. WIEJSKA 7
KRAKÓW, UL. VETULANIEGO 1A
SKAWINA, UL. PIŁSUDSKIEGO 1
OSIEK 174/AK/OLKUSZA
KRAKÓW, OSIEDLE II PUŁKU LOTNICZEGO
TYCHY UL. MIKOŁOWSKA 5
BŁONIE K/WARSZAWA, UL. BIENIEWICKA 115

ADAM J. LUKASZEWSKI

Department of Botany and Plant Sciences, University of California, Riverside, CA 92521, USA

Inżynieria chromosomowa w ulepszaniu roślin uprawnych

Chromosome engineering in improvement of crop plants

Inżynieria chromosomowa jest działaniem, mającym na celu wprowadzenie do rośliny uprawnej fragmentu chromatyny z pożądanym genem czy locus, bądź zmianę struktury chromosomów, podwyższającą wartość użytkową. Wytworzone konstrukty chromosomowe muszą kompensować nieobecność oryginalnego chromosomu; aby uniknąć wprowadzania cech sprzężonych introgresji z dzikich gatunków powinny obejmować minimalną ilość chromatyny. Techniki inżynierii chromosomowej obejmują losową fragmentację chromosomów i samoistne łączenie fragmentów w nowe układy, bądź wymuszoną rekombinację chromosomów. Fragmentacja produkuje znaczne liczby translokacji, ale większość z nich jest niekompensująca. Rekombinacja pozwala kontrolować pozycję i wielkość introgresji, ale często wymaga selekcji z olbrzymich populacji. Dobór metody powinien zależeć od celu zadania jak i dostępnych środków.

Słowa kluczowe: chromosom, crossing over, fragmentacja, introgresja, rekombinacja, translokacja

Chromosome engineering is an activity aiming at the introduction into crop plants of chromatin fragments with a desirable genes or loci, or changes in chromosome structure that increase crops' end value. New chromosome constructs must compensate the absence of original chromosomes; to minimize genetic drag, in introgressions from wild relatives the amounts of transferred chromatin should be kept at minimum. The available techniques include chromosome fragmentation followed by random fusion of fragments into chromosome structures, or induced recombination. The fragmentation approaches produce many translocations but a majority of them are non-compensating. Recombination offers a good measure of control of the location and size of the introgression but requires screening of large populations. The selection of the appropriate technique should be based on specific goals and the available resources.

Key words: chromosome, crossing over, fragmentation, introgression, recombination, translocation

WSTĘP

Chromosomy są nośnikami większości informacji genetycznej obecnej w komórkach organizmów wyższych. Z tego względu, jakiekolwiek doświadczenia genetyczne czy wysiłek hodowlany obejmują, *de facto*, manipulacje chromosomowe. W pewnych jednak sytuacjach, zwłaszcza, kiedy tworzy się mieszańce oddalone dla celów hodowlanych, konieczne są szczególne kroki, aby wymusić na chromosomach specyficzne zachowania,

bądź aby stworzyć nowe ich warianty czy formy. Takie świadome manipulacje chromosomami w celu ulepszenia roślin uprawnych zostały nazwane inżynierią chromosomową przez twórcę tej dziedziny, E. R. Sears'a (1981).

W ciągu kilku ostatnich dziesiętków lat hodowcy i genetycy roślin opracowali szeroki wachlarz technik i systemów manipulowania chromosomami, zarówno w celach badawczych jak i hodowlanych. Ten artykuł koncentruje się na technikach o bezpośrednim zastosowaniu w ulepszeniu roślin uprawnych; metody stosowane w badaniach naukowych, a bez praktycznego zastosowania w hodowli roślin, nie będą tutaj omawiane. Tym samym, głównym kryterium włączenia do niniejszego artykułu konkretnej techniki bądź systemu manipulowania chromosomami jest zastosowanie ich/jej wyników w praktycznej hodowli. Stosując takie kryterium jako punkt wyjściowy, można by sformułować następującą definicję inżynierii chromosomowej: **świadome działanie, mające na celu wprowadzenie z gatunku pokrewnego do uprawnego fragmentu chromatyny, który zawiera pożądaną gen czy locus, bądź taka zmiana struktury chromosomów w roślinie uprawnej, która podwyższa jej wartość użytkową.** W większości przypadków, inżynieria chromosomowa ma na celu przeniesienie do gatunków uprawnych, głównie z nieudomowionych gatunków pokrewnych, genów odporności na choroby, szkodniki, bądź niekorzystne warunki środowiska.

Ponieważ każda nowa odmiana musi przejść przez sito kryteriów rejestracji, oczywistym jest, że produktywność, szczególnie u roślin uprawianych na ziarno, nie może ucierpieć w wyniku manipulacji chromosomowych. W dyskusjach używa się argumentu, że jeżeli niekorzystny czynnik stresu biotycznego czy abiotycznego uniemożliwia uprawę danej rośliny, wprowadzenie odporności nawet przy wydatnie ograniczonej produktywności jest nadal korzystne. W rzeczywistości autorowi nie są znane szersze przypadki uprawy odmian o ograniczonej produktywności. Być może, dlatego że opłacalność uprawy takich odmian jest niska i rozsądniejszą alternatywą jest uprawa innego gatunku.

Wymóg normalnej produktywności linii introgresywnej wprowadza dwa ograniczenia zakresu manipulacji chromosomowych. Po pierwsze, wyprodukowany konstrukt chromosomowy musi być genetycznie ekwiwalentny do chromosomu, który ma zastąpić, czyli musi w pełni kompensować nieobecność oryginalnego chromosomu. Po drugie, ponieważ w większości przypadków dawcą pożądanego genu/locus jest dziki krewny, ilość chromatyny wprowadzanej do gatunku uprawnego wraz z pożądanym genem powinna być niewielka, aby uniknąć tzw. genetic drag, czyli wprowadzania sprzężonych cech z nieudomowionej puli genowej.

Nawet pobieżny przegląd literatury sugeruje, że w introgresjach międzygatunkowych i międzyrodzajowych istnieją poważne różnice pomiędzy gatunkami poliploidalnymi a diploidalnymi. Być może bardziej prawidłowe byłoby rozgraniczenie na gatunki autoploidalne, czyli posiadające kopie tego samego genomu, w tym i diploidy, oraz gatunki alloploidalne, czyli posiadające pary spokrewnionych, ale nieidentycznych genomów. Te różnice między auto- i alloploidami wynikają z oczywistego faktu, że wyłącznie koniugacja w biwalenty zapewnia regularną mejozę, czyli wysoką skuteczność produkcji genetycznie sprawnych gamet. Koniugacja w inne konfiguracje zawsze oznacza pewien

stopień niestabilności. Z tej obserwacji wynika, że w diploidach sprawniejsze formowanie biwalentów jest możliwe wtedy, kiedy kryteria doboru partnerów do koniugacji są luźne. Luźne kryteria pozwalają ignorować pewne różnice spokrewnionych, ale nieidentycznych chromosomów. Należy oczekiwać, przeto że jeżeli kryteria koniugacji są luźne, koniugacja homeologów jest dopuszczalna. Ponieważ koniugacja prowadzi do rekombinacji (crossing over), introgresja pożądaných genów/*loci* nie powinna nastręczać większych kłopotów. Ciekawym przypadkiem ilustrującym tego typu zachowanie chromosomów są mieszańce oddalone traw z rodzajów *Lolium* i *Festuca*, gdzie homeologi koniugują i rekombinują ze sobą z niesłychaną wprost częstotliwością (Zwierzykowski i in., 1999). Dzieje się tak pomimo olbrzymich różnic chromosomów na poziomie DNA: są one tak duże, że pozwalają na rozróżnianie pochodzenia fragmentów genomu za pomocą prostych technik hybrydyzacji *in situ* genomowego DNA. Sądząc z częstości introgresji, rekombinacja homoeologów w mieszańcach oddalonych ryżu (Jena i in., 1992), pomidorów (Chetelat i Meglic, 2000), ziemniaków (Guzowska-Zimnoch, 2001), i wielu innych diploidów również musi być częsta. W hodowli diploidalnych roślin uprawnych rutynowo stosuje się krzyżowania oddalone i wyprowadza linie introgresywne bez straty nawet chwili na wymyślne techniki manipulowania chromosomami. Nie są one konieczne.

W gatunkach allopoloidalnych sytuacja jest diametralnie różna. Te gatunki są skonstruowane z więcej niż dwóch zestawów chromosomów (genomów) i zazwyczaj te genomy są blisko spokrewnione. Tym samym, bez specjalnej kontroli spokrewnione chromosomy miałyby tendencje do koniugacji w konfiguracje obejmujące więcej niż pary (czyli w multiwalenty), co wydatnie obniżałoby regularność mejozy. Ten problem wyraźnie ilustrują doświadczenia z nowo wyprodukowanymi amfiploidami, jak pszenżyto, które są niestabilne mejotycznie i tym samym mają niską płodność. W sytuacji, kiedy w jądrze obecne są więcej niż dwa zestawy spokrewnionych chromosomów, korzystnym z punktu widzenia sprawności mejozy jest wprowadzenie sztywnych kryteriów doboru partnerów do koniugacji. Tylko restryktywne kryteria homologii zapewniają koniugację w biwalenty i wykluczają koniugację homeologiczną. Doskonałym przykładem restrykcyjnych kryteriów homologii jest pszenica, allopoloid złożony z trzech par blisko spokrewnionych genomów, A, B i D. Poza niewielkimi różnicami strukturalnymi, te genomy są praktycznie identyczne z punktu widzenia genetycznego (Gale i in., 1993), choć fizyczne różnice w budowie chromosomów są ewidentne. Genomy A, B i D w pszenicy nie są w stanie ze sobą koniugować, bo nie dopuszcza do tego system genetyczny *Ph*, z którego główny gen *Ph1* jest ulokowany na chromosomie 5B (Riley i Chapman, 1958; Sears i Okamoto, 1958). System *Ph1* pszenicy jest tak restrykcyjny, że często koniugacja *bona fide* homologów (w mieszańcach międzyodmianowych) jest utrudniona, bądź niemożliwa (Dvorak i McGuire, 1981). Przy tak restrykcyjnych kryteriach koniugacji praktycznie nie ma możliwości koniugacji homeologicznej i introgresji międzygatunkowej czy międzyrodzajowej wymagają skomplikowanych operacji. W zasadzie wyklucza to możliwość wykonania takich introgresji w rutynowy sposób bezpośrednio w programie hodowlanym.

Pszenica nie jest jedynym allopoloidem z restrykcyjnym systemem kontroli koniugacji chromosomów. Oznaki obecności podobnych systemów zaobserwowano w *Festuca*

arundinacea (Jauhar, 1993) i w alloploidach rodzaju *Agropyron* (M. Feldman, informacja ustna). Można bezpiecznie zakładać, że większość, jeżeli nie wszystkie, alloplidy z biwalentną koniugacją chromosomów w MI meiozy posiadają diploidyżujące systemy genetyczne podobne do systemu *Ph* w pszenicy, które rozpoznają stopień podobieństwa chromosomów i wykluczają koniugację homeologów (Dubcovsky i in., 1995; Luo i in., 1996).

METODY INŻYNIERII CHROMOSOMOWEJ

Zakres technik manipulowania chromosomami jest niezwykle bogaty, ale można je zgrupować w dwie kategorie: metody polegające na fragmentacji chromosomów oraz metody polegające na indukowanej rekombinacji. Każda kategoria ma zalety i wady.

Fragmentacja chromosomów polega na losowym rozrywaniu i losowym łączeniu powstałych fragmentów w nowe kombinacje (translokacje). Rozrywanie może odbywać się poprzez mechanizmy genetyczne bądź fizyczne. Wśród mechanizmów genetycznych, Masoud-Nejad i wsp. (2002) wykorzystali tzw. gametocidal chromosomes, chromosomy obcych gatunków, których obecność w pszenicy powoduje losowe cięcia chromatyny, w manipulacjach żytniego ramienia 1RS. Nieco mniej losowym sposobem byłoby wykorzystanie inwersji dla inicjacji tzw. breakage-fusion-bridge cycles w konkretnych ramionach chromosomów, ale ta metoda nie była jeszcze próbowana w celach hodowlanych. Wśród mechanizmów fizycznych najczęściej stosowane jest napromieniowanie albo całych roślin, albo ich części, co powoduje rozrywanie włókien chromatyny. Łączenie rozerwanych fragmentów jest samoistne i nie wymaga specjalnych wysiłków.

Inżynieria chromosomowa oparta na fragmentacji ma szereg zalet: nie wymaga pokrewieństwa chromosomów, specjalnych materiałów czy linii, doświadczenia bądź wiedzy o gatunku i wymaga stosunkowo niewielkich nakładów pracy. Jej zasadniczą wadą jest losowość. Biorąc pod uwagę olbrzymie ilości DNA w jądrach i tym samym, astronomiczną liczbę możliwych punktów zerwania chromosomów, nawet jeżeli nie są one rozmieszczone zupełnie losowo (Künzel i in., 2001) i jeszcze większą liczbę możliwych kombinacji łączenia zerwanych fragmentów, prawdopodobieństwo stworzenia kompensującej translokacji przez losową fragmentację jest znikome. Tym samym, losowe translokacje różnią się wyłącznie stopniem braku kompensacji. Niemniej, może się zdarzyć, że konstrukt chromosomowy wyprodukowany przez metody losowe nadaje się do wykorzystania w rolnictwie, jak zdarzyło się z introgresją z *Aegilops umbellulata* (Sears, 1956).

Skuteczność zastosowania metod fragmentacji może być różna w zależności o poziomu ploidalności manipulowanego gatunku. W diploidach, selekcja gametyczna automatycznie usuwa niekompensujące konstrukty chromosomowe. Tym samym istnieje dobra gwarancja, że translokacje przekazane do następnych pokoleń (generatywnych) spełniają przynajmniej minimalne wymogi genetyczne. Dla odmiany w poliploidach, pokusa korzystania z fragmentacji jest większa ze względu na niższe prawdopodobieństwo crossing over, a kompensacja dodatkowych gnomów pozwala na przeżycie niekompensującym translokacjom. Skutek jest taki, że pszenica, alloplid z bardzo

restryktywnym system kontroli koniugacji chromosomów, ma niekwestionowany rekord świata w liczbie publikacji naukowych poświęconych translokacjom, które aczkolwiek wyprowadzone do celów czysto praktycznych, są zupełnie bezużyteczne z praktycznego punktu widzenia (patrz Friebe i in., 1996).

Indukowana rekombinacja homoeologiczna jest podstawowym aspektem systemu inżynierii chromosomowej opracowanego przez E. R. Sears'a (1981). Jej wykorzystanie zależne jest od spełnienia kilku podstawowych wymogów: manipulowane chromosomy, tzn. dawca pożądanego cechy/*locus* oraz jej odbiorca muszą być wystarczająco blisko spokrewnieni, aby koniugować w mejozie, nawet jeżeli w minimalnym tylko stopniu; dawca i odbiorca nie mogą zasadniczo różnić się strukturalnie ponieważ może to uniemożliwić inicjację koniugacji (Curtis i in., 1991; Kasha i Burnham, 1965; Nasuda i in., 1998) oraz niezbędne są specjalne linie/materiały, pozwalające na indukcję rekombinacji. Zaletą inżynierii chromosomowej opartej na rekombinacji jest możliwość precyzyjnego kontrolowania miejsca i rozmiaru introgresji. Ponieważ manipulacja oparta jest na rekombinacji, a ta z kolei możliwa jest wyłącznie, kiedy spełnione są pewne minimalne wymagania podobieństwa na poziomie DNA (Shen i Huang, 1986), pożądaną *locus* z całą pewnością znajdzie się we właściwym sobie miejscu w genomie, a nowy konstrukt chromosomowy będzie kompensujący. Za wadę mogą być uznane spore nakłady pracy, jakich to podejście wymaga.

W dwustopniowym systemie E. R. Sears'a (1981) opracowanym dla pszenicy, chromosom-dawca pożądanego *locus* jest wprowadzony do genomu pszenicy i zmuszany do koniugacji z wybranym odbiorcą-chromosomem pszenicy. Praktycznie, to zmuszanie odbywa się przez usunięcie bądź przez supresję genu *Ph1*, głównego genu w pszenicy odpowiedzialnego za restryktywną koniugację chromosomów. Pod nieobecność *Ph1* koniugacja homoeologiczna jest dopuszczalna i może być bardzo częsta, choć nawet w obrębie jednego potencjalnego dawcy pożądanego genów, jak żyto, potrafi być bardzo różna dla różnych ramion chromosomów (Naranjo i Fernandez-Rueda, 1996) i tylko część z tych różnic ma podłoże strukturalne (Devos i in., 1993). Wśród potomstwa odselekcjonowane są zrekombinowane chromosomy. Selekcja może być cytologiczna, bądź poprzez markery genetyczne w znanych pozycjach na chromosomach dawcy i odbiorcy, czy przez wykorzystanie markerów DNA, czy też różne kombinacje tych metod.

Z niejasnych powodów rekombinacja homeologiczna w pszenicy ograniczona jest prawie wyłącznie do pojedynczych wymian (cross overs) na ramię (Lukaszewski, 1995). Z tego powodu, zrekombinowane chromosomy w zdecydowanej większości są jednopunktowymi translokacjami, w jednej z dwóch możliwych konfiguracji: pszeniczne chromosomy z terminalnym segmentem z chromosomu dawcy i chromosomy dawcy z terminalnym segmentem z pszenicznego chromosomu-odbiorcy. Te chromosomy są zwane rekombinantami pierwotnymi (pierwszego rzędu) (Lukaszewski, 2000). Są one testowane na obecność pożądanego *locus* oraz mapowane genetycznie dla określenia pozycji punktu wymiany w stosunku do pożądanego *locus*. Mapowanie może odbywać się na kilka sposobów: taniem, choć mało precyzyjnym podejściem jest obserwacja częstości koniugacji z testerami; drogim, ale szybkim i precyzyjnym jest wykorzystanie markerów

DNA. Z każdej z dwóch konfiguracji rekombinantów pierwotnych wybrany jest taki rekombinant, który posiada pożądaną *locus* oraz ma najbliższy mu punkt translokacyjny.

W drugim etapie dwustopniowego systemu E. R. Sears'a, wyselekcjonowane dwa rekombinanty pierwotne są wprowadzane do jednej rośliny, która teraz ma normalny poziom kontroli koniugacji (praktycznie, ma normalny gen *Ph1*). Obecność *Ph1* dopuszcza wyłącznie koniugację homologiczną. Jedynym odcinkiem homologii wspólnym dla obydwu rekombinantów pierwotnych jest odcinek chromosomu dawcy pomiędzy punktami translokacyjnymi. Wymiana (crossing over) w tym odcinku homologii daje chromosom pszenicy z interkalarną wstawką obcej chromatyny, która zawiera pożądaną *locus* oraz normalny (i nieprzydany) chromosom dawcy.

Precyzja tego typu manipulacji, czyli wielkość odcinka chromosomu dawcy wprowadzonego do chromosomu pszenicy, zależy od dwóch czynników: od wielkości populacji rekombinantów pierwotnych i od precyzji mapowania punktów translokacyjnych w tych rekombinantach. Z kolei wielkość populacji rekombinantów pierwotnych jest prostą funkcją wielkości analizowanej populacji wyjściowej oraz skuteczności selekcji. Jeżeli znana jest częstość koniugacji chromosomu-dawcy i odbiorcy, wielkość wyjściowej populacji, z której będą selekcjonowane rekombinanty pierwotne, niezbędnej dla osiągnięcia zadowalającym prawdopodobieństwem pożądanej precyzji, oblicza się według następującego wzoru:

$$n = \frac{\log(1 - 0,95)}{\log(1 - P)}$$

gdzie:

n = wielkość próby

P = częstość zdarzenia, tutaj prawdopodobieństwo rekombinacji.

Z równania wynika, że jeżeli donor i odbiorca koniugują z częstotliwością 1%, oraz oczekuje się, że produkt ostateczny będzie zawierał nie więcej niż 1 cM obcej chromatyny wokół przenoszonego *locus*, konieczne jest preselekcjonowanie populacji 29800 osobników dla 95% prawdopodobieństwa uzyskania dwóch właściwych punktów wymiany w rekombinantach pierwotnych, koniecznych dla osiągnięcia celu. Jeżeli źródłem pożądanego *locus* jest dziki krewny gatunku uprawnego, cel 1 cM wokół pożądanego *locus* nie wydaje się ekstrawagancki, a 1% koniugacji dla obcych chromosomów w pszenicy nie jest niski (patrz Naranjo i Fernandez-Ruead, 1996). Oznacza to, że w większości przypadków inżynierii chromosomowej opartej na indukowanej koniugacji homeologicznej, trzeba się liczyć z koniecznością selekcji w dużych populacjach wyjściowych.

W praktycznym zastosowaniu dwustopniowej metody E. R. Sers'a, Lukaszewski (2000) podjął próbę manipulacji żytniego ramienia chromosomu 1RS. W translokacji 1RS.1BL to ramię wprowadza do pszenicy żytnie geny odporności na choroby *Pm8*, *Sr31*, *Lr26* i *Yr9*, pozytywnie wpływa na plon (najprawdopodobniej przez zwiększanie masy korzeni, J. G. Waines, inf. ustna), ale wydatnie obniża wartość wypiekową. Selekcja z populacji

wyjściowej liczącej 17006 osobników wyizolowała 103 rekombinanty pierwotne 1RS z 1BS (rekombinanty 1RS z 1AS i 1DS również były obecne, ale były nieprzydatne w tym kontekście). Mapowanie tych rekombinantów wykazało, że geny odpowiedzialne za jakość: *Gli-B1* i *Glu-B3* pszenicy oraz *Sec-1* żyta są ulokowane w niekorespondujących sobie miejscach chromosomów (odpowiednio 1BS i 1RS) i dla dalszej komplikacji, są rozdzielone segmentem zawierającym wszystkie istotne geny odporności. To wymusiło wyprodukowanie nie tylko rekombinantów wtórnych (z pojedynczymi interkalarnymi wstawkami pszenicy w ramieniu żyta), ale również rekombinantów trzeciego rzędu. Te rekombinanty są żytnimi ramionami 1RS z dwiema wstawkami z 1BS pszenicy: wstawka dystalna wprowadza *Gli-B1* i *Glu-B3*; wstawka proksymalna usuwa segment 1RS z *locus Sec-1*. Uzyskanie rekombinantów wtórnych wymagało selekcji spośród 6099 osobników; uzyskanie rekombinantów trzeciego stopnia wymagało selekcji spośród 1043 osobników. Łącznie całe przedsięwzięcie wymagało analizy 24743 roślin. Ta populacja była znacznie mniejsza niż wskazana przez równanie podane powyżej, czyli do pewnego stopnia operacja polegała na szczęściu. Dodatkowo, w proces produkcji rekombinantów wtórnych wkomponowane było mapowanie genetyczne znacznej grupy rekombinantów pierwotnych, co oszczędziło sporo czasu i funduszy.

Powyższe rozważania sugerują jednoznacznie, że duże populacje wyjściowe gwarantują większą liczbę rekombinantów pierwotnych, a tym samym, wyższą precyzję inżynierii chromosomowej. Z drugiej strony, duże liczby rekombinantów pierwotnych komplikują proces mapowania punktów wymian: mapowanie staje się trudniejsze i droższe, bo uzyskanie rozdzielczości rzędu 0,5 cM zazwyczaj wymaga zastosowania kilku systemów markerów. Autor podejrzewa, że w pewnym punkcie dalsze podwyższanie rozdzielczości mapowania może okazać się nieopłacalne i ten punkt będzie wyznaczał rozsądną wielkość populacji rekombinantów pierwotnych, a tym samym wielkość populacji wyjściowej.

Kolejnym czynnikiem ograniczającym wielkość populacji rekombinantów pierwotnych jest zależność pomiędzy strukturą chromosomów, a ich zdolnością do koniugacji. Nawet identyczne długie odcinki chromosomów nie są zdolne do koniugacji, jeżeli zawierające je chromosomy różnią się od siebie strukturalnie w okolicach telomeru (Lukaszewski, 1997). Ponieważ dwa rekombinanty pierwotne, wyselekcjonowane do drugiego etapu manipulacji, mają przeciwstawną strukturę w okolicach telomeru (jeden ma tam segment pszenicy, a drugi dzikiego dawcy), ich zdolność rekombinacji we wspólnym segmencie homologii jest zawsze poważnie ograniczona. Łatwo sobie wyobrazić sytuację, kiedy segment homologii wspólny dla dwóch wybranych rekombinantów jest tak niewielki, że albo nie będzie w ogóle rozpoznany jako homologiczny, bądź będzie zbyt krótki na utworzenie chiasmy. Tym samym, otrzymanie rekombinantów wtórnych będzie niemożliwe.

Pytaniem, na które jak dotąd nie ma odpowiedzi opartej na wystarczającej liczbie obserwacji jest kwestia, czy wysoka precyzja inżynierii chromosomowej jest rzeczywiście niezbędna. Często powtarzanym dogmatem jest twierdzenie, że introgresje z nieudomowionej puli genowej wiążą się z ogólnym spadkiem stopnia adaptacji materiałów hodowlanych i wprowadzają wiele cech gatunków dzikich. Wiele obserwacji

wyduje się to potwierdzać (Duvick, 1990). Z drugiej strony, znane są przypadki ilustrujące nieoczekiwane pozytywne efekty takich introgresji. W pszenicy, introgresja segmentu chromosomu z *Agropyron elongatum*, stworzona dla wprowadzenia genu *Lr19*, odporności na rdze liściową, również wprowadziła bardzo niekorzystny gen *Yp*, żółtego zabarwienia mąki, ale i wysoce pozytywny czynnik zwyczajki plonu (Singh i in., 1998). Wspomniana powyżej introgresja żytniego ramienia 1RS do pszenicy nie tylko wprowadziła szereg genów odporności na choroby i szkodniki, ale również podniosła plon, jednocześnie obniżając wartość wypiekową. Introgresja segmentu chromatyny z genem *Lr47* z *Aegilops speltoides* do pszenicy wydaje się zwiększać sztywność słomy w pszenicy heksaploidalnej (Dubcovsky, inf. ustna), ale w pszenicy *durum* zmniejsza kłos do karykaturalnych rozmiarów. Te przykłady wskazują, że tzw. genetic drag wywołuje skutki nie tylko negatywne, oraz że mogą one być bardzo różne w zależności od tła genetycznego.

Poza częstością rekombinacji chromosomu-dawcy i odbiorcy, oraz rozdzielczości wybranej metody mapowania pozycji punktów translokacyjnych w stosunku do przenoszonego locus, w planowaniu intregresji międzygatunkowych i międzyrodzajowych warto rozważyć kilka dodatkowych czynników. Wśród nich ważne są: stopień pokrewieństwa i różnice strukturalne dawcy i odbiorcy, rozmieszczenie rekombinacji homeologicznej w stosunku do lokalizacji przenoszonego genu, różnice pomiędzy fizycznym a genetycznym rozmieszczeniem rekombinacji, tzw. wierność (fidelity) rekombinacji homeologicznej (czyli skłonność chromosomu dawcy do rekombinowania z wybranym chromosomem-odbiorcą, a nie innymi homeologami) oraz możliwości manipulowania rozmieszczeniem rekombinacji. Każdy z tych czynników może mieć zasadniczy wpływ na powodzenie lub niepowodzenie podjętego zadania. Szczegółowe omawianie ich w tym miejscu znacznie przekroczyłoby dopuszczalne rozmiary artykułu, tym bardziej, że żaden z tych problemów nie został rozpracowany w szczegółach pozwalających na daleko sięgające uogólnienia.

Poza introgresjami z mieszańców oddalonych, ciekawym aspektem inżynierii chromosomowej jest możliwość kontrolowanego podwajania konkretnych części genomu. System ten jest dobrze opracowany w jęczmieniu; duplikacje produkuje się przez przekrzyżowania linii posiadających różne translokacje tych samych par chromosomów i selekcję wśród potomstwa (Hagber i Hagberg, 1991). Niektóre z takich duplikacji spowodowały bardzo wysokie zwyczajki plonów we wstępnych testach (Hagber i Hagberg, 1991). Niestety, należy wątpić, aby tego typu manipulacje zostały wypróbowane w innych roślinach uprawnych. Poza kukurydzą chyba żadna z nich nie posiada zestawów translokacji, które mogłyby służyć takim celom, a spadek zainteresowania cytogenetyką nie wróży nadziei na szybkie wyprodukowanie podobnych zestawów.

PODSUMOWANIE

Warto podkreślić zasadniczą różnicę w zachowaniu homeologów pomiędzy diploidami i poliploidami. To, co w gatunku allopoloidalnym wymaga skomplikowanych manipulacji kilkoma chromosomami jednocześnie, w gatunku autopoloidalnym może być prostym zadaniem hodowlanym, sprowadzającym się do wykonania krzyżowań i przeprowadzenia

ostrej selekcji wśród wielkiej populacji potomstwa. Tam, gdzie koniugacja homoeologiczna może być wykorzystana, pozwala ona na precyzyjne przenoszenie fragmentów chromatyny z gatunku do gatunku i gwarantuje wysokie prawdopodobieństwo powodzenia, ale wymaga dużych nakładów pracy. Metody oparte na fragmentacji chromosomów są loterią, ale mogą być jedynym wyjściem w sytuacjach, w których homeologi odmawiają koniugacji, co wyklucza rekombinację przez crossing over.

Ostatecznie warto pamiętać, że w prawie każdej sytuacji, próby wprowadzenia nowego *locus* do gatunku, mimo że mogą podlegać pewnym generalnym zasadom inżynierii chromosomowej, zawsze wiążą się z wieloma niewiadomymi. Trudno jest przewidzieć wszystkie możliwe zachowania mieszańców i ich chromosomów, więc warto przygotować się na sporo improwizacji. Sztywne schematyczne podejście do problemu zazwyczaj nie wróży wysokiej szansy powodzenia.

LITERATURA

- Chetelat R. T., Meglic V. 2000. Molecular mapping of chromosome segments introgressed from *Solanum lycopersicoides* into cultivated tomato (*Lycopersicon esculentum*). Theor. Appl. Genet. 100: 323 — 241.
- Curtis C. A., Lukaszewski A. J., Chrzastek M. 1991. Metaphase I pairing of deficient chromosomes and genetic mapping of deficiency breakpoints in common wheat. Genome 34: 553 — 560.
- Devos K. M., Atkinson M. D., Chinoy C. N., Francis H. A., Harcourt R. L., Koebner R. M. D., Liu, C. J., Masojc P., Xie D. X., Gale M. D. 1993. Chromosomal rearrangements in the rye genome relative to that of wheat. Theor. Appl. Genet. 85: 673 — 680.
- Dubcovsky J., Luo M. C., Dvorak J. 1995. Differentiation between homoeologous chromosomes 1A of wheat and 1A^m of *Triticum monococcum* and its recognition by the *Ph1* locus. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 6645 — 6649.
- Duvick D. N. 1990. The romance of plant breeding and other myths. In: Gene manipulation in plant improvement. J. P. Gustafson (ed.), Plenum Press, New York: 39 — 54.
- Dvorak, J., McGuire P. E. 1981. Nonstructural chromosome differentiation among wheat cultivars, with special reference to differentiation of chromosomes in related species. Genetics 97: 391 — 414.
- Friebe B., Jiang J., Raupp W. J., McIntosh R. A., Gill B. S. 1996. Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. Euphytica 91: 59 — 87.
- Gale M. D., Atkinson M. D., Chinoy C. N., Harcourt R. L., Jia J., Li Q. Y., Devos K. M. 1993. Genetic maps of hexaploid wheat. Proc. 8th Int. Wheat Genet. Symp. Li Z.S., and Xin Z. Y., (eds.) Beijing, China: 29 — 40.
- Guzowska-Zimnoch E. 2001. Diploidalne mieszańce międzygatunkowe ziemniaka jako źródło odporności na mokrą zgniliznę bulw i czarną nóżkę w hodowli ziemniaka. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR, Radzików, 8/2001.
- Hagberg A., Hagberg P. 1991. Production and analysis of chromosome duplications in barley. In: Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution. Gupta, P. K., Tsuchiya T. (eds.) Elsevier, Amsterdam: 401 — 410.
- Jauhar P. P. 1993. Cytogenetics of the *Festuca-Lolium* complex. Relevance to breeding. SpringerVerlag, Berlin.
- Jena K. K., Kush G. S., Kochert G. 1992. RFLP analysis of rice (*Oryza sativa* L.) introgression lines. Theor. Appl. Genet. 84: 608 — 616.
- Kasha R. J., Burnham C. R. 1965. Location of interchange breakpoints in barley. II. Chromosome pairing and the intercross method. Can. J. Genet. Cytol. 7: 620 — 632.
- Künzel G., Gecheff K. I., Schubert I. 2001. Different chromosomal distribution patterns of radiation-induced interchange breakpoints in barley: first post-treatment mitosis versus viable offspring. Genome 44: 128 — 132.

- Lukaszewski A. J. 1995. Physical distribution of translocation breakpoints in homoeologous recombinants induced by the absence of the *Ph1* gene in wheat and triticale. *Theor. Appl. Genet.* 90: 714 — 719.
- Lukaszewski A. J. 1997. The development and meiotic behavior of asymmetrical isochromosomes in wheat. *Genetics* 145: 1155 — 1160.
- Lukaszewski A. J. 2000. Manipulation of the 1RS.1BL translocation in wheat by induced homoeologous recombination. *Crop Sci.* 40: 216 — 225.
- Luo M.-C., Dubcovsky J., Dvorak J. 1996. Recognition of homoeology by the wheat *Ph1* locus. *Genetics*. 144: 1195 — 1203.
- Masoud-Nejad, A., Nasuda S., McIntosh R. A., Endo T. R. 2002. Transfer of rye chromosome segments to wheat by a gametocidal system. *Chromosome Res.* 10: 349 — 357.
- Naranjo T., Fernandez-Rueda P. 1996. Pairing and recombination between individual chromosomes of wheat and rye in hybrids carrying the *ph1b* mutation. *Theor. Appl. Genet.* 93: 242 — 248.
- Nasuda S., Friebe B., Busch W., Kynast R. G., Gill B. S. 1998. Structural rearrangement in chromosome 2M of *Aegilops comosa* has prevented the utilization of the compare and related wheat-*A. comosa* translocations in wheat improvement. *Theor. Appl. Genet.* 96: 780785
- Riley R., Chapman V. 1958. Genetic control of the cytologically diploid behaviour of hexaploid wheat. *Nature (London)* 182: 713 — 715.
- Sears E. R. 1956. The transfer of leaf rust resistance from *Ae. umbellulata* to wheat. *Brookhaven Symp. Biol.* 9: 1 — 22.
- Sears E. R. 1981. Transfer of alien genetic material to wheat. In: *Wheat science: today and tomorrow*. Evans, L. T., W. J. Peacock (Eds.), Cambridge Univ. Press, Cambridge: 75 — 89.
- Sears E. R., Okamoto M. 1958. Intergenomic chromosome relationships in hexaploid wheat. *Proc. 10th Int. Congr. Genet.*: 258 — 259.
- Shen P., Huang H. V. 1986. Homologous recombination in *Escherichia coli*: dependence on substrate length and homology. *Genetics* 112: 441 — 457.
- Singh R. P., Huerta-Espino J., Rajaram S., Crossa J. 1998. Agronomic effects from chromosome translocations 7DL.7Ag and 1BL.1RS in spring wheat. *Crop Sci.* 38: 27 — 33.
- Zwierzykowski Z., Lukaszewski A. J., Naganowska B., Lesniewska A. 1999. The pattern of homoeologous recombination in triploid hybrids of *Lolium multiflorum* with *Festuca pratensis*. *Genome* 42: 720 — 726.

PODZIEKOWANIA

Autor dziękuje Prof. dr. Zygmuntowi Kaczmarkowi z Instytutu Genetyki Roślin PAN za wzór obliczania wielkości próby.

MAGDALENA GUT

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Odporność zbóż na porastanie przedżniwne — problemy i perspektywy

Cereals' resistance to preharvest sprouting — problems and perspectives

Poprawa odporności na porastanie jest ważnym celem programów hodowlanych. Jest jednak trudna do osiągnięcia, ponieważ odporność na porastanie jest cechą kompleksową, modyfikowaną przez warunki pogodowe panujące przed i podczas żniw. Celem niniejszej pracy było przedstawienie problemów i perspektyw związanych z hodowlą nieporastających odmian zbóż. Omówiono prace prowadzone w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w latach 1996–2001 oraz przedstawiono krótki przegląd nowych badań z tej dziedziny.

Słowa kluczowe: porastanie przedżniwne, pszenica, pszenżyto

Improving resistance to preharvest sprouting is an important target of breeding programs, but this goal is difficult to achieve, because the preharvest sprouting resistance is a complex trait influenced by the weather before and during harvest time. The aim of this paper was presentation of some problems and perspectives of breeding forms resistant to preharvest sprouting. The investigation carried out in Plant Breeding and Acclimatization Institute Department of Cereals in the years 1996–2001 and a short review of some new papers in this domain are reported.

Key words: preharvest sprouting, triticale, wheat

WSTĘP

Porastanie przedżniwne stanowi poważny problem hodowców i plantatorów zbóż w wielu krajach. Jak donoszą Lunn i wsp. (2001) klasyczne porastanie jest głównym powodem uszkodzeń komercyjnych upraw w Wielkiej Brytanii. Niezadowalający poziom tej cechy u pszenic australijskich sygnalizują również Gatford i wsp. (2002). O randze i zasięgu problemu świadczą najlepiej międzynarodowe sympozja poświęcone wyłącznie temu zagadnieniu. Z doświadczeń prowadzonych w latach 1996–2001 w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie wynika, że zrejonizowane u nas odmiany pszenżyta były raczej słabo odporne na porastanie (średnio 4,8 stopnia przy bonitacji widocznego porastania w kłosach w 9-stopniowej skali). W przypadku pszenicy sytuacja przedstawiała się nieco lepiej — średnia odporność zrejonizowanych odmian tego gatunku ocenianych analogicznie jak odmiany pszenżyta wynosiła 6,2 stopnia. Z danych

Centralnego Ośrodka Badań Odmian Roślin Uprawnych wynika, że większość rodów hodowlanych pszenicy ozimej, ocenianych w latach 1997–1999 w ramach doświadczeń przedrejestrowych należało uznać za porastające lub silnie porastające (Kaczyński, 2000). Można, zatem sądzić, że porastanie przedźniwne tak pszenicy jak i pszenżyta jest problemem dość istotnym także i w naszych warunkach. Celem niniejszego opracowania było ukazanie podstawowych problemów związanych z wprowadzeniem do uprawy nieporastających odmian pszenicy i pszenżyta oraz perspektyw, jakie w tej dziedzinie stwarzają badania naukowe ostatnich lat.

PODSTAWOWE PROBLEMY W HODOWLI ODPORNÝCH NA PORASTANIE ODMIAN ZBÓŻ

Przyczyn nikłego postępu w uzyskiwaniu form odpornych na porastanie należy upatrywać przede wszystkim w znanym od dawna fakcie, że jest to cecha kompleksowa, a każdy z tworzących ją elementów jest silnie modyfikowany przez czynniki środowiska, działające na rośliny zarówno przed, jak i podczas żniw (Stoy, 1992). Istotny wpływ na ocenę odporności na porastanie może mieć także rodzaj zastosowanego testu oraz warunki, w których był prowadzony (Wu i Carver, 1999; Mares i in., 2000). Stwarza to konieczność prowadzenia atestacji w ściśle kontrolowanych i stabilnych warunkach laboratoryjnych, co niewątpliwie stanowi utrudnienie i podnosi nakłady konieczne dla wyhodowania nieporastających form.

Reasumując, brak odpowiedniego testu, pozwalającego na masową ocenę pod tym względem wczesnych pokoleń materiałów hodowlanych oraz dostęp do odpowiednich źródeł tej cechy ciągle jeszcze są podstawowym problemem utrudniającym uzyskanie zadowalających wyników w hodowli odpornych na porastanie odmian zbóż.

METODY OCENY PORASTANIA

Identyfikacja genotypów z poprawioną odpornością na porastanie od szeregu lat opiera się na różnych wariantach dwóch podstawowych testów:

- porastania odciętych kłosów poddanych nawilżaniu,
- kiełkowania wymłóconych ziaren.

Podejście pierwsze jest przybliżeniem warunków polowych, ale indukowany deszcz następujący tuż po fizjologicznej dojrzałości jest w pewnym sensie pod kontrolą (Paterson i in., 1989). Oznaczenia tego rodzaju uwzględniają hamujące kiełkowanie substancje umiejscowione w tkance plew (Salmon i in., 1986) oraz fizyczne bariery chroniące przed przenikaniem wody do kłosa np. okrywa woskowa lub długie wyłapujące wodę ości.

Podejście drugie jest właściwie bezpośrednim pomiarem okresu spoczynku nasion kontrolowanego przez zarodek i być może modyfikowanego przez endogenne inhibitory w otrębach (Morris i Paulsen, 1988). Ponadto skojarzony wpływ trzech genów kontrolujących kolor nasion sprawia, że testy kiełkowania prawdopodobnie odbijają genetyczne różnice w podatności na te inhibitory (Mc Crate i in., 1982).

Porastanie przedźniwne jest również często mierzone aktywnością α -amylazy lub liczbą opadania oznaczaną testem Hagberga (1961), który wskazuje poziom aktywności tego enzymu w zawiesinie mąki w wodzie.

Testy na odciętych kłosach i testy kiełkowania dają wyniki pod ścisłą genetyczną kontrolą i z wysokim stopniem interakcji pod warunkiem, że kłosy są ścinane w tym samym stadium dojrzałości (zazwyczaj w dojrzałości fizjologicznej), aby zminimalizować wpływ różnego spoczynku (Paterson i in., 1989; De Pauw Mc Caig, 1991; Hucl 1994; Trethowan, 1995). W praktyce wspomniane wyżej testy stosowane są równocześnie lub zamiennie, co nie zawsze jest słuszne. Z wcześniejszych prac nie wynika, który test jest lepszy. Nowsze badania idą, zatem w kierunku określenia korelacji między różnymi oznaczeniami (Humphreys, Noll, 2002) oraz opracowania takiego sposobu selekcji, który pozwoliłby przewidzieć potencjalne porastanie w warunkach polowych (Wu i Carver, 1999). Prognozowanie takie jest jednak bardzo utrudnione, ze względu na modyfikowanie odporności przez czynniki środowiska i silne interakcje genotypowo-środowiskowe obserwowane w doświadczeniach polowych (Torada i in., 1999; Torada, Amano, 2002)

Nie można także wykluczyć, iż zmienność odporności na porastanie obserwowana w obrębie gatunku *Triticum aestivum* L. została już w znacznym stopniu wykorzystana i osiągnięcie znaczącego postępu w tej dziedzinie klasycznymi metodami będzie bardzo trudne lub wręcz niemożliwe.

PRACE REALIZOWANE W INSTYTUCIE HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN

Wprowadzane do uprawy genotypy muszą charakteryzować się kompleksem korzystnych parametrów. Ustalenie współzależności między odpornością na porastanie a innymi cechami użytkowymi branymi pod uwagę przy selekcji jest dla hodowcy zagadnieniem dość istotnym. Prace prowadzone w ostatnich latach w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie dotyczyły właśnie tego problemu. W badaniach skoncentrowano się na pszenicy i pszenżycie, gdyż są to gatunki, w których cecha ta ma duże znaczenie. Badano współzależności między odpornością na porastanie a wysokością roślin i wczesnością mierzoną liczbą dni od 1 maja do kłoszenia i dojrzewania. W przypadku pszenicy wzięto także pod uwagę masę 1000 ziaren, odporność polową na mączniaka, rdzę brunatną, septoriozę liści i septoriozę kłosa, a w przypadku pszenżyta cechy technologiczne — liczby opadania i sedymentacji oraz zawartość białka w ziarnie (Wojas, Gut, 2002; Grzesik i in., 2003).

Nie stwierdzono ani korelacji fenotypowych, ani genotypowych między odpornością na porastanie a pozostałymi cechami pszenicy. Natomiast, w pszenżycie zależności takie wystąpiły. Współczynniki genetycznego uwarunkowania badanych cech pszenżyta były wysokie, można zatem stwierdzić, że korelacje fenotypowe wynikały z uwarunkowań genetycznych.

Uzyskane wyniki sugerują, że selekcja rodów pszenicy pod względem odporności na porastanie powinna być prowadzona niezależnie. W przypadku pszenżyta należy uwzględnić silniejszą skłonność do porastania form wysokich i wcześniej rozpoczynających kwitnienie. Niezbyt wysokie, ale istotne korelacje genotypowe między odpornością

na porastanie a liczbą sedymentacji i zawartością białka pozwalają spodziewać się łatwiejszego uzyskania rodów łączących te cechy.

Współczynniki genetycznego uwarunkowania H odporności na porastanie pszenicy (Wojas, Gut, 2002) i pszenżyta (Grzesik i in., 2003) były wysokie i wynosiły odpowiednio 0,76 i 0,90, co sugeruje, że selekcja na tę cechę powinna być skuteczna w odniesieniu do obu gatunków.

NOWE KIERUNKI BADAŃ

Nowsze prace nad odpornością na porastanie ukierunkowane są na poszukiwanie ułatwiających selekcję markerów oraz poszerzenie zmienności genetycznej przez wykorzystanie gatunków dzikich bądź w klasycznych krzyżowaniach, bądź z zastosowaniem inżynierii chromosomowej i genetycznej. Nieodzownym warunkiem skutecznych manipulacji na poziomie chromosomów i genów jest znajomość genów kontrolujących, korzystne z punktu widzenia hodowli, cechy oraz ich lokalizację na chromosomach. Dlatego coraz częściej podejmowane są badania nad sporządzeniem map genetycznych poszczególnych chromosomów, a nawet całych genomów.

Wykorzystanie gatunków dzikich

Gatunki dzikie mogą stanowić dobre źródło nowej zmienności wielu korzystnych z punktu widzenia praktyki cech, w tym także odporności na porastanie. Nic dziwnego zatem, że prace tego rodzaju spotyka się w literaturze coraz częściej.

Sz szczególnie korzystna jako źródło zmienności genetycznej jest *Triticum tauschii* (Coss.) Schmahl uważana za przodka genomu D heksaploidalnej pszenicy chlebowej. Prawdopodobnie z tego faktu wynika łatwość wkomponowania posiadanej przezeń zmienności do pszenicy heksaploidalnej przez genetyczne rekombinacje z chromosomami jego genomu D. Gatunek ten ma liczne mechanizmy odporności na porastanie nadające się do włączenia do odmian komercyjnych — na przykład zawarty w plewach, rozpuszczalny w wodzie inhibitor kiełkowania (Gatford i in., 2002).

Stwierdzono również, że linie uzyskane z krzyżowania *Triticum sphaerococcum* z pszenicami uprawnymi odznaczały się głębszym i dłuższym okresem spoczynku niż użyte do krzyżowań odmiany (Mares i in., 2002).

Prac dotyczących tych zagadnień u pszenżyta jest w literaturze niewiele, jest to bowiem gatunek znacznie trudniejszy niż pszenica. Jednak takie badania są prowadzone, a przykładem może tu być praca Sodkiewicza i wsp. (1999), której celem było wykazanie jak wprowadzenie genu odpowiedzialnego za odporność na porastanie dojrzałych kłosów *Triticum monococcum* wpływało na liczbę opadania w introgresywnych liniach pszenżyta.

Morfologiczne markery odporności na porastanie

Odporność na porastanie często kojarzy się z cechami kłosa lub ziarna. Niektóre z nich uważane są nawet za morfologiczne markery tej cechy. Klasycznym przykładem jest tu czerwona barwa ziarna lub kłosa związana z genem *R* odporności na porastanie. Znana jest również lokalizacja genów warunkujących niektóre cechy morfologiczne uważane za markery odporności na porastanie (tab. 1). Selekcja w oparciu o te markery może jednak okazać się zawodna, gdyż bardzo często korelacja „odporność na porastanie — marker”

nie ma charakteru ogólnej prawidłowości, lecz jest związana z konkretną populacją. Przykładem mogą tu być porastające pszenice czerwono ziarniste i odporne na porastanie pszenice białe. Zdarza się również połączenie odporności na porastanie z cechą z punktu widzenia hodowli niekorzystną — przedłużony okres spoczynku obserwowany u mieszańców *Triticum aestivum* × *Triticum sphaerococcum* był sprzężony z pokrojem roślin i cechami ziarna typu *sphaerococcum* (Mares i in., 2002).

Tabela 1

Morfologiczne markery odporności na porastanie pszenicy heksaploidalnej
Morphological markers of preharvest-sprouting resistance of hexaploid wheat

Cecha Trait	Gen/geny Gen/genes	Lokalizacja Location	Literatura References
Ości Awns	<i>Hd</i> <i>B1</i> <i>B2</i>	4BS 5AL 6BL	Flintham i in. (2002)
Maczugowatość kłosa Club ear habit	<i>C</i>	2DL	King pp. 27-60 in Derera (1989)
Woski epikutikuli Epicuticular waxes		2B i 2D	King, von Wettstein-Knowles (2000)
Karłowatość Dwarfing	<i>Rht</i> *	4B i 4D	Mrva, Mares (1996), Flintham i in. (1997)

* Redukcja aktywności alfa-amylazy bez wpływu na kiełkowanie

* Germination not influence by reduction of α -amylase activity

W dostępnej literaturze nie spotkano prac dotyczących morfologicznych markerów odporności na porastanie pszenżyta. Istotne korelacje tak fenotypowe jak genotypowe między odpornością na porastanie a licznymi cechami użytkowymi wykazane przez Grzesik i wsp. (2003) sugerują jednak, iż podjęcie takich badań mogłoby okazać się pożyteczne.

Geny warunkujące odporność na porastanie

Dotychczas znane są trzy geny główne warunkujące odporność na porastanie: *Phs* — zlokalizowany na krótkim ramieniu chromosomu 4A (4AS) oraz *Vp1* i *R*, którym przypisuje się potrojone homeoloci na długich ramionach chromosomów 3 grupy (Flintham i in., 2002; Gale i in., 2002). Opisano również geny kontrolujące aktywność alfa-amylazy: α -*amy1*, α -*amy2* i α -*amy3* zlokalizowane odpowiednio na długich ramionach chromosomów grup 5, 6, 7 (Zanetti i in., 2000).

Uważa się, że gen *R* — związany jest z czerwonym kolorem ziarna. Duża ilość prac dotyczących kukurydzy wykazała, że funkcją białka Vp-1 jest zarówno aktywacja transkrypcji specyficznych genów związanych z dojrzewaniem embrionu (McCarty, 1995), jak i represja transkrypcji genów związanych z kiełkowaniem, a szczególnie represja transkrypcji promotorów alfa-amylazy (Hoecker i in., 1995). Produkty genów α -*amy1*, α -*amy2* obserwowano podczas kiełkowania, natomiast białko kodowane przez α -*amy3* znajdowano okazjonalnie jedynie we wczesnych etapach różnicowania ziarna (Gale i Ainsworth, 1984; cyt. za Zanetti, 2000).

Flintham i wsp. (2002) oraz Gale i wsp. (2002) podsumowali niezależnie badania różnych autorów dotyczące *loci* genów uwikłanych w kontrolę odporności na porastanie.

Z prac przedstawionych przez obu autorów wynika, że w kontrolę odporności na porastanie pszenicy heksaploidalnej zaangażowane są prawie wszystkie chromosomy.

Warte uwagi są niewątpliwie badania Zanetti i wsp. (2000) w wyniku, których powstała szczegółowa mapa genów i markerów molekularnych związanych z kontrolą aktywności alfa-amylazy i liczby opadania, a także praca Varshney i wsp. (2001) w wyniku, których powstała dokładna mapa chromosomów 2DL, 6BS i 7DL niosących QTL zarówno zawartości białka w ziarnie, jak i odporności na porastanie.

Prace te wprowadzie nie znajdują jeszcze na razie bezpośredniego zastosowania w hodowli, mogą jednak dostarczyć cennych wskazówek przy podejmowaniu nowych tematów badawczych.

LITERATURA

- De Pauw R. M., Mc Caig T. N. 1991. Components of variation heritabilities and correlation for indices of sprouting tolerance and seed dormancy in *Triticum* ssp. *Euphytica* 52: 221 — 229.
- Derera N. F. (ed.). 1989. Preharvest Field Sprouting in Cereals. CRC Press Inc., Boca Raton, USA.
- Flintham J., Adlam R., Bassoi M., Holdsworth M., Gale M. 2002. Mapping genes for resistance to sprouting damage in wheat. *Euphytica* 126: 39 — 45.
- Flintham J. E., Angus W. J., Gale M. D. 1997. Heterosis over dominance for grain yield and alpha-amylase activity in F₁ hybrids between near-isogenic *Rht* dwarf and tall wheat. *J. Agric. Sci.* 129: 371 — 378.
- Gale M. D., Flintham J. E., Devos K. M. 2002. Cereal comparative genetics and pre-harvest sprouting. *Euphytica* 126: 21 — 25.
- Gatford K. T., Hearnden P., Ogbonnaya F., Eastwood R. F., Halloran G. M. 2002. Novel resistance to pre-harvest sprouting in Australian wheat from the wild relative *Triticum tauschii*. *Euphytica* 126: 67 — 76.
- Grzesik H., Gut M., Węgrzyn S., Cygankiewicz A. 2003. Genetyczne uwarunkowania niektórych cech pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 226/227: 227 — 231.
- Hagberg S. 1960. A rapid method for determining alpha-amylase activity. *Cereal Chem.* 37: 218 — 222.
- Hagberg S. 1961. Note on a simple rapid method for determining alpha -amylase activity. *Cereal Chem.* 38: 202 — 203.
- Hoecker U., Vasil I. K., McCarty D. R. 1995. Integrated control of seed maturation and germination programs by activator and repressor functions of Viviparous-1 of maize. *Genes Devel.* 9: 2459 — 2469.
- Hucl P. 1994. Repeatability of a simplified method for determining sprouting resistance in wheat. *Plant Varieties and Seeds* 7: 79 — 84.
- Humphreys D. G., Noll J. 2002. Methods for characterization of pre-harvest sprouting resistance in a wheat breeding program. *Euphytica* 126: 61 — 65.
- Kaczyński L. 2000. Pszenica ozima. W: Syntezy wyników doświadczeń odmianowych 1999. Zboża ozime, COBORU, Słupia Wielka, Z. 1163: 9 — 34.
- King R. W., von Wettstein-Knowles P. 2000. Epicuticular waxes and regulation of ear wetting and pre-harvest sprouting in barley and wheat. *Euphytica* 112: 157 — 166.
- Lunn G. D., Major B. J., Kettlewell P. S., Scott R. K. 2001. Mechanisms leading to excess alpha-amylase activity in wheat (*Triticum aestivum* L.) grain in the U.K. *J. Cereal Sci.* 33: 313 — 329.
- Mares D., Mrva K., Tan M. K., Sharp P. 2002. Dormancy in white-grained wheat: progress towards identification of genes and molecular markers. *Euphytica* 126: 47 — 53.
- Mc Crate, A. J., Nielsen M. T., Paulsen G. M., Heyne E. G. 1982. Relationship between sprouting wheat and embryo response to endogenous inhibition. *Euphytica* 31: 193 — 200.
- McCarty D. R. 1995. Genetic control and integration of maturation and germination pathways in seed development. *Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 46: 71 — 93.
- Morris C. F., Paulsen G. M. 1988. Localization and physical properties of endogenous germination inhibitors in white wheat grain *Cereal Chem.* 65: 404 — 408.

- Mrva K., Mares D. J. 1996. Expression of late maturity α -amylase in wheat containing gibberelic acid insensitivity genes. *Euphytica* 88: 69 — 76.
- Paterson A. H., Sorrells M. E., Obendorf R. L. 1989. Methods of evaluation for preharvest sprouting resistance in wheat breeding programs. *Can. J. Plant Sci.* 69: 681 — 689.
- Salmon D. F., Helm J. H., Duggan T. R., Lakeman D. M. 1986. The influence of chaff extracts on the germination of spring triticale. *Agron. J.* 78: 863 — 867.
- Sodkiewicz W. 1999 Sprouting resistance and Falling Number values in introgressive triticale/*T. monococcum* lines. *Biologia Plantarum* 42 (4): 533 — 539.
- Stoy V. 1982. Progress and prospect in sprouting research. In: Third International Symposium on pre-harvest sprouting in cereals. Kruger J. E., LaBerge D. E. (ed.). Westview Press, Boulder, CO: 3 — 7.
- Torada A., Amano Y. 2002. Effect on seed coat color on seed dormancy in different environments. *Euphytica* 126: 99 — 105.
- Torada A., Amano Y., Ikeguchi S., Shibata S. 1999. Seed dormancy of white grained wheat under different environmental conditions. In: Eight International Symposium on Pre-harvest Sprouting in Cereals Association of Cereal Research. D. Weiter (ed.). Federal Centre for Cereal, Potato and Lipid Research. Detmold, Germany: 183 — 189.
- Trethowan R. M. 1995. Evaluation and selection of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) for pre-harvest sprouting tolerance. *Aust. J. Agric. Res.* 46: 463 — 474.
- Varshney R. K., Prasad M., Roy J. K., Röder M. S., Balyan H. S., Gupta P. K. 2001. Integrated physical maps of 2DL, 6BS and 7DL carrying loci for grain protein content and pre-harvest sprouting tolerance in bread wheat. *Cer. Res. Commun.* 29, 1-2: 33 — 40.
- Węgrzyn S., Gut M., Cygankiewicz A., Ptak B. 1991. Odporność rodów i odmian pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na porastanie. Część I. Pszenica ozima. *Biul. IHAR* 180: 121 — 129.
- Wojas T., Gut M. 2002. Współzależności pomiędzy odpornością na porastanie a innymi cechami użytkowymi pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 87 — 93.
- Wu J., Carver B. F. 1999. Sprout damage and pre-harvest sprout resistance in hard white winter wheat. *Crop Sci.* 39: 441 — 447.
- Zanetti S., Winzeler M., Keller M., Keller B., Messmer M. 2000. Genetic analysis of pre-harvest sprouting resistance in a wheat $\times$ Spelt cross. *Crop Sci.* 40: 1406 — 1417.

ANITA DOBEK¹**WOJCIECH MIKULSKI**²¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu

² Hodowla Roślin Szelejewo

Zmienność materiałów hodowlanych pszenicy ozimej w perspektywie sukcesu odmianowego

Variability of breeding materials and prospects for a variety success in winter wheat

W ostatnich latach jak i w chwili obecnej hodowla roślin w Polsce podlega ciągłej reorganizacji. W ramach dotychczasowych działań zmniejszono nakłady finansowe na hodowlę roślin poprzez ograniczenie liczby programów hodowlanych. Zmniejszenie liczby programów nie może pozostać bez wpływu na końcowy efekt. Z danych Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych, który porównuje polskie i zagraniczne odmiany pszenicy ozimej wynika, że te ostatnie pod względem plonu są o kilka procent lepsze od polskich. Szukając odpowiedzi na pytanie, dlaczego tak się dzieje trzeba być świadomym, że materiał wyjściowy, którym dysponują hodowcy ma w całej Europie podobną zmienność genetyczną. Tymczasem analiza wyników trzech doświadczeń hodowlanych pokazała, że tylko w nielicznych przypadkach znaleziono linie lepsze od średniej powiększonej o jej odchylenie standardowe, czyli linie wyraźnie lepsze od pozostałych. Wskazuje to na konieczność zwiększenia liczby testowanych obiektów celem zwiększenia prawdopodobieństwa wyboru linii istotnie lepszych, a tym samym poprawienia konkurencyjności w stosunku do odmian zagranicznych.

Słowa kluczowe: doświadczenia jednopowtórzeniowe, podobieństwo genetyczne, wybór linii

One of the results of recent reorganizations in Polish breeding is a remarkable reduction of financial support, which caused decrease in the number of running breeding programs. According to the data collected by the Research Centre for Cultivar Testing (COBORU), yield of the Polish winter wheat varieties is a several per-cent lower than that of foreign-bred ones. The variation in initial germplasm is of the same size for the Polish and the foreign breeding, since the cause must be related to the breeding procedures. The analysis of three years field experiments in six locations revealed a low frequency of strains significantly better than the remaining ones. This indicates a necessity to increase the number of lines entering examination process in the Polish breeding programs, in order to increase competitiveness of the bred wheat cultivars.

Key words: genetic similarity, selection of lines, unreplicated trials

WSTĘP

W ostatnich latach jak i w chwili obecnej hodowla roślin w Polsce podlega ciągłej reorganizacji. W ramach dotychczasowych działań zmniejszono nakłady finansowe na

hodowlą roślin poprzez ograniczenie liczby programów hodowlanych. W chwili obecnej w Polsce realizowanych jest 7 programów hodowlanych z pszenicą ozimą, a dla porównania w Niemczech 27, natomiast w Czechach 10. Zmniejszenie liczby programów nie może pozostać bez wpływu na końcowy efekt hodowli. Widocznym tego skutkiem jest liczba odmian zgłaszanych na pierwszy rok badań do doświadczeń rejestrowych. W Niemczech w ostatnich latach każdego roku rozpoczyna się badać około 100 nowych odmian a w Polsce od 9 do 21.

Z danych Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych, który porównuje polskie i zagraniczne odmiany pszenicy ozimej wynika, że te ostatnie pod względem plonu są o kilka procent lepsze od polskich (Gacek, 2000, 2001 a, 2002 a). Szukając odpowiedzi na pytanie, dlaczego tak się dzieje trzeba być świadomym, że materiał wyjściowy, którym dysponują hodowcy ma w całej Europie podobną zmienność genetyczną. Wystarczy przeanalizować pochodzenia odmian zagranicznych by się przekonać, że w polskich firmach hodowlanych stosowany jest ten sam materiał wyjściowy, którym dysponują inne kraje (Gacek, 2001, 2002). Potwierdzeniem tego faktu może być średnie podobieństwo międzyodmianowe pszenic ozimych, które wynosiło 90% i wahało się od 80% do 95% (Tyrka i Mikulski, 2003). Również doniesienia innych autorów (Krystkowiak, 2003; Rębarz, 2003) wskazują na niewielkie genetyczne zróżnicowanie pszenic europejskich. Klucz do sukcesu hodowlanego zależy od odpowiedniej selekcji materiału hodowlanego. O ile w wypadku pewnych cech jakościowych takich jak np. odporność na rdzę brunatną, w procesie selekcji możemy się posłużyć biologią molekularną i próbą identyfikacji genów warunkujących daną cechę o tyle w wypadku cech ilościowych, uwarunkowanych zwykle dużą liczbą genów, badania molekularne mogą wspomóc, lecz nie zastąpić doświadczeń polowych. Jeśli zatem punkt startowy jest taki sam, a efekt końcowy różny, tzn. że przyczyny porażek należy doszukiwać się w procesie hodowlanym. Co zatem należy uczynić by zwiększyć konkurencyjność polskiej hodowli pszenic ozimych? Proces hodowlany trwa lat 12 i składa się z wielu etapów. Wydaje się sensowne by zmiany rozpocząć od momentu, w którym po raz pierwszy analizowane jest zachowanie materiału hodowlanego w warunkach produkcyjnych. Dotyczy to testowania pokoleń F_7 – F_8 , kiedy to linie i wzorzec wysiewa się w kilku miejscowościach na poletkach o powierzchni 10 m². Na podstawie uzyskanych obserwacji przeprowadza się pierwszą selekcję linii. Przyjrzymy się temu bliżej na przykładzie trzech programów hodowlanych realizowanych przez spółki tworzące Porozumienie Nasienne „Pol-Nas”.

MATERIAŁ I METODY

W programie hodowlanym Porozumienia Nasiennego „Pol-Nas” w pokoleniu F_7 – F_8 testuje się rocznie 900 linii, z których około 300 przechodzi do dalszych badań. Dla zilustrowania problemów, które pojawiają się na tym etapie hodowli posłużymy się wynikami doświadczeń z trzech lat (1999, 2001 i 2002). Doświadczenia prowadzono w 6 stacjach badawczych, a mianowicie w Kobierzycach (KOC), Henrykowie (HEC), Polanowicach (POB), Mikulicach (MIB), Szelejewie (SZD) i Modzurowie (MOB). Uzyskane wyniki analizowano programem DGH2 z zastosowaniem metody autoregresji

(Dobek i Kala, 1995), która modeluje zachowanie się wzorca według następującego schematu:

$$x_{ij+1} = \mu_i + \rho(x_{ij} - \mu_i) + \varepsilon_{j+1}$$

gdzie: x_{ij} oraz x_{ij+1} są plonami odmiany wzorcowej na dwóch kolejnych poletkach, μ_i jest wartością oczekiwaną plonu odmiany wzorcowej w i -tym bloku (pasie), ρ jest parametrem autoregresji, a ε_{j+1} jest błędem losowym. Oszacowane zgodnie z powyższym modelem plony wzorca posłużyły do predykcji plonów linii badanych w doświadczeniu. Charakterystyki uzyskanych ocen zestawiono w tabeli 1.

Tabela 1

Podstawowe charakterystyki linii oraz wzorca uzyskane w poszczególnych latach i miejscowościach
Basic characteristics of lines and standard variety in different years and localities

Miejscowość Locality	$x_{l \min.}$	$x_{l \max.}$	$\bar{x}_l$	s_l	$\bar{x}_{wz}$	s_{wz}
1999						
SZD	51,1	98,4	76,98	4,18	74,56	3,31
POB	37,0	78,7	59,67	8,32	58,46	7,02
MOB	30,0	92,1	65,59	6,55	66,61	5,84
MIB	33,9	85,2	61,05	6,74	54,09	5,61
KOC	56,9	105,4	82,30	5,52	71,42	4,60
HEC	38,4	104,4	77,26	9,76	76,42	8,35
2001						
SZD	34,8	91,0	62,27	6,25	52,47	5,52
POB	24,5	109,2	73,11	10,07	65,50	8,32
MOB	11,8	94,0	59,62	5,73	58,83	5,09
MIB	27,3	93,9	64,04	8,39	52,82	6,88
KOC	56,8	106,9	76,82	6,34	64,06	5,29
HEC	37,8	106,3	82,42	5,62	80,38	4,92
2002						
SZD	47,5	105,1	73,38	5,41	74,00	4,88
POB	37,0	110,0	83,53	13,07	87,08	11,21
MOB	48,9	131,7	86,20	9,82	93,89	8,50
MIB	45,6	102,4	82,79	5,60	88,43	5,09
KOC	36,0	104,3	72,07	10,13	76,97	8,36
HEC	64,0	129,8	101,12	5,88	109,08	5,13

SZD — Szelejewo, POB — Polanowice, MOB — Modzurów, MIB — Mikulice, KOC — Kobierzyce, HEC — Henryków

$x_{l \min.}$ — Minimalny plon linii; Minimal yield

$x_{l \max.}$ — Maksymalny plon linii; Maximal yield

s_l — Odchylenie standardowe dla linii; Standard deviation for lines

s_{wz} — Odchylenie standardowe dla wzorca; Standard deviation for standard variety

$\bar{x}_l$ — Średni plon linii; Average yield of lines, $\bar{x}_{wz}$ — Średni plon wzorca; Average yield of standard variety

Zaznaczyć należy, że wzorcem w poszczególnych latach nie była ta sama odmiana. W roku 1999 była to Elena, w 2001 — Kobra, a w trzecim ponownie Elena. Uwagę zwracają plony linii i wzorca w roku 2002. Były one wyższe w porównaniu do uzyskiwanych we wcześniejszych latach badań, a ponadto w roku tym średni plon wzorca przewyższał średni plon linii.

WYNIKI I DYSKUSJA

Powszechnie stosowanym w doświadczeniach hodowlanych kryterium wyboru jest odwołanie się do wzorca. W tabeli 2 zamieszczono dla poszczególnych miejscowości i lat badań liczby linii, które były lepsze od wzorca, a także liczby linii lepszych od wzorca powiększonego o jego odchylenie standardowe. Wyboru dokonano tylko na podstawie plonu, pomijając cechy jakościowe, co stanowi pewnego rodzaju uproszczenie, bowiem w hodowli pszenicy konsumpcyjnej cechy jakościowe będą rekompensowały słabszy plon.

Tabela 2

Liczby linii lepszych od wzorca oraz od wzorca powiększonego o jego odchylenie standardowe w 6 miejscowościach i 3 latach badań
Number of lines better than standard and better than standard plus standard deviation for 6 localities and 3 years of testing

Miejscowość Locality	1999		2001		2002	
	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$
SZD	619	398	771	633	234	160
POB	499	137	684	428	322	56
MOB	411	198	479	330	225	68
MIB	791	541	843	637	189	50
KOC	681	499	805	696	208	36
HEC	538	203	584	314	101	20

x_l — Plon linii; Lines yield

s_{wz} — Odchylenie standardowe dla wzorca; Standard deviation for standard variety

$\bar{x}_{wz}$ — Średni plon wzorca; Average yield of standard variety

Analizując wyniki z tabeli 2 należy zwrócić uwagę na znaczne różnice w liczbach linii wybranych w zależności od zastosowanego wzorca i roku badań. Przy czym najmniej linii lepszych od wzorca i lepszych od wzorca powiększonego o jego odchylenie standardowe wybrano w roku 2002 (tab. 2), co można wytłumaczyć wyższymi średnimi plonami wzorca w porównaniu do średnich plonów linii (tab. 1). Z punktu widzenia wyboru do dalszej hodowli interesujące są te linie, które okazały się być dobre nie w jednej, lecz prawie we wszystkich miejscowościach, czyli linie charakteryzujące się dużą stabilnością plonowania. Liczby linii o takich własnościach podają tabele 3 i 4. Analiza danych zamieszczonych w tabeli 3 wskazuje na dwa istotne problemy. Pierwszy związany jest z intensywnością selekcji. W obecnym układzie programów hodowlanych rocznie należy wybrać około 300 linii, co powoduje, że przy bardzo łagodnym kryterium jakim jest tylko przewaga nad wzorcem, w doświadczeniu w roku 2002 należałoby wybrać linie, które okazały się być lepsze od wzorca tylko w dwóch miejscowościach. Przy takim postępowaniu z góry musimy się więc liczyć z faktem, że dokonujemy wątpliwego wyboru. Wydaje się, że do dalszych etapów badań powinny przejść tylko te linie, które okazały się być lepsze od wzorca w co najmniej 5 miejscowościach. Problemu tego nie ma w doświadczeniach z roku 1999 i 2001, w których odmianą wzorcową była Elena. I tu dotykamy drugiego z istotnych zagadnień. Wzorzec pełni podwójną rolę w doświadczeniach jednopowtórzeniowych. Z jednej strony pozwala na kontrolowanie

żyźności gleby, z drugiej stanowi kryterium oceny linii. O ile pierwsza rola jest bezdyskusyjna, o tyle druga — jak pokazują przykłady — wątpliwa. Rozwiązaniem wydaje się być nie odwoływanie się do wzorca, lecz do średniej z oszacowanych (poprawionych) plonów badanych linii (tab. 4).

Tabela 3

Liczby linii powtarzających się jako lepsze od wzorca oraz od wzorca powiększonego o jego odchylenie standardowe w wielu miejscowościach
Number of lines repeatedly better than standard and better than standard plus standard deviation in different localities

Rok badań Year	1999		2001		2002	
	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz}$	$x_l > \bar{x}_{wz} + s_{wz}$
Liczba powtórzeń Number of repetitions						
6	156	13	241	66	2	-
5	225	59	297	173	23	1
4	188	122	202	198	67	2
3	157	174	97	215	97	18
2	98	203	40	130	174	61
1	59	187	20	80	245	201

x_l — Plon linii; Lines yield

s_{wz} — Odchylenie standardowe dla wzorca; Standard deviation for standard variety

$\bar{x}_{wz}$ — Średni plon wzorca; Average yield of standard variety

Tabela 4

Liczby linii powtarzających się jako lepsze od średniej dla linii oraz od średniej dla linii powiększonej o jedno- oraz o dwa odchylenia standardowe w wielu miejscowościach
Number of lines repeatedly better from average of lines and from average plus one standard deviation and average plus two standard deviations in different localities

L.p.	Rok badań — Year								
	1999			2001			2002		
	$x_l > \bar{x}_l$	$x_l > \bar{x}_l + s_l$	$x_l > \bar{x}_l + 2s_l$	$x_l > \bar{x}_l$	$x_l > \bar{x}_l + s_l$	$x_l > \bar{x}_l + 2s_l$	$x_l > \bar{x}_l$	$x_l > \bar{x}_l + s_l$	$x_l > \bar{x}_l + 2s_l$
6	98	6	-	57	5	-	89	5	-
5	154	27	-	148	19	1	158	15	-
4	129	42	2	180	53	4	163	36	3
3	142	82	17	175	11	26	150	80	-
2	141	131	33	155	168	61	127	152	39
1	145	201	126	123	231	185	131	215	128

L.p. — Liczba powtórzeń; Numer of repetitions

x_l — Plon linii; Lines yield

s_l — Odchylenie standardowe dla linii; Standard deviation for lines

$\bar{x}_l$ — Średni plon linii; Average yield of lines

Wyniki zamieszczone w tabeli 4 wykazują zrównoważenie częstości pojawiania się linii w poszczególnych kategoriach: ($l > \bar{x}_l$, $l > \bar{x}_l + s_l$, $l > \bar{x}_l + 2s_l$) niezależnie od roku.

I tak np. suma linii wskazanych jako lepsze od wzorca w 6 bądź 5 miejscowościach oraz we wszystkich kategoriach wynosiła 285 w 1999 roku, 230 w 2001 roku i 267 w 2002

roku. Wskazuje to na przewagę kryterium „średniej dla linii” nad „średnią dla wzorca”, pozwala, bowiem uwolnić się od wpływu interakcji genotypowo-środowiskowej na zachowanie się wzorca. Z drugiej strony stanowi potwierdzenie konieczności zwiększenia liczby programów hodowlanych, bowiem w żadnym z doświadczeń, nawet przy tak łagodnym kryterium, którym jest porównanie ze średnią nie wybierzemy planowanej liczby 300 linii, które okazały się być lepsze od wzorca w co najmniej 5 miejscowościach (252, 205 i 247 odpowiednio). Wybór linii, które dały dobre plony tylko w 4 miejscowościach niejako z góry dopuszcza wybór złego materiału. Ponadto kryterium porównania ze średnią jest bardzo słabym kryterium. Dla potwierdzenia statystycznego istotnej różnicy konieczne byłoby porównanie ze średnią plus dwa odchylenia standardowe. Analizując wyniki zamieszczone w tabeli 4 stwierdzić należy, że jest to jednak zbyt ostre kryterium, ponieważ w żadnym z trzech doświadczeń nie znaleziono linii lepszej od średniej o dwa odchylenia we wszystkich miejscowościach. W tym kontekście wydaje się, że praktyką powinien być wybór tylko tych linii, które okazały się być dobre we wszystkich badanych środowiskach i przewyższają średnią, o co najmniej jedno odchylenie standardowe. Ostrzejsza selekcja to niewątpliwie pierwszy z warunków, które muszą być spełnione by efekty polskiej hodowli stały się porównywalne z wynikami hodowców z innych krajów europejskich. Pociąga to za sobą jednakże konieczność istotnego zwiększenia liczby programów hodowlanych. Jeśli bowiem na podstawie doświadczeń jednopowtórzeniowych chcielibyśmy wybrać tę samą liczbę 300 linii, to zbiór wyjściowy powinien zawierać około 50000 linii.

Skalę problemu odzwierciedla zdanie podsumowujące publikację dotyczącą prac hodowlanych ze zbożami, w którym Baenziger i wsp. (2002) na stronie 257 piszą między innymi: „On average, over 100.000 lines will be looked at to find a cultivar!”.

LITERATURA

- Baenziger P. S., Shelton D. R., Shipman M. J., Graybosch R. A. 2002. Breeding for end use quality; reflections on the Nebraska experience. In: *Wheat in Global Environment*. Bedl Z. , Langa L., Kluwer Academic Publishers, Dordrecht: 255 — 262.
- Dobek A., Kala R. 1995. On the analysis of experiments with unreplicated varieties. *Biul. Oceny Odmian* 26/27: 73 — 82.
- Gacek E. 2001, 2002. Lista Opisowa Odmian COBORU, Słupia Wielka.
- Gacek E. 2000, 2001 a, 2002 a. Synteza Wyników Doświadczeń Rejestrowych Ozimych, COBORU, Słupia Wielka.
- Krystkowiak K. 2003. Wykorzystanie markerów molekularnych RAPD do badań różnicowania genetycznego odmian pszenic. V Konferencja Krajowa „Rośliny zbożowe — Markery DNA dla roślin zbożowych i traw”. IGR PAN Poznań.
- Rębarz M. 2003. Wykorzystanie markerów RAPD do badania zmienności wewnątrzodmianowej pszenic. V Konferencja Krajowa „Rośliny zbożowe — markery DNA dla roślin zbożowych i traw”. IGR PAN Poznań.
- Tyrka M., Mikulski W. 2003. Porównanie zmienności fenotypowej i genotypowej odmian i rodów pszenicy zwyczajnej. II Ogólnopolska Konferencja. Zasoby genowe roślin w ochronie różnorodności biologicznej. Skierniewice, 22–23.10.2003.

STANISŁAW WĘGRZYN

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Ocena genetyczno-statystyczna wyników doświadczeń polowych z rodami hodowlanymi na przykładzie pszenicy ozimej

A genetical-statistical estimation of field trials results for breeding strains on example of winter wheat

Analizą objęto trzy grupy doświadczeń hodowlanych z rodami pszenicy ozimej, tj. doświadczenia międzyzakładowe (międzystacyjne), doświadczenia przedwstępne i doświadczenia wstępne. W przeprowadzonej ocenie uwzględniono wpływ efektu genetycznego i udział odpowiednich interakcji genotypu ze środowiskiem na plonowanie. Dla pomiaru interakcji u poszczególnych rodów posłużono się specjalnie utworzonym wskaźnikiem zmienności. Wskaźnik ten jest kombinacją fenotypowego współczynnika zmienności i udziału odpowiedniego komponentu wariancyjnego. Komponenty wariancyjne oszacowano z odpowiednich równań dla oczekiwanych średnich kwadratów w analizie wariancji. Dla łatwiejszej interpretacji uzyskanych wyników, wskaźniki interakcji i efekty genetyczne wyrażono w skali 5-stopniowej, w której stopień 5 oznacza najkorzystniejszą wartość. Analiza wariancji dla poszczególnych grup doświadczeń wykazała, że ponad 50% całkowitej zmienności związanej z genotypami, pochodzi z interakcji. Dlatego analizy pojedynczych grup doświadczeń (jednorocznych) mogą okazać się mało skuteczne przy wyborze najlepszych rodów. Natomiast synteza dwuletnich wyników w porównaniu z syntezą trzyletnich doświadczeń była w zupełności wystarczająca. Spostrzeżenie to wymaga potwierdzenia w dalszych opracowaniach tego typu.

Słowa kluczowe: doświadczenia hodowlane, efekt genetyczny, interakcja genotyp $\times$ lata, interakcja genotyp $\times$ miejscowości, pszenica ozima

Three sets of preliminary trials of winter wheat strains were analyzed for yielding performance and genotype-environment interactions. The magnitude of particular interactions was measured by means of index of variability. This index consists of the phenotypic coefficient of variability and the portion of respective variance component (GL) or (GS). The index of interaction and genetic effects of yield were changed into 5-degree scale (5 is the highest yield or the lowest interaction). In particular groups of trials above half of phenotypic variance could be attributed to the genotype-environment interactions. One-year analysis of particular trials was shown to be unsatisfactory for selection of new cultivars of winter wheat. Also, two-years and three-years analyses were compared. It has been shown, that two-year analysis was sufficient for assessing new strains of winter wheat. However, this conclusion requires confirmation with similar elaborates.

Key words: preliminary trials, genetic effect, genotype $\times$ season interaction, genotype $\times$ location interaction, winter wheat

WSTĘP

W hodowli roślin bardzo ważną rolę odgrywa ocena wartości gospodarczej wyhodowanych rodów. Oceny tej dokonuje się w kolejnych doświadczeniach polowych w kilku miejscowościach i latach. Na podstawie wyników tych doświadczeń hodowca dokonuje, w każdym roku, wyboru najlepszych rodów, które bada w podobnych doświadczeniach w następnym roku. Mniej więcej po 3-letnim cyklu doświadczeń najlepsze rody są zgłaszane do doświadczeń przedrejestrowych COBORU. Wyboru najlepszych rodów w poszczególnych latach doświadczeń hodowca dokonuje na podstawie kilku cech, z których najważniejszą rolę ma plon i jakość ziarna. W ocenie tych cech niezwykle ważną rolę odgrywa nie tylko ich bezwzględna wielkość, ale również ich stabilność w różnych środowiskach (miejscowości i lata). Dotychczasowa ocena koncentrowała się na ocenie interakcji genotypów z miejscowościami, nie przeprowadzano zaś analizy interakcji genotypów z latami. Wprawdzie zestawiano średnie wartości dla dwóch lub trzech lat i porównywano je ze wzorcami. Jednak taka forma porównania nie daje pełnego obrazu interakcji genotypów z latami, a niekiedy może prowadzić do błędnych wniosków.

Pod koniec lat ubiegłego stulecia dokonano niemal rewolucji na polu badań w zakresie zjawiska interakcji genotypu ze środowiskiem. Opracowano wiele metod oceny tego zjawiska. Metody te można zaliczyć do dwóch zasadniczych grup, a więc metod opartych na analizach wielozmiennych i jednozmiennych. Do najczęściej spotykanych metod opartych na analizach wielozmiennych można zaliczyć metodę skupień (Lin i Thompson, 1975; Lin i Butler, 1990), analizę opartą na komponentach głównych (William, 1952; Kroonenberg i Basford, 1989), analizę czynnikową (Grafius i Kiesling, 1960) i analizę składowych głównych (Gover, 1966). Natomiast z metod jednozmiennych do najpopularniejszych należy metoda regresji (Finlay i Wilkinson, 1963; Eberhart i Russell, 1966; Wricke, 1962; Shukla, 1972; Abeysiriwardena i in., 1991). Opracowano również metody oparte na testach nieparametrycznych. Można tu wymienić metodę rankingową, opracowaną przez Dasa (1982), która łączy w sobie parametryczne i nieparametryczne metody statystyczne. Do interesujących metod jednozmiennych można również zaliczyć metodę opartą na wskaźniku odległości danego genotypu od wartości odmiany wzorcowej (Lin i Binns, 1987) lub odległości od maksymalnej wartości w danej miejscowości (Lin i Binns, 1988).

Celem niniejszej publikacji jest pokazanie pełnej analizy wyników doświadczeń z wyodrębnieniem wpływu genetycznego (G), interakcji genotypów z miejscowościami w latach — (GL(S)) i interakcji genotypów z latami (GS) na przykładzie pszenicy ozimej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły trzy grupy doświadczeń hodowlanych z rodami pszenicy ozimej, tj. doświadczenia międzyzakładowe lub międzystacyjne, doświadczenia przedwstępne i doświadczenia wstępne, przeprowadzone w latach 2000–2002. Przedmiotem

oceny był plon ziarna na tle różnych warunków środowiskowych. W doświadczeniach międzyzakładowych badano 661 rodów w 9 grupach doświadczeń. Poszczególne grupy doświadczeń zawierały różną liczbę rodów i były badane w 2 do 8 miejscowościach. We wszystkich miejscowościach były badane te samerody danej grupy wraz z odmianami wzorcowymi.

W doświadczeniach przedwstępnych badano 204 rody i odmiany wzorcowe. Doświadczenia przeprowadzono w czterech seriach. W każdej serii występowały te same obiekty, zaś doświadczenia wykonano w 3 do 7 miejscowościach. Doświadczenia wstępne z 75 rodami i 3 wzorcami przeprowadzono w 8 miejscowościach. Szczegółowe informacje są zawarte w tabeli 1.

Tabela 1

Udział rodów i odmian wzorcowych pszenicy ozimej w poszczególnych seriach doświadczeń hodowlanych w latach 2000–2002
Distribution of breeding strains and check varieties of winter wheat in sets of preliminary trials over 2000–2002

Grupy doświadczeń Sets of trials													
MZ (MS) — 2000 first preliminary trials									PWST — 2001 second preliminary trials				WST 2002 third preliminary trials
E K Z	E K B	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E	T
		120	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K	K
			54	54	54	54	34	34	B	B	B	B	KR
									Z				
224	33								60	22	61	61	75
661 + 19									204 + 13				75 + 3

i zesumujemy poprzez wszystkie miejscowości dla danego genotypu, to otrzymamy całkowitą sumę kwadratów, związaną z efektem genetycznym i efektem interakcji, czyli:

$$\sum_{j=1}^m x_{ij}^2 = m\alpha_i^2 + \sum_{j=1}^m g_{ij}^2 \quad (3)$$

Suma kwadratów podana w równości (3) jest sumą dwóch składników, tj. efektu genetycznego ($m\alpha_i^2$) i efektu interakcji genotypu z miejscowościami:

$$\left(\sum_{j=1}^m g_{ij}^2 \right),$$

która ma $(N-m)/t$ stopni swobody, gdzie N — jest liczbą wszystkich obserwacji, m — jest liczbą miejscowości, zaś t — jest liczbą obiektów w danej serii doświadczeń.

Oznaczmy udział poszczególnych składników w całkowitej sumie kwadratów odpowiednio przez α_i dla ($m\alpha_i^2$) i przez β_i dla:

$$\left(\sum_{j=1}^m g_{ij}^2 \right)$$

Dzieląc całkowitą sumę kwadratów dla danego genotypu przez odpowiednią liczbę stopni swobody, czyli $(N-m)/t$ możemy obliczyć współczynnik zmienności (CV), którego wzór ma postać:

$$CV_i = \frac{\sqrt{(\alpha_i + \beta_i)/(N-m)}}{\bar{x}_i} \times 100 \quad (4)$$

gdzie:

$\bar{x}_i$ jest średnim plonem dla i -tego genotypu ze wszystkich miejscowości.

Udział komponentu interakcji genotypu z miejscowościami (GL_i) obliczymy ze wzoru:

$$GL_i = \frac{m\beta_i}{(m-1)(\alpha_i + \beta_i)} \quad (5)$$

Posługując się współczynnikiem zmienności obliczonym ze wzoru (4) i udziałem komponentu interakcji ze wzoru (3) obliczymy wskaźnik udziału tej interakcji (wGL_i) według wzoru:

$$wGL_i = CV \times GL_i \quad (6)$$

Wprowadzony wskaźnik (wGL_i) jest kombinacją współczynnika zmienności, obliczonego z całkowitej sumy kwadratów dla danego genotypu w stosunku do średniego plonu oraz udziałem komponentu interakcji genotypu z miejscowościami.

W podobny sposób otrzymano wzory na wartość wskaźnika interakcji genotypu z miejscowościami w latach ($wGL(S)_i$) i wskaźnika interakcji genotypu z latami (wGS_i), które mają postać:

$$GS_i = \frac{[s(m-1)\beta_i - (s-1)\gamma_i]\sqrt{t}}{(m-1)(s-1)\bar{x}_i\sqrt{(N-ms)(\alpha_i + \beta_i + \gamma_i)}} \quad (7)$$

oraz

$$GL(S)_i = \frac{m\gamma_i\sqrt{t}}{(m-1)\bar{x}_{i\cdot}\sqrt{(N-ms)(\alpha_i + \beta_i + \gamma_i)}} \quad (8)$$

We wzorach (7) i (8) poszczególne symbole oznaczają: α_i , β_i , γ_i : udział sum kwadratów i -tego obiektu odpowiednio dla efektu genetycznego, efektu interakcji genotypu z latami i efektu interakcji genotypu z miejscowościami w latach; m = liczba miejscowości, s = liczba lat, t = liczba obiektów, zaś N = liczba wszystkich obserwacji.

W końcowej ocenie efekty genetyczne i odpowiednich interakcji wyrażono w skali 5-stopniowej przyjmując, że ocena najwyższa jest najkorzystniejsza.

WYNIKI

Przeprowadzona analiza wariancji dla poszczególnych grup doświadczeń wykazała, że całkowita zmienność związana z genotypami i ich interakcją z miejscowościami, mierzona współczynnikiem zmienności, wahała się od 8,86 do 6,83% (tab. 2).

Tabela 2

Udział zmienności całkowitej (CV) i jej procentowych frakcji (genotypowej i interakcji genotypów ze środowiskami) w poszczególnych doświadczeniach hodowlanych i ich syntezie z rodami pszenicy ozimej
Coefficients of total variability (CV) and percentage participation of genotype-location interaction (GL), and genotype-season interaction (GS) in particular preliminary trials and their synthesis for breeding strains of winter wheat

Typ doświadczenia Type of trials	Rok Year	Liczba obiektów No. of entries	CV (%) Coefficient of variability	Procentowy udział zmienności ^{1/} Percentage of variability		
				G	GL	GS
MZ (MS) = 1 st preliminary trials	2000	680	8,86	24,6	75,4	—
PWST = 2 nd preliminary trials	2001	208	7,88	47,7	52,3	—
WST = 3 rd preliminary trials	2002	78	6,83	22,0	78,0	—
MZ +PWST	2000–2001	181	7,79	27,7	63,4	8,9
MZ+PWST+WST	2000–2002	78	7,30	18,7	66,9	14,4

^{1/}G — Zmienność genotypowa; Genetic component of variance

GL — Interakcja genotypów z miejscowościami; Component of genotype-location interaction

GS — Interakcja genotypów z latami; Component of genotype-season interaction

CV — Współczynniki zmienności; Coefficient of variability

Najwyższą zmienność obserwowano dla doświadczeń międzyzakładowych (międzystacyjnych), oznaczonych symbolem MZ(MS). Chociaż udział całkowitej zmienności jest bardzo ważny, to jednak ważniejszy jest udział w niej poszczególnych frakcji, tj. zmienności genotypowej i zmienności wynikającej z interakcji genotypu z miejscowościami i latami. W doświadczeniach jednorocznych udział zmienności powodowanej interakcją genotypu z miejscowościami wahał się od 52,3% do 78,0%. W analizach zaś obejmujących syntezę z dwóch lub trzech lat oszacowano nie tylko udział zmienności wynikającej z interakcji genotypów z miejscowościami w latach (GL(S)), ale również interakcji genotypów z latami (GS). Dla syntezy dwuletnich wyników udział tych dwóch

frakcji zmienności wynosił odpowiednio 63,4% i 8,9%. Natomiast dla syntezy trzyletnich wyników doświadczeń 66,9% i 14,4%. Pojedyncze wyniki doświadczeń, jak i synteza wykazują przeważający udział zmienności wynikającej z interakcji genotypów ze środowiskami. Stąd wynika konieczność oceny nie tylko udziału tej zmienności, ale i to przede wszystkim uwzględnienia jej w trakcie selekcji. O ile wysoka skłonność danego genotypu do interakcji z miejscowościami może być wykorzystana poprzez odpowiednią rejonizację tych genotypów, to wysoki udział interakcji genotypu z latami musi być uznany jako niekorzystny. Oznacza to, że genotypy z wysoką interakcją z latami powinny być eliminowane z dalszej hodowli.

W tabeli 3 przedstawiono udział rodów w poszczególnych klasach plonowania (G) i interakcji z miejscowościami (GL) dla 9 grup doświadczeń międzyzakładowych (MZ(MS)). W każdej kratce pierwsza liczba oznacza liczbę rodów badanych, druga zaś liczbę rodów wybranych do dalszych doświadczeń, czyli w tym wypadku doświadczeń przedwstępnych. Otóż spośród 661 badanych rodów do dalszych badań wybrano 180 rodów, co stanowi 27,2%.

Tabela 3

Liczby rodów pszenicy ozimej badanych i wybranych w poszczególnych klasach plonowania i interakcji genotypów z miejscowościami w 9-u grupach doświadczeń MZ (MS) — 2000
Numbers of breeding strains of winter wheat tested and selected in particulars classes of yielding and interaction for nine groups of trials of the first preliminary experiments (MZ (MS) — 2000

G \ GL	5	4	3	2	1	Razem Total
5	16/10	13/13	1/1	1/1	1/1	32/36
4	59/27	50/32	48/29	12/8	4/3	173/99
3	45/13	74/11	79/13	41/8	22/1	261/46
2	32/1	47/4	37/3	21/1	15/0	152/9
1	21/0	15/0	4/0	2/0	1/0	43/0
Razem Total	173/51	199/60	169/46	77/18	43/5	661/180

Wartości skali dla plonu; Values of yield in scale:

5: $x > 87,76$

4: $83,20 < x \leq 87,76$

3: $78,65 < x \leq 83,20$

2: $74,09 < x \leq 78,65$

1: $< x \leq 74,09$

Wzorce; Check varieties:

Elena (2, 4)

Kobra (4, 4)

Zyta (3, 5)

Begra (2, 5)

Przyglądając się ostatniej kolumnie tabeli 3, zawierającej liczbę badanych i wybranych rodów w danej klasie plonowania można zauważyć niemal idealny rozkład normalny dla badanych rodów. Oznacza to, że wśród badanych rodów w doświadczeniach międzyzakładowych występowały rody wysoko, średnio i nisko plonujące, przy czym najliczniejszą grupę stanowiły rody o średnim plonowaniu. Warto zwrócić uwagę na wybrane rody do dalszych doświadczeń. Otóż spośród 180 rodów, 6 rodów należało do grupy o najwyższym plonowaniu (skala 5), 99 rodów do dobrze plonujących (skala 4), 46 rodów należało do klasy 3 o średnim potencjale plonowania i 9 rodów do klasy 2 o niskim potencjale plonowania. Być może o wyborze rodów z niższych klas plonowania decydowały inne względy gospodarcze niż plon.

Ostatni wiersz tabeli 3 podaje liczby badanych i wybranych rodów w poszczególnych klasach interakcji genotypów z miejscowościami. Jest rzeczą interesującą, że ponad połowa badanych rodów należała dla klas o najniższej interakcji, czyli klasy 5 i 4. Spośród 180 wybranych rodów aż 111 należało właśnie do tych klas. Nie mniej jednak wybrano również rody o średniej interakcji (klasa 3) oraz o wysokiej lub bardzo wysokiej interakcji (klasy 2 lub 1). Warto również przyrzeć się wynikom tabeli 3 na tle odmian wzorcowych, które brały udział w tych doświadczeniach. Najwyższym plonem charakteryzowała się odmiana Kobra, której plon zawierał się w klasie 4. Pozostałe wzorce plonowały niżej. Z uwagi na wielkość interakcji genotypów z miejscowościami odmiany wzorcowe lokowały się w klasach 5 i 4, a więc w klasach, do których należało aż 372 rody na 661 badanych.

Wyniki drugiego etapu oceny materiałów hodowlanych, tj. doświadczeń przedwstępnych przedstawia tabela 4.

Tabela 4

Liczby rodów pszenicy ozimej badanych i wybranych w poszczególnych klasach plonowania i interakcji genotypów z miejscowościami w 4 seriach doświadczeń PWST — 2001 Numbers of breeding strains of winter wheat tested and selected in particular classes of yielding and interaction for four groups of trials of the second preliminary experiments (PWST) — 2001						
GL \ G	5	4	3	2	1	Razem Total
5	10/7	5/4	1/1	0/0	0/0	16/12
4	18/10	30/19	8/5	3/0	0/0	59/34
3	5/0	42/15	21/4	3/1	0/0	71/20
2	8/1	18/1	14/0	1/0	0/0	41/2
1	7/0	8/0	2/0	0/0	0/0	17/0
Razem Total	48/18	103/39	46/10	7/1	0/0	204/68
Wartości skali dla plonu: Values of yield in scale					Wzorce; Check varieties:	
5:	$x > 82,16$				Elena	(1, 5)
4:	$78,25 < x \leq 82,16$				Kobra	(3, 4)
3:	$74,33 < x \leq 78,25$				Zyta	(3, 3)
2:	$70,42 < x \leq 74,33$				Begra	(1, 5)
1:	$< x \leq 70,42$					

Układ tej tabeli jest identyczny jak tabeli 3. W czterech seriach doświadczeń oceniano 204 rody i 4 odmiany wzorcowe. Spośród 204 rodów wybrano 68 rodów do dalszych doświadczeń, czyli doświadczeń wstępnych. Udział wybranych rodów w stosunku do badanych wynosił 33,3%. Spośród wybranych rodów ponad 2/3 (46 rodów) należało do najwyższych klas plonowania (5 i 4). Podobnie sprawa przedstawia się z interakcją genotypów z miejscowościami. Na 68 badanych rodów aż 57 należało do klas o najniższej interakcji (5 i 4). Pozostałe rody należały do niższych klas plonowania i klas o wyższej interakcji z miejscowościami. Ocena badanych rodów zarówno pod względem plonowania, jak i interakcji genotypów z miejscowościami na tle odmian wzorcowych (Elena, Kobra, Zyta i Begra) wypada bardzo korzystnie. Do najwyższej plonujących wzorców należała Kobra i Zyta, ale lokowały się one dopiero w 3-klasie plonowania. Pod względem wielkości interakcji odmiany wzorcowe Elena, Begra i Kobra charakteryzowały się bardzo

małą lub małą interakcją z miejscowościami. Lokowały się one w klasie, w której grupowało się około 75% badanych rodów.

W trzecim etapie badań (doświadczenia wstępne) oceną objęto 75 rodów. Udział rodów w poszczególnych klasach plonowania i wielkości interakcji genotypów z miejscowościami przedstawia tabela 5. Około 1/3 rodów, pod względem plonowania, należała do dwóch najwyższych klas (5 i 4). W doświadczeniach brały udział również trzy odmiany wzorcowe (Tonacja, Kobra i Korweta). Do najwyższej plonujących wzorców można zaliczyć Tonację i Kobrę, ale lokowały się one dopiero w 3 klasie plonowania. Można stwierdzić, że wyżej wspomniana grupa obejmująca około 1/3 badanych rodów plonowała powyżej najlepszych wzorców w tych doświadczeniach. Również pod względem wielkości interakcji z miejscowościami znaczna część rodów przewyższała odmiany wzorcowe.

Tabela 5

Liczby rodów pszenicy ozimej badanych w poszczególnych klasach plonowania i interakcji genotypów z miejscowościami w doświadczeniu wstępnym — 2002
Numbers of breeding strains of winter wheat tested in particular classes of yielding and interaction for the third preliminary trials — (WST) 2002

GL \ G	5	4	3	2	1	Razem Total
5	1	7	1	0	0	9
4	2	10	5	0	0	17
3	0	10	12	3	0	25
2	3	6	4	3	0	16
1	3	4	1	0	0	8
Razem Total	9	37	23	6	0	75

Wartości skali dla plonu*; Values of yield in scale:

5: $x > 82,12$
 4: $79,65 < x \leq 82,12$
 3: $77,17 < x \leq 79,65$
 2: $74,70 < x \leq 77,17$
 1: $x \leq 74,70$

Wzorce; Check varieties

Tonacja (3, 3)
 Kobra (3, 2)
 Korweta (1, 4)

W ocenie nowo wyhodowanych odmian nie można ograniczać się tylko do oceny wartości genetycznej i interakcji z miejscowościami. Bardzo ważną rolę, a czasem nawet decydującą, odgrywa ocena stabilności plonowania w latach, którą zwykle mierzy się wielkością efektów interakcji genotypu z latami. Cały cykl doświadczeń hodowlanych z pszenicą ozimą, ale również i z innymi roślinami obejmuje co najmniej okres 3-letni, ale ten warunek spełniają tylko najlepsze rody, które przechodzą pełny cykl doświadczeń. Dla tych rodów można przeprowadzić syntezę wyników 2 i 3-letnich doświadczeń. Tabela 6 przedstawia wyniki skróconej analizy wariancji dla syntezy 2 i 3-letnich wyników. Z analizy tej wynika, że w obydwóch wypadkach obserwowano wysoce istotne zróżnicowanie nie tylko genotypów, ale również obydwóch typów interakcji, tj. interakcji genotypów z miejscowościami w latach i interakcji genotypów z latami. Szczególnie ta druga interakcja jest niepożądana, bowiem świadczy ona o niestabilności danej odmiany, co wiąże się z ryzykiem jej uprawy w przyszłości.

Tabela 6

Skrócona analiza wariancji dla syntezy 2-letnich doświadczeń z plonowaniem rodów pszenicy ozimej (2000-2001)

Short analysis of variance for yielding of winter wheat strains in two-and three-years trials

Źródło Source	2000-2001		2000-2002	
	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat MS	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat MS
Genotypy (G) Genotypes	207	163,53**	77	120,17**
G × Lata (GS) GS — interaction	180	45,25**	125	45,37**
G × Miejscowości (GL(S)) GLS — interaction	1880	24,79**	688	23,27**
Błąd połączony Pooled error	5750	8,21	6788	8,03
Średnia Mean		80,23		80,72
CV (%)		3,6		3,5

*, ** — Istotne na poziomie 0,05 lub 0,01, odpowiednio

*, ** — Significant at the level 0.05 or 0.01, respectively

Tabela 7

Udział rodów pszenicy ozimej w poszczególnych klasach plonowania(G), interakcji z miejscowościami ((GL (S)) i z latami (GS) dla dwóch syntez obejmujących lata 2000-2001 i 2000-2002

Frequency distribution of breeding strains of winter wheat in particular classes of yielding (G) and interactions (GL(S) and (GS) for two syntheses of trials in 200-2001 and 2000-2002

Skala Scale	Komponenty zmienności Components of variance		
	G	GL(S)	GS
2000-2001			
5	9	10	89
4	43	50	57
3	84	71	22
2	34	36	7
1	7	10	2
Razem Total	177	177	177
2000-2002			
5	6	7	21
4	16	45	27
3	26	17	15
2	18	0	4
1	3	0	2
Razem Total	69	69	69

Udział rodów pszenicy ozimej w poszczególnych klasach plonowania i obydwoma rodzajami interakcji ze środowiskiem dla dwóch syntez wyników przedstawia tabela 7. W syntezie 2-letnich wyników doświadczeń bardzo wysokim lub wysokim plonowaniem odznaczały się aż 52 rody (skala 5 i 4). Sześćdziesiąt rodów wykazywało bardzo małą lub małą reakcję w miejscowościach na przestrzeni lat. Natomiast aż 146 rodów odznaczało się bardzo wysoką lub wysoką stabilnością plonowania w latach (skala 5 i 4).

W syntezie 3-letniej około 1/3 rodów wykazywało bardzo wysoki lub wysoki poziom plonowania. Większość rodów charakteryzowała się dobrym dostosowaniem zarówno do miejscowości jak i lat.

Szczegółową analizę badanych rodów w dwóch syntezach przedstawiono w tabelach 8 i 9.

Tabela 8

Udział rodów pszenicy ozimej w klasach plonowania (G) oraz interakcji GL (S) i GS w latach 2000-2001
Frequency distribution of breeding strains of winter wheat in particular classes of yielding (G), and
genotype $\times$ location in season interaction GL(S), and genotype-season interaction GS in the two-years
synthesis (2000–2001)

G	GL(S)	GS					Suma — Sum GL (S)	Suma — Sum G
		5	4	3	2	1		
5	5	0	0	1	2	0	3	9
	4	2	1	0	0	1	4	
	3	0	0	0	0	0	0	
	2	0	2	0	0	0	2	
	1	0	0	0	0	0	0	
4	5	1	2	1	0	0	4	43
	4	12	4	1	1	0	18	
	3	4	7	1	0	0	12	
	2	3	2	1	1	0	7	
	1	2	0	0	0	0	2	
3	5	0	0	0	0	0	0	84
	4	9	4	1	0	0	14	
	3	22	15	5	1	1	44	
	2	19	2	0	0	0	21	
	1	0	3	2	0	0	5	
2	5	0	1	1	1	0	3	34
	4	3	5	2	1	0	11	
	3	5	4	3	0	0	12	
	2	3	2	1	0	0	6	
	1	0	1	1	0	0	2	
1	5	0	0	0	0	0	0	7
	4	2	0	1	0	0	3	
	3	1	2	0	0	0	3	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	1	0	0	0	0	1	
Suma Total		89	57	22	7	2	177	177

Wartości skali dla plonu; Values of yield in scale:

5: $x > 86,38$
 4: $82,28 < x \leq 86,38$
 3: $78,18 < x \leq 82,28$
 2: $74,08 < x \leq 78,18$
 1: $x \leq 74,08$

Wzorce; Check varieties:

Elena (1, 4, 5)
 Kobra (3, 3, 5)
 Zyta (3, 3, 4)

Tabela 9

Udział rodów pszenicy ozimej w klasach plonowania (G) oraz interakcji GL (S) i GS w latach 2000–2002
Frequency distribution of breeding strains of winter wheat in particular classes of yielding (G), and
genotype × location in season interaction GL(S), and genotype-season interaction GS in the three-years
synthesis

G	GL(S)	GS					Suma — Sum GL (S)	Suma — Sum G
		5	4	3	2	1		
6	5	0	0	1	0	0	1	6
	4	3	0	0	0	2	5	
	3	0	0	0	0	0	0	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	0	0	0	0	0	0	
4	5	1	0	0	0	0	1	16
	4	3	6	2	0	0	11	
	3	0	1	3	0	0	4	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	0	0	0	0	0	0	
3	5	1	1	1	0	0	3	26
	4	5	5	5	0	0	15	
	3	2	5	1	0	0	8	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	0	0	0	0	0	0	
2	5	1	0	0	0	0	1	18
	4	3	4	2	4	0	13	
	3	2	2	0	0	0	4	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	0	0	0	0	0	0	
1	5	0	1	0	0	0	1	3
	4	0	1	0	0	0	1	
	3	0	1	0	0	0	1	
	2	0	0	0	0	0	0	
	1	0	0	0	0	0	0	
Suma Total		21	27	15	4	2	69	69

Wartości skali dla plonu; Values of yield in scale:

5: x > 84,40
 4: 81,95 < x ≤ 84,40
 3: 79,50 < x ≤ 81,95
 2: 77,04 < x ≤ 79,50
 1: x ≤ 77,04

Wzorce; Standards:

Elena (3, 3, -)
 Kobra (2, 4, 5)
 Zyta (1, 4, -)

Spośród 52 rodów o bardzo wysokim i wysokim potencjale plonowania w syntezie 2-letnich wyników doświadczeń (tab. 8) tylko 28 rodów wykazywało bardzo dobrą lub dobrą stabilność plonowania w miejscowościach, zaś 22 rody charakteryzowały się małą interakcją z latami.

W grupie rodów o najwyższym potencjale plonowania można wyodrębnić 3 rody o małej reakcji w miejscowościach (klasa 4) i bardzo wysokiej stabilności plonowania w latach (klasa 5 i 4). W grupie tej można również spotkać o dużej reakcji na miejscowości (klasa 2) i stosunkowo małej reakcji na lata (klasa 4). Rody te, przy odpowiedniej rejonizacji, mogą okazać się bardzo wartościowe. W grupie rodów o najwyższym plonowaniu znalazły się 4 rody o średniej, dużej lub bardzo dużej reakcji na lata. Rody te mogą okazać się mało przydatne, albo wręcz nieodpowiednie do dalszych badań.

Również interesująco przedstawiają się wyniki w tabeli 9, które obejmują 3-letnią syntezę wyników doświadczeń. Spośród 22 rodów o bardzo wysokim lub wysokim poziomie plonowania (klasa 5 lub 4) aż 14 rodów wykazywało bardzo dobrą lub dobrą stabilność plonowania zarówno w miejscowościach jak i latach. Szczególnie interesujące były 3 rody, które wykazywały bardzo wysoką stabilność plonowania w latach (klasa 5) i dobrą stabilność w miejscowościach (klasa 4). Jednakże spośród 6 rodów o najwyższym poziomie plonowania były dwa rody o bardzo dużej reakcji na lata (klasa 1). Włączenia tych rodów do dalszych doświadczeń, w tym wypadku przedrejestrowych, może okazać się zawodne.

W skuteczności selekcji na dowolną cechę podstawową rolę odgrywa stopień odziedziczalności tej cechy. Dla oceny odziedziczalności cech istnieje bardzo szeroki wybór różnych metod, który w dużej mierze zależy od selekcionowanego materiału. W analizowanym materiale posłużymy się korelacją pomiędzy średnimi plonami dwóch kolejnych lat. Obliczone współczynniki korelacji pomiędzy średnimi z doświadczeń międzyszakładowych (MZ) a średnimi plonami z doświadczeń przedwstępnych (PWST) oraz pomiędzy średnimi z doświadczeń przedwstępnych a średnimi z doświadczeń wstępnych (WST) wynosiły odpowiednio $r = 0,48$ i $r = 0,41$. A więc wykazywały średnie wartości. Natomiast współczynnik korelacji pomiędzy średnimi z syntezy doświadczeń 2-letnich (MZ + PWST) a średnimi z doświadczeń 3-letnich (MZ + PWST + WST) był bardzo wysoki ($r = 0,88$), (tab. 10).

Tabela 10

Rody pszenicy ozimej o najwyższym potencjale plonowania wybrane na podstawie syntezy 2-letnich wyników doświadczeń i ich ocena na podstawie syntezy 3-letnich doświadczeń
Winter wheat strains with the highest yield potential, selected basing on the two-years synthesis and their evaluation based on the three-years synthesis

Symbol rodu ^{1/} Name of strain ^{1/}	2000–2001			2000–2002		
A	5	4	5	5	4	5
B	5	5	2	5	5	3
C	5	2	4	4	3	3
D	5	4	4	5	4	5
E	5	4	5	5	4	5
F	5	4	1	5	4	1
G	5	5	2	5	4	1
H	5	2	4	4	3	3

^{1/} nazwy rodów są zakodowane symbolami; Names of strains are coded

Wynik ten dostarcza bardzo interesującego spostrzeżenia. Po pierwsze, posługiwanie się średnimi, obliczonymi dla każdego roku oddzielnie, może być obarczone nawet bardzo dużym błędem i wypaczać końcowe wnioski. Po drugie, wyniki dwuletnich doświadczeń, pod warunkiem opracowania ich syntez, mogą okazać się wystarczające do wyboru odpowiednich rodów.

WNIOSKI

1. Udział zmienności fenotypowej rodów pszenicy ozimej nie był zbyt wysoki i wahał się od 8,9% dla doświadczeń międzyzakładowych do 6,8% dla doświadczeń wstępnych, przy czym większa część tej zmienności wynikała z interakcji genotypów z miejscowościami.
2. Skuteczność wyboru najplenniejszych rodów na podstawie syntezy jednorocznych wyników doświadczeń z kilku miejscowości nie będzie zadawalająca z powodu niezbyt wysokich współczynników korelacji pomiędzy średnimi plonami dwóch kolejnych lat. Prawdopodobnie wynika to z obciążenia średnich efektami interakcji genotypu z latami.
3. Skuteczność selekcji może znacznie wzrosnąć, jeśli oprzemy ją na średnich pochodzących z syntezy dwu lub trzyletnich wyników doświadczeń. Współczynnik korelacji pomiędzy średnimi dwuletnimi a trzyletnimi był bardzo wysoki (0,88).
4. Wysoka korelacja pomiędzy średnimi z dwóch i trzech lat sugeruje, że wyniki dwuletnich doświadczeń hodowlanych mogą być wystarczające do zgłoszenia rodów do doświadczeń przedrejestrowych. Wniosek ten jednak wymaga potwierdzenia na istniejących i przyszłych wynikach doświadczeń.

LITERATURA

- Abeyasiriwardena D. S. Z. de. 2001. Statistical analysis of on-farm yield trials for testing adaptability of rice. *Euphytica* 121: 215 — 222.
- Das G. R. 1982. A method of scoring yield status for selecting rice cultivars. *Indian J. Agric. Sci.* 52 (4): 207 — 209.
- Eberhart, S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing cultivars. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- Finlay K. W., Wilkinson G. M. 1963. The analysis of adaptation in plant breeding programs. *Aust J. Agric Res* 14: 742 — 754.
- Grafius J. E., Kiesling R. L. 1960. The prediction of the relative yields of programmers different oat cultivars based on known environmental variables. *Agron. J.* 52: 396 — 399.
- Kroonenberg P. M., Basford K. E. 1989. An investigation of multi-attribute genotype response across environments using tree-mode principal component analysis. *Euphytica* 44: 109 — 123.
- Lin C. S., Thompson B. 1975. An empirical method of grouping genotypes based on linear function of the genotype-environment interaction. *Heredity* 34: 255 — 263.
- Lin C. S. 1982. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean squares. *Theor. Appl. Genet.* 62: 277 — 280.
- Lin C. S., Binns M. R. 1988. A measure of cultivar general superiority for cultivar x environment data. *Can J. Plant Sci.* 68: 193 — 263.
- Lin C. S., Butler G. 1990. Cluster analysis for analyzing two-way classification data. *Agron. J.* 82: 344 — 348.
- Perkins J. M., Jinks J. I. 1968. Environmental and genotype-environmental components of variability. *Heredity* 23: 523 — 535.
- Plaisted R. L. 1960. A shorter method of evaluating the ability of selection to yield consistently over seasons. *Am. Potato J.* 37: 166 — 172.
- Shukla, G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Tai G. C. C. 1971. Genotype stability analysis and its application to potato regional trails. *Crop Sci.* 11: 184 — 190.
- Williams E. J. 1952. The interpretation of interactions in factorial experiments. *Biometrika* 39: 65 — 81.

Wricke G. 1962. Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. Z. Pflanzenzücht. 47: 92 — 96.

PODZIĘKOWANIE

Pragnę serdecznie podziękować wszystkim hodowcom i osobom współuczestniczącym w hodowli pszenicy ozimej za udostępnienie wyników doświadczeń hodowlanych.

JÓZEF PILCH

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Wpływ genomów *A, B* *Triticum durum* Desf. na wartość technologiczną ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L.

**Effect of the *A* and *B* genomes *Triticum durum* Desf. on bread-making quality
in winter wheat *Triticum aestivum* L.**

Wpływ genomów *A, B* *Triticum durum* Desf. na wartość technologiczną ziarna badano u 64 ozimych form pszenicy (*Triticum aestivum* L. × *Triticum durum* Desf.) × *Triticum aestivum* L. pochodzących z krzyżowań międzygatunkowych monosomików 5B odmiany Chinese Spring i 5B Favorit *Triticum aestivum* L. z pszenicą tetraploidalną ozimą *Triticum durum* Desf. v. Mirable, Khapli i Fuensemduro. Mieszańce F_1 — bridge tych kombinacji przepylono pyłkiem 13 odmian i rodów hodowlanych *Triticum aestivum* L. Wartość technologiczną ziarna oceniano w okresie 3 lat na podstawie zawartości białka ogółem (%), wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego (ml), liczby opadania (s) i wartości wypiekowej (klasy: E — elitarna, A — jakościowa, B — chlebowa, C — pozostałe), w porównaniu do odmiany Begra (*T. aestivum* L.). Zidentyfikowano wysokie parametry jakościowe (klasa E) przewyższające wzorzec jakościowy *Triticum aestivum* L (tab. 2, 4), które mogą wskazywać na efekty introgresji genów z obcych genomów *A* i *B* pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. Wyselekcjonowane formy mogą w przyszłości być wykorzystane jako materiały wyjściowe w hodowli jakościowej pszenicy ozimej *T. aestivum* L.

Słowa kluczowe: *Triticum aestivum* L., *Triticum durum* Desf., wartość wypiekowa, ziarno

The effect of the genomes *A* and *B* of *Triticum durum* Desf. on bread-making quality was investigated in 64 winter forms of hybrids (*Triticum aestivum* L. × *Triticum durum* Desf.) × *Triticum aestivum* L. developed from the interspecific crosses of *Triticum aestivum* L. v. mono-5B Chinese Spring, mono-5B Favorit, and winter tetraploid wheat *Triticum durum* Desf. v. Mirable, Khapli, Fuensemduro. The hybrids F_1 — bridge were pollinated with 13 varieties and breeding strains of *T. aestivum* L. The grain quality was evaluated during the period of 3 years on the basis of protein content (%), Zeleny-sedimentation (ml), falling number (s) and baking value (the classes: E — exclusive, A — qualitative, B — bread, and C — remained), in the relation to the check variety Begra of *T. aestivum* L. The high quality parameters were identified (the class E) which exceeded the quality check of *Triticum aestivum* L. (Table 2, 4). It indicated the effects of introgression of alien *A* and *B* genome genes from the tetraploid wheat. The forms selected could be used in the future for development of new germplasm for quality breeding of winter wheat *T. aestivum* L.

Key words: bread-making quality, *Triticum aestivum* L., *Triticum durum* Desf., grain

WSTĘP

Wartość technologiczną ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. można poprawić nie tylko poprzez zwiększenie zawartości białka zapasowego, ale przez modyfikowanie jego składu i jakości. Pomimo, że poziom procentowy białka w ziarnie w dużym stopniu uzależniony jest od warunków uprawy jak nawożenia azotowego, przedplonu, warunków klimatycznych, terminu siewów i innych (Anderson i in., 1998) to jednak kontrolowany jest on genetycznie przez ponad 420 genów zarówno dominujących, jak i recesywnych rozmieszczonych prawie na wszystkich chromosomach genomów A, B i D (Halloran, 1975). Wiele dotychczasowych prac wskazywało na ujemną korelację zawartości białka i plonu ziarna z jednostki powierzchni, co oznaczało, że w wysokoplonujących odmianach pszenicy ozimej *T. aestivum* L. trudno jest uzyskać białko o wysokiej wartości wypiekowej. Jest to jednak możliwe albowiem odmiany pszenicy ozimej *T. aestivum* L. aktualnie uprawiane w Australii łączą wysoki plon z wysoką zawartością białka w ziarnie i wskazują one genetyczny efekt selekcji oparty na właściwych źródłach (Anderson i in., 1998). Jednak takich źródeł jest niewiele a dotychczas efektywnymi okazały się jedynie odmiany Atlas 66 i NapHal (Johnson i in., 1985).

Z kolei, wartość wypiekową ziarna *T. aestivum* L. limitują w białku odpowiednie jego frakcje gliadyn i glutenin a różne ich kombinacje wpływają na właściwości ciasta z różnym nasileniem (Gupta i in., 1991}. Są one kontrolowane genetycznie, z których podjednostki HMW glutenin — przez homeologiczne loci *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1* na chromosomach 1AL, 1BL i 1DL; podjednostki LMW glutenin — przez loci *Glu-A3*, *Glu-B3* i *Glu-D3* na krótkich ramionach tych samych chromosomów, zaś frakcje gliadyn — przez loci *Gli-A1*, *Gli-B1*, *Gli-D1*, *Gli-A2*, *Gli-B2* i *Gli-D2* na chromosomach I i VI grupy homeologicznej 1AS, 1BS, 1DS, 6AS, 6BS, 6DS (Mac Ritchie i in., 1990). Zwiększając zatem w danej odmianie liczbę podjednostek HMW glutenin czy też wprowadzając nowe podjednostki lub ich kombinacje można poprawić jej wartość wypiekową (Flavell i Payne, 1987). Jest to jednak niemożliwe do osiągnięcia konwencjonalnymi metodami hodowli, ale całkiem realne za pomocą inżynierii genetycznej poprzez introgresję obcych genów. Pszenice tetraploidalne o składzie genomowym AA BB znane są z wysokich parametrów jakościowych ziarna. Stąd też poszukiwanie takich podjednostek lub korzystnych ich kombinacji w gatunkach *Triticum* (4x) i przenoszenie ich do materiałów hodowlanych *T. aestivum* L. może okazać się jednym z możliwych sposobów zwiększania jakości ziarna nowych odmian.

Celem pracy było zbadanie u wybranych mieszańców *Triticum aestivum* L. z pszenicą tetraploidalną *Triticum durum* Desf. efektu obcych genomów A, B na wartość technologiczną ziarna jako możliwej introgresji genów dla nowych źródeł jakości w hodowli pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym było ziarno 64 form ozimych (*Triticum aestivum* L. × *Triticum durum* Desf.) × *Triticum aestivum* L. otrzymanych w wyniku międzygatunkowych

krzyżowań *T. aestivum* L. v. mono-5B Chinese Spring i mono-5B Favorit z ozimą pszenicą tetraploidalną *T. durum* Desf. v. Mirable, Khapli Fuensemiduro, według metodyki opisanej wcześniej (Pilch, 1996). W zapyleniach mieszańców F_1 — bridge uczestniczyły 2 odmiany (M. Marksmann, Milan) i 11 rodów hodowlanych (TAW 125974/84, CHD 661, SMH 17843, OLH 2925/17, OLH 3095/3, OLH 535, STH 290, STH 5576, STH 3432, AND 166, AND 103/84 gatunku *T. aestivum* L. Materiały rozmnażano corocznie na polu doświadczalnym, w tych samych warunkach uprawy i nawożenia, pestycydów i herbicydów nie stosowano.

Ocena jakości technologicznej ziarna obejmowała: zawartość białka ogółem (%), wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego (ml), liczbę opadania (s) i wartość wypiekową (klasy: E — elitarna, A — jakościowa, B — chlebowa, C — pozostałe) wycenioną na podstawie tych wskaźników wg Klockiewicz-Kamińskiej i Brzezińskiego (1997). Oznaczenia wykonano w okresie 3 kolejnych lat metodami aktualnie stosowanymi dla pszenicy w Pracowni Biochemii i Technologii Zboż Zakładu Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Pilch i in., 1999). Podział na klasy jakościowe E, A, B, C przedstawiono jako dystans do odmiany wzorcowej Begra według metodyki COBORU (Klockiewicz-Kamińska i Brzeziński, 1997), a wartości krytyczne podano w tabeli 1. Obliczenia statystyczne obejmowały analizę wariancji, NIR, odchylenie standardowe, współczynnik wariancji wg Little i Hills (1975); wartości w % transformowano na arcsine $e\sqrt{x}$.

WYNIKI I DYSKUSJA

W pracy badano materiały pochodzące z krzyżowań międzygatunkowych pszenicy *T. aestivum* L. z pszenicą tetraploidalną *T. durum* Desf. o składzie genomowym AA BB odznaczającą się bardzo wysokimi parametrami jakości ziarna (Szwed-Urbaś, i in., 1997). Analizy technologiczne wykonano w trzech kolejnych latach rozmnożeń, a następnie dokonano syntezy wyników. Wykonana analiza wariancji wykazała istotną zmienność (tab. 3) a wyliczone wartości NIR określiły zakresy istotności różnic (tab. 4). Na podstawie tej syntezy zidentyfikowano 30 form utrzymujących średni poziom białka klasy E (tab. 1, 2, 4). Wahał się on w granicach 14,5% — 16,0% (tab. 4). Klasę A, tj. poziomu wzorca, którym była odmiana Begra miało 30 form a niższą od niej (B, C) — 4 formy (tab. 4). Odmiany pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf., pomimo że nie są jeszcze uprawiane w Polsce lecz w doświadczeniach polowych krajowych mają wysoką zawartość białka w ziarnie 15,5%–20,3% (Szwed-Urbaś i in., 1997). Geny zawartości białka zlokalizowano u tego gatunku pszenicy na 7 różnych chromosomach, tj. 4AL, 4BS, 5AL, 6A, 6BL, 7AL, 7BS, które mogły być wprowadzone w badanym materiale (Blanco i in., 1978).

Liczbę opadania klasy E (232,0 s–398,0 s) miały 62 formy, klasę niższą (A) — 2 formy (tab. 1, 2, 4). Cecha ta związana jest ściśle z wartością wypiekową ziarna pszenicy *T. aestivum* L. i kontrolowana przez geny z grupy *alfa-Amy*: 12–14 genów *alfa-Amy 1*; 10–11 genów *alfa-Amy 2*. Geny *alfa-Amy 1* występują na chromosomach VI grupy homeologicznej (6A, 6B, 6D), zaś geny *alfa-Amy 2* na chromosomach VII grupy homeologicznej, (7A, 7B i 7D; Mac Gregor i Mac Gregor, 1987). Zidentyfikowano również trzecią grupę genów *alfa-Amy 3*, które występują na chromosomach V grupy

homeologicznej, 5A, 5B i 5D (Baulcombe i in., 1987). A zatem, w badanych materiałach 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, które mogły spowodować wysoki poziom liczby opadania klasy E.

Tabela 1

Wartości krytyczne klas jakościowych w porównaniu do odmiany wzorcowej Begra (*T. aestivum* L.)
Critical limits of the quality classes, in relation to the check variety Begra (*T. aestivum* L.)

Klasa Class	Zawartość białka Protein content (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s)
E	> 14,5	> 52,3	>226,0
A	13,3–14,4	38,3–52,2	225,9–186,0
B	13,2–12,8	38,2–24,3	185,9–146,0
C	< 12,7	< 24,2	< 145,9
Begra	13,9	45,3	315,7

Tabela 2

Liczba form (*T. aestivum* L. × *T. durum* Desf.) × *T. aestivum* L. w poszczególnych klasach jakości
Number of the forms (*T. aestivum* L. × *T. durum* Desf.) × *T. aestivum* L. in the quality classes

Klasa Class	Białko Protein (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s)	Wartość wypiekowa Baking value
E	30	14	62	12
A	30	39	2	39
B	3	11	0	12
C	1	0	0	1
Razem Total	64	64	64	64

Tabela 3

Średnie kwadraty zmienności z analizy wariancji dla zawartości białka, wskaźnika sedymentacji i liczby opadania
Mean squares of variance from the variance analysis for protein content, sedimentation index and falling number

Zmienność Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares		
		białko protein	sedymentacja sedimentation	liczba opadania falling number
Genotypy (G) Genotypes	63	4633,78 *	163,57*	4633, 78*
Lata (L) Years	2	136273,90*	3572,02*	136273,90 *
G × L	126	1657,37	36,11	1657,37

* Istotność przy P = 0,05

* Significant at P = 0.05

Tabela 4

Jakość technologiczna ziarna 64 form (*T. aestivum* L. × *T. durum* Desf.) × *T. aestivum* L., w porównaniu do odmiany wzorcowej Begra

Technological quality of grain of 64 forms (*T. aestivum* L. × *T. durum* Desf.) × *T. aestivum* L., in relation to the check variety Begra

Nr No.	Białko Protein (%)	Sedymentacja Sedimentation (ml)	Liczba opadania Falling number (s.)
1	2	3	4
1	13,9 A	35,3 B	236,7 E
2	15,0 E	40,3 A	232,0 E
3	14,7 E	39,7 A	290,0 E
4	14,1 A	39,0 A	250,3 E
5	13,2 B	42,3 A	224,7 A
6	13,3 A	37,3 B	298,7 E
7	13,1 B	33,7 B	377,0 E
8	13,5 A	35,0 B	373,7 E
9	14,5 E	40,7 A	285,3 E
10	13,6 A	41,0 A	319,7 E
11	14,0 A	40,3 A	315,3 E
12	13,2 B	44,3 A	269,3 E
13	13,6 A	40,0 A	293,7 E
14	14,4 A	41,7 A	265,3 E
15	14,8 E	42,3 A	249,3 E
16	14,7 E	56,7 E	302,0 E
17	13,9 A	44,0 A	279,0 E
18	14,0 A	48,0 A	295,3 E
19	14,9 E	59,0 E	284,7 E
20	14,4 A	43,3 A	351,3 E
21	13,9 A	42,3 A	315,0 E
22	14,1 A	40,3 A	274,7 E
23	14,7 E	37,0 B	209,7 A
24	13,9 A	48,0 A	291,7 E
25	13,9 A	40,3 A	325,5 E
26	13,4 A	42,0 A	258,3 E
27	13,5 A	39,3 A	325,3 E
28	15,0 E	41,7 A	359,0 E
29	13,7 A	34,3 B	398,0 E
30	13,6 A	37,0 B	321,7 E
31	13,3 A	39,0 A	289,3 E
32	13,8 A	37,0 B	359,0 E
33	12,6 C	36,0 B	380,0 E
34	14,5 E	39,3 A	337,3 E
35	13,3 A	41,0 A	332,7 E
36	14,3 A	34,0 B	350,7 E
37	13,4 A	29,7 B	297,0 E
38	15,5 E	43,7 A	297,0 E
39	15,4 E	44,3 A	313,0 E
40	15,8 E	56,0 E	257,0 E
41	15,3 E	46,0 A	243,7 E
42	15,3 E	62,0 E	290,7 E
43	15,6 E	53,7 E	385,3 E
44	14,6 E	53,0 E	294,3 E
45	14,9 E	52,3 E	277,7 E

c. d. Tabela 4

1	2	3	4
46	14,6 E	52,3 E	332,7 E
47	15,0 E	58,7 E	320,7 E
48	14,6 E	57,0 E	296,3 E
49	16,0 E	58,3 E	283,0 E
50	14,6 E	49,7 A	319,3 E
51	13,9 A	39,3 A	313,7 E
52	13,3 A	37,7 A	275,0 E
53	14,3 A	46,3 A	259,0 E
54	14,6 E	41,7 A	271,3 E
55	14,6 E	50,3 A	330,3 E
56	15,1 E	50,7 A	313,7 E
57	14,5 E	49,0 A	323,7 E
58	15,9 E	55,0 E	325,3 E
59	13,9 A	52,3 E	290,3 E
60	15,2 E	49,7 A	358,7 E
61	13,8 A	52,3 E	303,0 E
62	14,4 A	43,3 A	299,7 E
63	15,3 E	44,3 A	281,7 E
64	14,6 E	43,0 A	343,3 E
Begra	13,9 A	45,3 A	315,7 E
Średnia Mean	14,32	44,43	303,40
Odchylenie standardowe Standard deviation	0,77	7,39	40,59
Wariancja Variance	0,59	54,61	1647,54
C.V.	2,86	16,63	13,38
NIR 0,05 LSD 0.05	0,31	2,14	14,51

Oznaczenia; Designations:

E, A, B, C — Klasy jakości; Quality classes

C.V. — Współczynnik wariancji; Variance coefficient

NIR_{0,05} — Najniższa istotna różnica; LSD_{0,05} — Lowest significant difference

Wskaźnik sedymentacji Zeleny'ego jest głównym parametrem oceny wartości wypiekowej ziarna pszenicy *T. aestivum* L. Klasę E miało 14 form (52,3 ml–62,0 ml), zaś klasę A — 39 form i klasę B — 11 form (tab. 4). Turchetta i wsp. (1995) badając zawartość białka i wskaźnik sedymentacji w 202 odmianach tetraploidalnej pszenicy uprawianych we Włoszech i Turcji wykazali 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 ml–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 Shewry (1991) wykazali duże różnice alleli w locus *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). Ponadto Rogers i wsp. (1990) zbadali efekt dodawania poszczególnych chromosomów 1A, 1B, 6A, 6B na właściwości technologiczne ziarna pszenicy *T. aestivum* L. Wykazali, że wzrost dawki chromosomów 1B, 6A połączony był z istotnym wzrostem jego jakości. Jak z powyższego widać przeniesienie fragmentów określonych chromosomów z *T. durum* Desf. do genotypu *T. aestivum* L. w badanych materiałach mogło wywołać pozytywne efekty parametrów technologicznych. Szczególnie, przeniesienie chromosomów 6A i 6B związane mogło być z równoczesnym poprawieniem wielu parametrów technologicznych albowiem występują tam równocześnie geny liczby opadania *alfa-Amy 1* i gliadyn *Gli-2*.

Wartość wypiekową klasy E ocenioną na podstawie 3 wskaźników lepszą od wzorca Begra (klasa A) miało 12 form, na poziomie wzorca — 39 form i niższą (klasy B, C) — 13 form (tab. 2, 4). Ta cecha ziarna związana jest głównie z homeologicznymi genami wysoko (HMW) i niskocząsteczkowych (LMW) glutenin rozmieszczonych na chromosomach 1A, 1B i 1D determinujących odpowiednie podjednostki białek zapasowych endospermu, z których podjednostki HMW-GS 5 + 10 genu *Glu-D1* miały największy pozytywny efekt na właściwości ciasta (Dong i in., 1991). Kombinacja ta przedstawiała korelację dodatnią ze wskaźnikami dobrej wartości wypiekowej u odmian w Niemczech (Wieser i Zimmermann, 2000), Wielkiej Brytanii (Payne i in., 1987), Norwegii (Uhlen, 1990), Syrii (MirAli i in., 1999), USA (Dong i in., 1991), Włoch (Redaelli i in., 1997). Wskazuje to na niezwykle istotność locusa *Glu-D1* w poprawianiu wartości wypiekowej ziarna, jednak nie mógł on uczestniczyć w ulepszeniach materiału badawczego na zasadzie introgresji, albowiem gatunek *T. durum* Desf nie był jego nośnikiem, tylko dawcą genomów A i B. Odmiana meksykańskiej pszenicy Anza o niskiej wartości wypiekowej miała podjednostki HMW glutenin: null (*Glu-A1c*), 7 + 8 (*Glu-B1b*), 2 + 12 (*Glu-D1a*); zaś odmiana Cajeme 71 o wysokiej jakości wykazywała obecność podjednostek: 1 (*Glu-A1a*), 17 + 18 (*Glu-B1i*) i 5 + 10 (*Glu-D1d*) (Carrillo i in., 1990).

Odmiana Chinese Spring wykorzystana w niniejszej pracy jako podstawowy genotyp w uzyskaniu mieszańców F_1 — bridge odznaczała się niskimi wskaźnikami jakości ziarna, podobnie jak odmiana Favorit. Zatem nie mogły one stanowić źródeł uzyskania wysokich wskaźników technologicznych i wartości wypiekowej materiału badawczego. Krzyżowanie odmian Chinese Spring i Favorit z *T. durum* Desf. wskazuje, że introgresji z genomów A i B mogły podlegać jedynie loci *Glu-A1*, *Glu-A3* glutenin i *Gli-A1*, *Gli-A2* gliadyn genomu A, oraz loci *Glu-B1*, *Glu-B3* glutenin i *Gli-B1*, *Gli-B2* gliadyn genomu B. A zatem poprzez krzyżowanie międzygatunkowe *T. aestivum* L. z *T. durum* Desf uzyskano w genomach A i B genotypu *T. aestivum* L. nową zmienność genetyczną cech jakościowych jaka nie występuje u tego gatunku. Ekspresją tej zmienności były wysokie wartości wskaźników technologicznych (klasa E) wykraczających poza najlepszy genotyp jakościowy, którym od wielu lat w hodowli jakościowej pszenicy ozimej w Polsce jest odmiana Begra.

U odmian pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. istnieją korelacje genetyczne loci genomów A i B, mogących podlegać introgresji z niektórymi wskaźnikami technologicznymi. Blanco i wsp. (1998) stwierdzili, że liczba sedymentacji kodowana była przez 7 loci na 7 różnych chromosomach 1AL, 1BS, 3AS, 3BL, 5AL, 6AL i 7BS. Sprzężenia

dotyczyły loci na chromosomach 5AL., 6AL, 7BS. Na chromosomie 1AL zlokalizowano locus *Glu-A1* a na chromosomie 1BS loci *Gli-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 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 genomów A i B, ze wskaźnikami technologicznymi ziarna. Nieto-Taladriz i wsp. (1994) badali wpływ loci *Gli-A1*, *Gli-B1*, *Glu-A3*, *Glu-B1*, *Glu-D3* na właściwości ciasta. Wykazali, że locus *Gli-B1* istotnie wpływał na wszystkie właściwości ciasta natomiast locus *Glu-B1* jedynie na stałość ciasta. Żadne z loci *Glu-A3*, *Gli-A1*, *Glu-D3* nie miały istotnego wpływu na wskaźniki jakościowe. Branlard i Dardevet (1985) wykazali dodatnią korelację stałości ciasta i silnego glutenu z podjednostkami: 2 (*Glu-A1*), 7 + 9 (*Glu-B1*), 5 + 10 (*Glu-D1*) glutenin (HMW) oraz rozciągliwości ciasta z podjednostkami: 1 (*Glu-A1*), 13 + 16, 17 + 18 (*Glu-B1*). Z kolei największą oporność na rozciąganie ciasta powodowały podjednostki 5 + 10, 2 + 12 kodowane przez locus *Glu-D1d,a* a mniejszy efekt stwierdzono w przypadku podjednostek 2 > 1 > null kontrolowanych przez locus *Glu-A1* i podjednostek 7 + 9 > 20, 7 + 8 > 7 + 9 kodowane przez *Glu-B1* (Lawrence i in., 1987). Lorenzo i wsp. (1987) wykazali, że wysoka sedymentacja i objętość chleba zawsze związane były z podjednostkami 5 + 10 glutenin (HMW), zaś Odenbach i Mahgoub (1988), że wysoka sedymentacja — z podjednostkami 2* (*Glu-A1*), 7 + 8 (*Glu-B1*), 7 + 9 (*Glu-B1*), 5 + 10 (*Glu-D1 d*) a z niską sedymentacją związane były podjednostki: null (*Glu-A1*), 6 + 8 (*Glu-B1*), 2 + 12 (*Glu-D1*).

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

Carrillo i wsp. (1990) wykazali bardzo silny związek kremowej barwy ciasta i wskaźnika sedymentacji z podjednostkami glutenin (HMW) kodowanymi przez homeologiczne loci *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1*. Schepers i wsp. (1993) również wykazali w odmianach holenderskich silny związek wskaźnika sedymentacji z podjednostkami glutenin (HMW) zwłaszcza locus *Glu-D1 a d* (2 + 12, 5 + 10).

Jak z powyższego wynika, substytucja lub introgresja chromosomów 1A, 1B, 1D odpowiedzialnych za dobre parametry jakościowe w gatunku *T. aestivum* L. przez ich homeologów z pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf. (1A, 1B) może prowadzić do wyraźnych wzrostów jakościowych ziarna. Ewentualność introgresji chromosomów 1A, 1B, 1D z *T. aestivum* L. również mogła mieć miejsce w przypadku uzyskanych materiałów. We wczesnych generacjach, szczególnie w F₂ wykorzystano 13 odmian i rodów *T. aestivum* L. w celu uzyskania płodnego potomstwa F₁. Mansur i wsp. (1990) wykazali, że

wprowadzenie chromosomów 1A, 1B, 1D, 3A, 3B, 7A, 7B z odmiany Cheyenne spowodowało zwiększenie objętości chleba u odmiany Chinese Spring. Podobny efekt u odmiany Cappelle Deprez spowodowały chromosomy 1A, 1D, 4A, 4D, 5D, 6B, 6D wprowadzone z odmiany Bezostaja 1 (Krattiger i in., 1987). Rogers i wsp. (1990) wykazali, że substytucja międzyodmianowa powoduje interakcję genów występujących na różnych chromosomach jakościowych dając nowe kombinacje w efekcie, których pojawiają się wyższe wskaźniki jakościowe.

Można sądzić, iż ulepszenie wartości technologicznej w badanym materiale mogło wynikać z polimorfizmu glutenin odmian matecznych Chinese Spring i Favorit albowiem zjawisko takie występuje u odmian *T. aestivum* L. (Graybosch i in., 1994). Taka ewentualność nie zachodziła, gdyż wcześniej wykonane analizy elektroforetyczne glutenin tych komponentów wykazały ich jednorodność.

Oprócz genów jądrowych należy również rozważyć efekt cytoplazmy gatunków obcych jak i różnych odmian *T. aestivum* L. na ulepszenia jakości ziarna. (Ekiz i in., 1998) jaki może zachodzić w krzyżowaniach. W badanych liniach efekt cytoplazmy nie mógł występować albowiem w mieszańcach F_1 — bridge zawsze były te same, znane cytoplazmy odmian Favorit i Chinese Spring *T. aestivum* L.

U *T. aestivum* L. podobnie jak u odmian pszenicy tetraploidalnej *T. durum* Desf nie obserwuje się korelacji wysokich wskaźników technologicznych ziarna z cechami polowymi (Schepers i in., 1993). Potwierdzają to również uzyskane wyniki. Należy zwrócić uwagę na selekcjonowanie i rozmnażanie badanych form, które począwszy od generacji F_2 związane było z silną selekcją korzystnych cech kłosa, jak długi kłos, duża liczba kłosków w kłosie i kwiatków w kłosku, duża liczba ziaren z kłosa, wysoka masa ziaren z kłosa, wielkość ziaren i odporność na choroby. Jak widać wraz z najlepszymi cechami kłosa mogły być selekcjonowane wysokie wskaźniki technologiczne, o ile byłyby z nimi sprzężone. Zatem przez tak wiele generacji mogły one być utrwalone na poziomie homozygot. Jednak uzyskane wyniki technologiczne wskazują, że takiego sprzężenia nie było, gdyż nie wszystkie badane formy prezentowały wysokie wskaźniki technologiczne (klasa E), a większość linii w I roku badań była heterozygotycznymi genotypami dając rozszczepienia w następnych latach badań, czyli późniejszych generacjach F. Należy sądzić, że uzyskanie homozygot pod względem wysokich wskaźników technologicznych ziarna wymaga prowadzenia w tym kierunku oddzielnej selekcji.

WNIOSKI

1. Odmiany ozime Mirable, Khapli, Fuensemiduro pszenicy tetraploidalnej *Triticum durum* Desf. okazały się efektywnymi źródłami wysokiej zawartości białka i sedymentacji klasy E lepszej od odmiany Begra i liczby opadania jej poziomu.
2. Występowanie wysokich parametrów jakościowych ziarna (klasa E) przekraczających wartości odmiany Begra wskazuje na efekty introgresji obcych genów z genomów A i B *Triticum durum* Desf. do genotypu heksaploidalnego *Triticum aestivum* L.
3. Zidentyfikowane formy o parametrach technologicznych ziarna klasy E i A stanowią dla hodowli jakościowej pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. nowe źródła o innych

uwarunkowaniach genetycznych tych wartości, pochodzących z genomów A i B pszenicy tetraploidalnej *Triticum durum* Desf.

LITERATURA

- Anderson W. K., Shakley B. J., Sawkins D. 1998. Grain yield and quality: does there have to be a trade-off. *Euphytica* 100: 183 — 188.
- Baulcombe D.C., Huttly A.K., Martienssen R., Barker R. F., Jarvis M.G. 1987. A novel wheat ∇ - amylase gen (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., Dardevet M. 1985. Diversity of grain protein and bread wheat quality. II. Correlation between high molecular weight subunits of glutenin and flour quality characteristics. *J. Cereal Sci.* 3: 345 — 354.
- 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., 1991 Seed storage proteins of *Triticum turgidum* spp. *dicoccoides* and their effects on technological quality in durum wheat. *Plant Breeding*, 107: 309 — 319.
- 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.
- Ekiz H., Safi Kinal A., Akain A., Simsek L. 1998. Cytoplasmic effects on quality traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 100: 189 — 196.
- Flavell R., Payne P. 1987. Introducing molecular biology into wheat breeding for better breadmaking quality. *Biotechnology in Agriculture*: 14 — 15.
- Graybosch R. A., Peterson C. J., Lee J. H., Shelton D. R. 1994. Effects of glutenin protein polymorphisms on breadmaking quality of winter wheats. *Crop Sci.* 34: 628 — 635.
- Gupta R. B., McRitchie F., Shepherd K. W., Ellison F. 1991. Relative contribution of LMW and HMW glutenin subunits to dough strength and dough stickness of bread wheat. *Proc. 4th Int. Workshop Gluten Proteins* (Ed. Bushuk W., Tkachuk R.): 71 — 80.
- Halloran G. M. 1975. Genetic analysis of grain protein percentage in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 46: 79 — 86.
- Johnson V. A., Mattern P. J., Peterson C. J., Kuhr S. L. 1985. Improvement of wheat protein by traditional breeding and genetic techniques. *Cereal Chem.* 62 (5): 350 — 355.
- Klockiewicz-Kamińska E., Brzeziński W. J. 1997. Metoda oceny i klasyfikacji jakościowej odmian pszenicy. *Wiad. Odm. COBORU*, 67: 1 — 18.
- Krattiger A. F., Payne P. I., Law C. N. 1987. The relative contribution of proteins and other components to breadmaking quality of varieties determined using chromosome substitution lines. *Proc. 3rd Int. Workshop Gluten Proteins, Budapest-Hungary*: 254 — 265.
- Lagudah E. S., O'Brien L. Halloran G. M. 1988. Influence of gliadin composition and high molecular weight subunits of glutenin on dough properties in an F₃ population of a bread wheat cross. *J. Cereal Sci.* 7: 33 — 42.
- Lawrence G. J., Moss H. J., Shepherd K. W., Wrigley C. W. 1987. Dough quality of biotypes of eleven Australian wheat cultivars that differ in high-molecular-weight glutenin subunit composition. *J. Cereal. Sci.* 6: 99 — 101.

- Lawrence G. J., Mac Ritchie F., Wrigley C. W. 1988. Dough and baking quality of wheat lines deficient in glutenin subunits controlled by the *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* loci. *J. Cereal Sci.* 7: 109 — 112.
- Little T. M., Hills F. J. 1975. Statistical methods in agricultural research. Eds. T. M. Little F. J. Hills, Univ. California, Davis 95616, 2nd ed. USA.
- 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 sulphate sedimentation test. *Crop. Sci.* 27: 253 — 257.
- MacGregor E. A., Mac Gregor A. W. 1987. Studies of cereal L-amylases using cloned DNSA s. *Rev. Biotech.* 5: 129 — 142.
- MacRitchie F., DuCros D. L., Wrigley C. W. 1990. Flour polipeptides related to wheat quality. *Adv. In Cereal Sci. and Tech.*(Ed. Y. Pomeranz, Am.Assoc. of Cereal Chem., USA), vol. 10: 79 — 146.
- Mansur L. M., Qualset C. O., Kasarda D. D., Morris R. 1990. Effects of Cheyenne chromosomes on milling and baking quality of Chinese Spring wheat in relation to glutenin and gliadin storage proteins. *Crop Sci.* 30: 35 — 47.
- MirAli N., Arabi M. I. E., Al-Safadi B. 1999. High molecular weight glutenin subunits composition of Syrian grown bread wheat and its relationships with gluten strength. *J. Genet. Breed.* 53: 237 — 245.
- Nieto-Taladriz M. T., Perretant M. R., Rousset M. 1994. Effect of gliadins and HMW and LMW subunits of glutenin on dough properties in the F₆ recombinant inbred lines from a bread wheat cross. *Theor. Appl. Genet.* 88: 81 — 88.
- Odenbach W., Mahgoub E. S. 1988. Relationships between HMW glutenin subunit composition and the sedimentation value in reciprocal sets of inbred backcross lines derived from two winter wheat crosses. *Proc. 7th Int.Wheat Genet. Symp.*, Cambridge (England): 987 — 991.
- Payne P. J., Nightingale M. A., Krattiger A. F., Holt L. M. 1987. The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. *J. Sci. Food. Agric.* 40: 51 — 65.
- Pilch J. 1996. Performance of interspecific and intergeneric hybrids of *Triticum aestivum* L. for wheat improvements. Part II. Breeding value of spring-type generations F₆–F₁₀ of *T. aestivum* L. with *Triticum* (2x, 4x), *Aegilops* (2x, 4x), *Secale* (2x) and *Hordeum* (2x) species in respect of some characters of spike. *Plant Breeding and Seed Science*, Vol. 41, No. 1: 3 — 15.
- Pilch J., Głowacz E., Cygankiewicz A. 1999. Wartość wypiekowa ziarna mieszańców pszenicy pochodzących z krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych. *Biul. IHAR* 210: 71 — 83.
- Redaelli R., Pogna N. E., Ng P. K. 1997. Effects of prolamins encoded by chromosomes 1B and 1D on the rheological properties of dough in near-isogenic lines of bread wheat. *Cereal Chem.* 74: 102 — 107.
- Rogers W. J., Rickatson J. M., Sayers E. J., Law C. N. 1990. Dosage effects of chromosomes of homoeologous group 1 and 6 upon bread-making quality of hexaploid wheat. *Theor. Appl. Genet.*, 80: 281 — 287.
- Sabelli P. A., Shevry P. R. 1991. Characterization and organization of gene families at the Gli-1 loci of bread and durum wheats 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. Comm.* 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.
- Uhlen A. K. 1990. The composition of high molecular weight glutenin subunits in Norwegian wheats and their relation to bread-making quality. *Norweg. J. Agric. Sci.* 4: 1 — 17.
- Wieser H., Zimmermann G. 2000. Importance of amounts and proportions of high molecular weight subunits of glutenin for wheat quality. *Eur. Food Res. Technol.* 210: 324 — 330.

JACEK WAGA

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Wewnątrzliniowy polimorfizm białek gliadynowych a zmienność liczby sedymentacji i zawartości białka ogółem u wybranych rodów pszenicy ozimej

Intra-varietal polymorphism of gliadin proteins in relation to variability of sedimentation value and protein content in some winter wheat strains

Analizowano wewnątrzliniowy polimorfizm białek zapasowych czterech rodów pszenicy ozimej: CHD 225, SCHW 124-84-46, GK 5695 oraz SMH 4716. Dla każdego rodu utworzono biotypy różniące się pod względem obrazów elektroforetycznych gliadyn. Na podstawie badań biochemicznych, realizowanych na przestrzeni trzech lat, dla każdego biotypu określono procentową zawartość białka ogółem oraz liczbę sedymentacji. Stwierdzono, iż frakcje białkowe kodowane chromosomami 1B (ród CHD 225) i 1A (ród GK 5695), a także frakcje z grupy β -gliadyn (ród SCHW 124-84-46) były istotnie powiązane ze zróżnicowaniem obu wskaźników jakości technologicznej. Natomiast biotypy różniące się gliadynami z grupy chromosomu 6A (ród 4716) nie wykazywały istotnych różnic pod względem badanych cech. Selekcja rodów hodowlanych na podstawie obrazu elektroforetycznego białek zapasowych pozwoliła uzyskać linie czyste o poprawionych właściwościach technologicznych.

Słowa kluczowe: analiza elektroforetyczna, białka gliadynowe, biotypy, polimorfizm wewnątrzliniowy

Intra-varietal polymorphism of storage proteins among four winter wheat strains: CHD 225, SCHW 124-84-46, GK 5695 oraz SMH 4716 was studied. Multiline strains were divided into subgroups (biotypes) with respect to their gliadin protein composition. Based on the results of three-years investigation, average values of grain protein content and sedimentation value were calculated for each biotype. Gliadins encoded by the chromosome 1B (strain CHD 225) and 1A (strain GK 5695) as well as some β -gliadin components (strain SCHW 124-84-46) were related to variability of the both quality characteristics. Biotypes of different gliadins encoded by the chromosome 6A (strain SMH 4716) did not differ significantly neither with respect to grain protein content or sedimentation value. Selection based on gliadin composition made possible to obtain uniform lines of improved technological properties.

Key words: electrophoresis, gliadin proteins, biotypes, intra-varietal polymorphism

WSTĘP

Badania gliadyn oraz wysokocząsteczkowych glutenin koncentrują się w pierwszej kolejności nad oceną stopnia ich zróżnicowania pomiędzy różnymi formami pszenicy (Javornik, 1989; Metakovsky, 1991; Lukov i in., 1989; Wang i in., 1993). Stosunkowo rzadko przedmiotem badań jest polimorfizm, który można obserwować w obrębie jednej odmiany czy rodu (Pogna i in., 1986; Sasek i in., 1988 a). Ten rodzaj polimorfizmu będzie określany mianem „wewnątrzliniowy”, w odróżnieniu od tradycyjnego znaczenia słowa polimorfizm, które odnosi się przede wszystkim do zróżnicowania „międzyliniowego”. O polimorfizmie wewnątrzliniowym można mówić wówczas, gdy obraz elektroforetyczny białek uzyskanych drogą ekstrakcji z pojedynczych ziarniaków danej odmiany lub rodu jest niejednorodny. W takich przypadkach najczęściej obserwuje się od dwóch do czterech różnych kombinacji prążków elektroforetycznych (Sasek i in., 1988 b). Z heterogenicznej formy pszenicy można drogą selekcji uzyskać linie czyste określane mianem biotypów.

Polimorfizm wewnątrzliniowy jest efektem niskiego wyrównania materiałów hodowlanych uzyskanych z rozmnożenia jednej — heterozygotycznej pod względem loci białek zapasowych rośliny (w badaniach białek zapasowych pszenicy; Metakovsky, 1991 a). W przypadku, gdy gliadyny różniące biotypy są powiązane z cechami użytkowymi, polimorfizm wewnątrzliniowy może mieć niekorzystny wpływ na wartość badanego rodu czy odmiany. Hodowca powinien być wówczas zainteresowany selekcją linii czystych z heterogenicznych materiałów.

Formy wieloliniowe można wykorzystać w pracach nad identyfikacją nowych alleli białek zapasowych, a także określeniem ich związku ze zmiennością cech użytkowych (Metakovsky, 1991 b). Rody hodowlane stanowią populacje w znacznym stopniu wyrównane zarówno pod względem genotypu, jak i fenotypu. Identyfikacja różnych kombinacji prążków elektroforetycznych w obrębie takich rodów, a następnie selekcja linii czystych pozwala uzyskać formy blisko spokrewnione, jednak różniące się pojedynczymi frakcjami białkowymi. Zaobserwowane różnice wartości cech użytkowych wytworzonych linii można do pewnego stopnia tłumaczyć zmiennością różnicujących je gliadyn, a obserwowany związek będzie w znacznym stopniu wolny od błędu wynikającego ze współdziałania pozostałych genów, czyli tzw. tła genetycznego, które wcześniej zostało ujednolicone przez hodowcę. Badania te łączą aspekty naukowe i użytkowe. Z jednej strony ich wyniki dostarczają informacji na temat związku białek zapasowych z cechami użytkowymi, z drugiej strony pozwalają wytworzyć ulepszony materiał hodowlany w stosunku do formy wyjściowej.

Celem niniejszej pracy było stwierdzenie, w jaki sposób polimorfizm wewnątrzliniowy białek gliadynowych obserwowany u czterech rodów pszenicy ozimej jest powiązany ze zmiennością dwóch wskaźników jakości technologicznej: procentową zawartością białka ogółem oraz liczbą sedymentacji.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

U czterech rodów z kolekcji pszenicy ozimej IHAR: CHD 225, SCHW 124 84 46, GK 5695, oraz SMH 4716 zaobserwowano polimorfizm wewnątrzliniowy gliadyn oraz wysokocząsteczkowych glutenin. W 1998 roku zebrano po około 100 roślin z każdego rodu. Metodami rozdziału elektroforetycznego analizowano białka zapasowe w próbach mąki uzyskanej z części ziarniaków każdej zebranej rośliny. Na podstawie wyników analizy elektroforetycznej gliadyn oraz wysokocząsteczkowych podjednostek glutenin dokonano wstępnej selekcji pojedynczków w obrębie każdego rodu. Do dalszych badań wybrano rośliny identyczne pod względem składu podjednostek glutenin, natomiast różniące się pojedynczymi prążkami bądź też blokami gliadyn. W następnej kolejności utworzono po dwa biotypy dla każdego rodu. Każdy z nich liczył po 10 pojedynczków roślinnych. W wyniku ich rozmnożenia uzyskano 80 linii (cztery zestawy po 20 linii z każdego rodu, po 10 linii dla każdego z dwóch biotypów w obrębie rodu).

Cztery zestawy linii badano przez trzy kolejne lata (2000, 2001 i 2002), metodami rozdziału elektroforetycznego. Analizowano stopień wyrównania białek gliadynowych oraz wysokocząsteczkowych glutenin. Określono też liczbę sedymentacji oraz procentową zawartość białka ogółem dla poszczególnych linii.

Analizy elektroforetyczne

Białka gliadynowe analizowano metodą elektroforezy na żelu poliakrylamidowym w środowisku kwaśnym buforu mleczanowo-glinowego (pH = 3,1) optymalizowaną do własnych warunków laboratoryjnych (Bushuk i Zillman, 1978). Bloki białek gliadynowych różnicujące biotypy badanych rodów pszenicy ozimej, które obserwowano we wcześniejszych pracach, identyfikowano na podstawie katalogu opracowanego w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Waga, 2000).

Gluteniny wysokocząsteczkowe analizowano metodą rozdziału elektroforetycznego na żelu poliakrylamidowym w środowisku zasadowym buforu tris-HCl (pH = 8,1) z dodatkiem soli sodowej siarczanu dodecyłu (Laemmli, 1970). Uzyskane obrazy elektroforetyczne opisano na podstawie katalogu białek gluteninowych Payne'a (Payne i Lawrence, 1983).

W analizach wykorzystywano komory elektroforetyczne firmy DESAGA.

Określenie procentowej zawartości białka ogółem oraz liczby sedymentacji

Liczbę sedymentacji określono na podstawie testu Zeleny'ego z dodatkiem soli sodowej siarczanu dodecyłu (Zeleny i in., 1960). Procentową zawartość białka ogółem w ziarniakach określono na podstawie analizy w bliskiej podczerwieni (NIR) przy użyciu analizatora Infratec 1255 firmy Tecator. Badania wykonano w Pracowni Oceny Jakości i Odporności Zbóż Zakładu Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż IHAR w Krakowie.

Analiza statystyczna

Istotność zróżnicowania wartości dwóch wskaźników jakości technologicznej pomiędzy grupami linii różniących się pojedynczymi prążkami gliadyn określono na podstawie analizy wariancji. Ze zmienności całkowitej wyodrębniono zmienność bloków, lat oraz interakcji bloków z latami. W skład bloku wchodziły linie o identycznych

wzorcach elektroforetycznych zarówno białek gliadynowych, jak i gluteninowych. W przypadku procentowej zawartości białka ogółem dane wyjściowe transformowano według wzoru:

$$Y = \arcsin \sqrt{0,01 \cdot x}$$

Po transformacji wyniki miały rozkład normalny.

OMÓWIENIE WYNIKÓW

W efekcie wykonanej na wstępnym etapie badań selekcji pod względem składu białek gluteninowych ich obraz elektroforetyczny u wszystkich linii w obrębie każdego z czterech badanych rodów był identyczny. Skład podjednostek tej frakcji białek zapasowych określono na podstawie katalogu Payne'a (tab. 1).

Tabela 1

Skład podjednostek białek gluteninowych czterech badanych rodów (na podstawie katalogu Payne'a)
Composition of glutenin protein subunits in four winter wheat strains based on the Payne catalogue

Ród Strain	Locus <i>Glu A1</i>	Locus <i>Glu B1</i>	Locus <i>Glu D1</i>
CHD 225	1	7 + 8	2 + 12
SCHW 124 84 46	Null	6 + 8	2 + 12
GK 5695	Null	7 + 9	5 + 10
SMH 4716	2*	7 + 9	2 + 12

Frakcje białek gliadynowych różnicujące biotypy analizowanych rodów zilustrowano na obrazach elektroforetycznych (rys. 1).

Biotypy rodu CHD 225 różniły się podjednostkami, które na podstawie opracowanego katalogu można opisać jako bloki białkowe *Gli B1-2* — biotyp A, *Gli B1-1* — biotyp B (kodowane chromosomem 1B), *Gli A2-3* — biotyp A oraz blok podobny do *Gli A2-1* (kodowane chromosomem 6A).

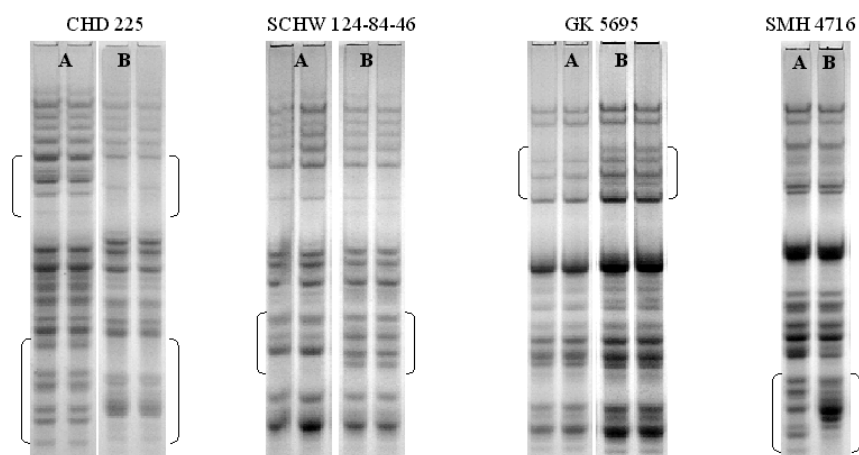
W przypadku rodu SCHW 124-84-46 biotyp B — w porównaniu z biotypem A — zawiera jeden dodatkowy prążek w strefie β-gliadyn. Dokładne wskazanie chromosomu warunkującego syntezę tej frakcji jest trudne do określenia — na podstawie uzyskanych rozdziałów elektroforetycznych można z dużym prawdopodobieństwem twierdzić, iż jest ona kodowana chromosomem 6B bądź 6D (locus *Gli B2* lub *Gli D2*).

Biotyp B rodu GK 5695 zawiera w strefie ω-gliadyn dwa prążki, których nie ma w biotypie A. Tych prążków nie obserwowano również u odmian i rodów pszenicy we wcześniejszych pracach autora niniejszej publikacji. Ich lokalizacja w stosunku do pozostałych prążków tej strefy obrazu elektroforetycznego pozwala przypuszczać, że są one kodowane chromosomem 1A (locus *Gli A1*).

Dwa biotypy rodu SMH 4716 różnią się między sobą blokami białkowymi kodowanymi chromosomem 6A (locus *Gli A2*). Biotyp A zawiera blok oznaczony symbolem *Gli A2-2*, natomiast biotyp B zawiera blok *Gli A2-1*. Identyfikacji tych bloków białek gliadynowych można było dokonać w sposób jednoznaczny. Pojawiają się one stosunkowo często wśród

odmian i rodów pszenicy ozimej. Oba bloki białkowe zostały opisane w jednej z wcześniejszych prac (Waga, 2000).

Średnie wartości liczby sedymentacji i procentowej zawartości białka ogółem, jak również zakresy zmienności tych cech obliczono na podstawie wyników badań trzyletnich (tab. 2). W przypadku procentowej zawartości białka ogółem znaczne różnice między biotypami obserwowano dla rodów GK 5695 oraz CHD 225, natomiast w przypadku liczby sedymentacji dla rodów GK 5695 oraz SCHW 124 84 46.



Rys. 1. Obraz elektroforetyczny białek gliadynowych czterech rodów pszenicy ozimej. Klamrami zaznaczono prążki różnicujące biotypy poszczególnych rodów

Fig. 1. Gliadin proteins electrophoregrams of four winter wheat strains. Differences between biotypes are marked by the brackets

Tabela 2

Średnie wartości białka oraz liczby sedymentacji w liniach pszenicy ozimej na podstawie badań trzyletnich

Average protein content and sedimentation value of some winter wheat strains, based on three years of investigations

Symbol linii pszenicy Symbol of the wheat line		Procentowa zawartość białka — Protein content		Liczba sedymentacji — Sedimentation value	
		wartość średnia (%) average value (%)	zakres zmienności (%) range of variability (%)	wartość średnia (%) average value (%)	zakres zmienności (%) range of variability (%)
CHD 225	A	10,48	9,29–12,71	27,57	20,33–40,00
	B	13,78	13,14–14,59	43,43	41,33–46,33
SCHW 124-84-46	A	11,46	10,35–12,61	44,47	39,67–51,00
	B	11,27	10,28–13,02	27,9	23,67–33,00
GK 5695	A	11,64	10,32–12,14	30,47	27,67–33,33
	B	10,9	10,03–12,01	34	30,33–39,33
SMH 4716	A	13,84	12,62–14,90	59,52	56,00–64,33
	B	13,7	12,62–14,90	57,6	53,00–62,33

Istotność zróżnicowania średnich wartości liczby sedymentacji oraz procentowej zawartości białka ogółem między parami utworzonych biotypów stwierdzono na podstawie wyników analizy wariancji wykonanej dla każdego rodzaju oddzielnie. Zmienność bloków, lat oraz interakcji bloków z latami oszacowano testem F. We wszystkich przypadkach obserwowano istotne zróżnicowanie w latach. Jest to w znacznym stopniu efektem warunków meteorologicznych panujących w okresie bezpośrednio poprzedzającym zbiór ziarna w roku 2001. Ciągłe opady deszczu i znaczna wilgotność powietrza miały wpływ na znaczne obniżenie wartości obu wskaźników jakościowych w stosunku do pozostałych lat badań.

Analiza wariancji dla dwóch biotypów rodzaju CHD 225 dowodzi istotnego zróżnicowania średnich wartości zarówno w przypadku liczby sedymentacji, jak i procentowej zawartości białka ogółem, przy czym biotyp A zawierający blok *Gli B1-2* charakteryzował się niższymi wartościami obu cech niż biotyp B zawierający blok *Gli B1-1* (tab. 3).

Tabela 3

Analiza wariancji dla białka oraz liczby sedymentacji w badanych liniach pszenicy ozimej
Analysis of variance for protein content and sedimentation value of the investigated winter wheat strains

Ród Strain	Zawartość białka — Protein content				Liczba sedymentacji — Sedimentation value			
	źródło zmienności source of variability	Lss Df	ŚK MS	test F F-test value	źródło zmienności source of variability	Lss Df	ŚK MS	test F F-test value
CHD 225	lata years	2	14,256	16,322**	lata years	2	287,15	10,341**
	bloki blocks	1	133,62	152,88**	bloki blocks	1	3776,26	135,998**
	interakcja interaction	2	1,44	1,648	interakcja interaction	2	36,52	1,315
	lata years	2	51,455	42,280**	lata years	2	150,415	6,187**
SCHW 124-84-46	bloki blocks	1	0,37	0,304	bloki blocks	1	4116,81	169,326**
	interakcja interaction	2	0,355	0,292	interakcja interaction	2	14,22	0,585
	lata years	2	17,83	20,354**	lata years	2	725,99	41,042**
GK 5695	bloki blocks	1	6,91	7,888**	bloki blocks	1	187,26	10,586**
	interakcja interaction	2	0,475	0,542	interakcja interaction	2	94,145	5,322**
	lata years	2	42,96	27,311**	lata years	2	1755,62	54,619**
SMH 4716	bloki blocks	1	2,16	1,373	bloki blocks	1	56,06	1,744
	interakcja interaction	2	1,875	1,192	interakcja interaction	2	3,87	0,12

Lss — Df — Liczba stopni swobody; Degrees of freedom

ŚK — MS — Średni kwadrat; Mean square

** — Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0,01$

Podjednostki z grupy β -gliadyn różnicowały dwa biotypy rodu SCHW 124-84-46 tylko pod względem liczby sedymentacji, której wyższe wartości obserwowano dla biotypu B zawierającego w tej strefie jeden dodatkowy prążek w porównaniu z biotypem A. Z kolei dla rodu GK 5695 obserwowano istotne zróżnicowanie pod względem obu cech jednak biorąc pod uwagę wysoce istotną interakcję w przypadku liczby sedymentacji można stwierdzić, że zidentyfikowane podjednostki ω -gliadyn różnicują badane biotypy tylko pod względem zawartości białka. Biotyp B zawierał mniej białka w porównaniu z biotypem A. Dwa biotypy rodu SMH 4715 nie różniły się istotnie ani pod względem liczby sedymentacji, ani też procentowej zawartości białka ogółem pomimo obserwowanych różnic w składzie podjednostek gliadyn kodowanych chromosomem 6A.

DYSKUSJA

Wewnątrzliniowy polimorfizm gliadyn opisany dla czterech wybranych rodów pszenicy ozimej jest zjawiskiem stosunkowo często obserwowanym w kolekcjach roboczych i materiałach hodowlanych. Znaczna liczba rodów, a często i odmian uprawnych, to formy heterogeniczne pod względem genów warunkujących białka zapasowe. Potwierdzają to badania innych autorów, jak również wcześniejsze prace wykonane w ZRZb IHAR w Krakowie (Sasek i in., 1988 a; Waga, 1991).

Uzyskane wyniki sugerują, iż polimorfizm wewnątrzliniowy gliadyn może w przypadku niektórych kombinacji podjednostek pogarszać jakość technologiczną badanej formy pszenicy. Jeżeli bowiem składa się ona z dwóch lub większej liczby biotypów, z których jeden zawiera korzystne, a drugi niekorzystne podjednostki gliadyn, to wypadkowa wartość badanej cechy w mieszaninie biotypów będzie gorsza niż w przypadku linii czystej biotypu zawierającego podjednostki korzystne. Szczególnie drastyczne różnice obserwowano między biotypami rodów CHD 225 i SCHW 124-84-46 dla liczby sedymentacji. Nie dziwi to w przypadku rodu CHD 225, którego biotyp A zawierał blok *Gli B1-2* — marker translokacji *1B/1R*. Wielokrotnie wykazano, że blok ten znacznie pogarsza właściwości technologiczne pszenicy (Dhaliwal i in., 1988; Graybosch i in., 1990; Waga i Węgrzyn, 2000). Mimo, iż biotypy rodu CHD 225 różnią się także podjednostkami α -gliadyn kodowanymi chromosomem 6A (locus *Gli A2*), to prawdopodobnie całą różnicę średnich wartości liczby sedymentacji można tłumaczyć zróżnicowaniem w locus *Gli B1*. Zarówno z wcześniejszych, jak i obecnych badań wynika, że bloki gliadynowe kodowane przez locus *Gli A2* nie mają istotnego wpływu na jakość technologiczną. Potwierdza to brak zróżnicowania wskaźników jakościowych w liniach rodu SMH 4716. Natomiast istotne zróżnicowanie obu wskaźników pomiędzy liniami rodów SCHW 124-84-46 i GK 5695 powiązane jest z nie badanymi dotychczas podjednostkami gliadyn i dlatego wymaga potwierdzenia w przyszłości.

Zaobserwowane różnice liczby sedymentacji i procentowej zawartości białka ogółem są efektem związku pomiędzy gliadynami różnicującymi uzyskane biotypy, a wymienionymi wskaźnikami jakości technologicznej. Mimo iż każdy z badanych rodów charakteryzował się jednolitym obrazem elektroforetycznym wysokocząsteczkowych glutenin uzyskane biotypy różniły się pod względem cech jakościowych, a zróżnicowanie

to było statystycznie powiązane ze zmiennością frakcji gliadyn. Podobne zależności opisano w pracach innych autorów (Metakovsky, 1991 b; Sasek, 1988 a). Wydaje się to zrozumiałe, gdyż właściwości wypiekowe są (w znacznym stopniu) efektem interakcji gliadyn i glutenin (Bushuk, 1994). Dlatego też prowadząc selekcję materiałów hodowlanych na podstawie analizy elektroforetycznej należy pamiętać, że o cechach technologicznych genotypu decydują kombinacje podjednostek glutenin i gliadyn, a nie tylko jedna z wymienionych frakcji białek zapasowych.

Wyniki badań opisanych w niniejszej publikacji poszerzają zakres informacji na temat biochemicznych markerów białkowych, które uzyskano we wcześniejszych pracach realizowanych przez Zakład Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Waga i Węgrzyn, 2000).

WNIOSKI

1. Biotypy uzyskane drogą selekcji linii czystych z polimorficznych pod względem białek zapasowych rodów pszenicy ozimej różnią się między sobą istotnie wartościami liczby sedimentacji i procentowej zawartości białka ogółem.
2. Zmienność badanych wskaźników jakości technologicznej jest powiązana ze zróżnicowaniem niektórych frakcji białek zapasowych należących do grupy β - i ω -gliadyn.
3. Biotypy zawierające korzystne frakcje gliadyn o poprawionych właściwościach użytkowych mogą stanowić cenny materiał wyjściowy dla hodowli nowych odmian pszenicy.

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.
- Bushuk W. 1994. Interactions in wheat dough's. Quality cereals in a changing world, 14th ICC Congress, The Hague, Netherlands.
- Dhaliwal A. S., Mares D. J., Mardhall D. R., Skerritt J. H. 1988. Protein composition and content in relation to dough stickiness of 1B/1R translocation wheats. *Cereal Chem.* 65 (2): 143 — 149.
- Graybosch R. A., Peterson C. J., Hansen L. E., Mattern P. J. 1990. Relationships between protein solubility characteristics, 1B1/1Rs, high molecular weight glutenin composition and end-use quality in winter wheat germplasm. *Cereal Chem.* 67 (4): 342 — 349.
- Javornik B. 1989. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoresis. *Podravka* (7) 1: 49.
- Laemmli V. K. 1970. Cleavage of structural proteins during assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature* 227: 680 — 685.
- Lookhart G. L., Kayla H., Kasarda D. D. 1993. High-molecular-weight glutenin subunits of the most commonly grown wheat cultivars in the U.S. in 1984. *Plant Breeding* 110: 48 — 62.
- Lukow O. M., Payne P. I., Tkachuk R. 1989. The HMW glutenin composition of Canadian wheat cultivars and their association with bread-making quality. *J. Sci. Food Agric.* 46: 451 — 460.
- Metakovsky E. V. 1991 a. Gliadin allele identification in common wheat. II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat. *J. Genet. Breed.* 45: 325 — 344.
- Metakovsky E. V. 1991 b. The value of gliadin biotypes in commercial cultivars of wheat. In: W. Bushuk and R. Tkachuk (eds.), *Gluten Protein*. AACC, St. Paul (MN), USA: 569 — 580.

- 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.
- Pogna N. E., Borghi B., Mellini F., Dal Belin Peruffo A., Nash R. J. 1986. Electrophoresis of gliadins for estimating the genetic purity in hybrid wheat seed production. *Genet. Agric.* 40: 205 — 212.
- Sasek A., Stehno Z., Sykorova S. 1988 a. Evaluation of the gliadin lines of winter wheat varieties. *Scienta Agriculturae Bohemoslovaca*. T. 20, No. 1: 25 — 32.
- Sasek A., Sykorova S., Cerny J., Hauzer K., Kubanek J., Dostal J. 1988 b. Electrophoretic patterns of prolamines and glutelins of some perspective cultivars of triticale. *Scienta Agriculturae Bohemoslovaca* T. 20, No. 3: 63 — 174.
- Waga J. 1991. Zróżnicowanie frakcji białek gliadynowych u wybranych form pszenicy ozimej i jarej. *Hod. Rośl. Aklim.* 35, 1/2: 58 — 63.
- Waga J. 2000. Syntetyczna metoda klasyfikacji białek gliadynowych. *Biul. IHAR* 215: 35 — 60.
- Waga J., Węgrzyn S. 2000. Powiązanie wybranych frakcji białek gliadynowych ze zmiennością cech użytkowych odmian i rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 215: 61 — 76.
- Wang G., Snape J. W., Hu H., Rogers W. J. 1993. The high-molecular-weight subunit compositions of Chinese bread wheat varieties and their relationship with bread making quality. *Euphytica* 68: 205 — 212.
- Zeleny L., Greeway 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.* 27: 673.

ALICJA CEGLIŃSKA
GRAŻYNA CACAK-PIETRZAK
TADEUSZ HABER
ZYGMUNT NITA¹
EDYTA KARNASIEWICZ

Zakład Technologii Zbóż, Katedra Technologii Żywności
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

¹ Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o.

Współzależności pomiędzy cechami jakościowymi rodów pszenicy ozimej

The correlation between quality characteristics of winter wheat strains

Celem niniejszej pracy było określenie wartości technologicznej rodów pszenicy ozimej i ocena współzależności pomiędzy poszczególnymi cechami ziarna, mąki, ciasta i pieczywa. Doświadczalny materiał stanowiło ziarno 2 odmian i 24 rodów pszenicy ozimej z Hodowli Roślin Strzelce. Określono właściwości ziarna, takie jak: masa tysiąca ziaren, gęstość w stanie usypowym, szklistość, twardość, liczbę opadania i zawartość białka. Ziarno przemielono w młynie Quadrumat Senior. Określono wartość wypiekową mąki (test sedymentacji Zeleny'ego) i właściwości reologiczne ciasta. Próbnym wypiek wykonano metodą pszenną jednofazową. Obliczono współczynniki korelacji dla wszystkich cech ziarna, mąki, ciasta i pieczywa. Szklistość ziarna oraz wydajność mąki ogółem nie miały istotnego wpływu na pozostałe cechy badanych rodów. Największe współzależności wystąpiły między wskaźnikiem sedymentacji Zeleny'ego a zawartością białka (0,64) oraz właściwościami reologicznymi ciasta takimi jak: czas stałości (0,83) i rozmięczenie (-0,61). Badane rody pszenicy nie wykazały istotnej współzależności objętości pieczywa z większością cech ziarna, mąki i ciasta.

Słowa kluczowe: ciasto, mąka, pieczywo, pszenica ozima, współczynniki korelacji, ziarno

Quality of strains of winter wheat was investigated and correlation between the characteristics of grain, flour, dough and bread was examined. The studied material-grain of two varieties and 24 strains of winter wheat originated from the Plant Breeding Strzelce Co. The properties of grain: weight of 1000 grains, test weight, glassiness, hardness, falling number and protein content were determined. After milling in the Quadrumat Senior mill the baking properties of flour (Zeleny's test) and rheological properties of dough were evaluated. The single-phase method was applied in the baking process. The correlation coefficients were calculated for all the characteristics of grain, flour, dough and bread. Generally, glassiness of grain and yield of flour had no significant influence on the remaining characteristics. The highest correlation coefficients were found between the Zeleny's test results and protein content (0.64) or some rheological properties of dough: the time of stability (0.83) and softening (-0.61). The tested strains of wheat did not show any significant correlation of bread volume and the most of the grain, flour and dough characteristics.

Key words: bread, correlation coefficients, dough, flour, grain, winter wheat

WSTĘP

W ocenie przydatności ziarna do określonego rodzaju przetwórstwa powinna pomóc znajomość współzależności między jego cechami fizyko-chemicznymi, a wyróżnikami wartości wypiekowej mąki. Na wartość wypiekową mąki pszennej duży wpływ wywierają białka, zwłaszcza te biorące udział w tworzeniu glutenu. Stwierdzono występowanie istotnych współzależności pomiędzy zawartością białka i liczbą sedimentacji a cechami reologicznymi ciasta w obrębie prawie wszystkich odmian. W odmianach pszenicy konsumpcyjnych występuje jednak więcej współzależności o współczynnikach korelacji istotnych i o wyższych wartościach (Bogdanowicz i Biskupski, 1985). Takie współzależności powinno się badać również w rodach, co mogłoby być pomocne w selekcji materiału hodowlanego w celu otrzymania odmiany o wysokiej wartości wypiekowej.

Celem pracy było zbadanie wartości technologicznej wybranych rodów pszenicy ozimej i określenie współzależności pomiędzy poszczególnymi wyróżnikami jakości ziarna, a uzyskaną z niego mąką, ciastem i pieczywem.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem do badań było ziarno 2 odmian (Begra i Elena) oraz 24 rodów (STH 500, STH 501, STH 502, STH 515, STH 516, STH 517, STH 519, STH 520, STH 521, STH 522, STH 523, STH 524, STH 525, STH 526, STH 530, STH 535, STH 537, STH 539, STH 543, STH 548, STH 550, STH 552, STH 558, STH 560) pszenicy ozimej. Ziarno pochodziło z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o.

W badaniach posługiwano się metodami oceny ziarna, mąki, ciasta i pieczywa powszechnie uznanymi i stosowanymi w laboratoriach przemysłu młynarsko-piekarskiego (Jakubczyk i Haber, 1983). Dla ziarna oznaczono: masę tysiąca ziaren (MTZ), gęstość w stanie usypowym, szklistość, twardość, liczbę opadania i zawartość białka ogółem ($N \times 5,83$). Ziarno poddano przemiałowi w młynie Quadrumat Senior. Wartość wypiekową mąki oznaczono pośrednio testem sedimentacji Zeleny'ego. Właściwości reologiczne ciasta zbadano przy użyciu farinografu. Próbną wypiek wykonano metodą pszenną jednofazową. Określono również wydajność, objętość 100 g pieczywa oraz porowatość uzyskanego pieczywa. Wyniki ww. oznaczeń posłużyły do obliczenia współczynników korelacji liniowej między poszczególnymi cechami ziarna, mąki, ciasta i pieczywa.

WYNIKI I DYSKUSJA

Zakres wartości dla badanych rodów cech ziarna, mąki, ciasta i pieczywa przedstawiono w tabeli 1, a obliczone dla nich współczynniki korelacji zestawiono w tabeli 2.

Tabela 1

Zakres wartości dla cech ziarna, mąki, ciasta i pieczywa
Range of values for grain, flour, dough and breads characteristics

Cecha Characteristic	Zakres wartości Range of value
Masa tysiąca ziaren (g) Weight of 1000 grains	46,3–58,5
Gęstość ziarna w stanie usypowym (kg/hl) Test weight	77,6–82,7
Szklistość (%) Glassiness	4–75
Twardość (jB) Hardness (uB)	240–440
Liczba opadania w ziarnie (s) Falling number	224–384
Zawartość białka w ziarnie (%) Protein content	11,8–17,7
Wyciąg mąki (%) Yield of flour	50,3–76,2
Wskaźnik sedimentacji Zeleny'ego (cm ³) Test of Zeleny	20–60
Wodochłonność mąki (%) Water absorption	57,6–62,8
Czas stałości ciasta (min) Dough stability	2,1–8,9
Rozmiękczenie ciasta (jB) Dough softening	20–140
Wydajność pieczywa (%) Yield of bread	119–137
Objętość 100g pieczywa (cm ³) Bread volume	230–363
Porowatość miększu (%) Porosity of crumb	70–82

Miarą dorodności ziarna jest jego masa wyrażona masą tysiąca ziaren (MTZ), bowiem dobre wypełnienie ziarna zapewnia dużą wydajność mąki lub kaszy (Jurga, 1994). Badane rody pszenicy charakteryzowały się masą tysiąca ziaren zawierającą się w przedziale 46,3–58,5g. Większość rodów pszenicy pod tym względem przewyższała odmiany: Begra i Elena. Dorodność ziarna jego kształt oraz struktura powierzchni wpływają na gęstość ziarna w stanie usypowym. Podobnie jak u innych autorów (Bogdanowicz, 1981, Cacak-Pietrzak i wsp., 1994) gęstość ziarna w stanie usypowym wynosiła od 77,6 do 82,7 kg/hl. Pomiedzy masą tysiąca ziaren i gęstością w stanie usypowym nie wystąpiła istotna korelacja.

Szklistość ziarna charakteryzowała się dużą rozpiętością wartości od 4 do 75%. Większość rodów zawierała więcej ziaren szklitych niż odmiana Begra. Na duże zróżnicowanie w szklistości ziarna pszenicy wskazują również badania Bogdanowicz (1984). Cytowana autorka stwierdziła, że przy dużym zróżnicowaniu szklistości nie zmieniała się średnia gęstość ziaren w stanie usypowym z poszczególnych lat badań.

Tabela 2

Współczynniki korelacji dla cech ziarna, mąki, ciasta i pieczywa
Correlation coefficients for the grain, flour, dough and breads characteristics

Cecha Trait	MTZ Weight of 1000 grains	Gęstość uspowa Test weight	Szklistość Glassiness	Twardość Hardness	Białko Protein content	Liczba opadania Falling number	Wydajność mąki Yield of flour	Wskaźnik Zeleny Index	Wodochł. Water absorption	Stalość ciasta Stability	Rozmięk- czenie Softening	Objęt. piecz. Bread volume	Wyd. piecz. Yield of bread
Gęstość uspowa Test weight	-0,15												
Szklistość Glassiness	0,00	0,16											
Twardość Hardness	-0,14	0,00	-0,08										
Białko Protein content	0,67	-0,26	-0,13	-0,03									
Liczba opadania Falling number	-0,41	0,21	0,04	0,27	-0,55								
Mąka ogółem Yield of flour	0,09	0,08	0,05	0,11	-0,18	0,51							
Wskaźnik Zeleny'ego Test of Zeleny	0,53	-0,07	0,13	0,00	0,64	-0,38	0,03						
Wodochłonność Water absorption	-0,03	-0,24	0,14	0,49	0,26	0,13	0,04	0,13					
Stalość ciasta Stability	0,34	-0,02	0,23	0,16	0,57	-0,28	0,03	0,83	0,46				
Rozmiękczenie Softening	-0,12	-0,02	-0,32	-0,19	-0,35	0,09	0,08	-0,61	-0,26	-0,74			
Objętość piecz. Bread volume	0,18	-0,44	0,02	0,32	0,26	-0,23	-0,27	0,20	0,23	0,14	0,03		
Wydajność piecz. Yield of bread	0,07	0,20	0,02	-0,40	0,19	-0,38	-0,12	0,30	-0,10	0,30	-0,23	-0,39	
Porowatość Porosity	0,22	-0,27	-0,05	0,09	0,16	-0,10	-0,16	0,27	0,08	0,14	0,04	0,50	-0,29

Czcionka pogrubiona — współczynniki korelacji istotne przy $\alpha = 0,005$

The bold type — coefficients of correlation significant at $\alpha = 0.005$

W naszych badaniach wykazano nieistotną ($r = 0,16$) korelację między gęstością a szklistością ziarna badanych rodów. Szklistość ziarna nie była również istotnie skorelowana z jego twardością.

Zawartość białka w ziarnie rosła wraz z masą tysiąca ziaren. Między zawartością białka w ziarnie a jego twardością, czy szklistością wystąpiła nieistotna korelacja. Większość badanych przez nas rodów pszenicy charakteryzowała się niską aktywnością amylolityczną, wyrażoną liczbą opadania wynoszącą ok. 300 s. Liczba opadania zmniejszała się wraz ze wzrostem zawartości białka ($r = -0,55$) i masy tysiąca ziaren ($r = -0,41$).

Wstępną oceną wartości wypiekowej mąki pszennej jest test sedymentacji Zeleny'ego. Im wyższą wartość przyjmuje wskaźnik sedymentacji, tym więcej w mące znajduje się białek glutenowych, a szczególnie wysokocząsteczkowej gluteniny odznaczającej się wyjątkowymi zdolnościami pęcznienia i warunkującą dobrą wartość wypiekową (Jurga, 1994). W naszych badaniach wskaźnik sedymentacji dla odmian i rodów pszenicy wynosił od 20 do 60 cm³. Dla większości rodów jego wartości zawierały się między wartościami otrzymanymi dla odmian Elena i Begra. W dużej mierze wartość wskaźnika sedymentacji była związana z zawartością białka w ziarnie. Potwierdzeniem tej zależności może być wartość współczynnika korelacji wynosząca 0,64. Na jeszcze wyższą współzależność ($r = 0,867$) między tymi wyróżnikami jakości wskazują badania Michniewicza i wsp. (2000).

Badane rody pszenicy charakteryzowały się dużym zróżnicowaniem (50,3–76,2%) w wydajności mąki uzyskanej z przemiału ziarna. Wydajność mąki w największym stopniu związana była z aktywnością amylolityczną ziarna ($r = 0,51$). Michniewicz i wsp. (2000) uzyskali nieistotną zależność między ww. cechami. Wydajności mąki uzyskane przez tych autorów wykazywały również niewielkie zróżnicowanie.

Chłonność wody przez mąkę zależy od ilości i jakości zawartego w niej glutenu i od jakości skrobi. W badanych pszenicach ta współzależność była niewielka (niskie współczynniki korelacji). Podobna zależność wystąpiła w pszenicach badanych przez Bogdanowicz (1984) i Michniewicza i wsp. (2000). Wodochłonność badanych mąk mieściła się w przedziale 57,6–62,8% i najbardziej związana była z twardością ziarna ($r = 0,49$).

Cechy reologiczne ciasta takie jak, czas stałości i rozmiękczenie, zależały od ilości i jakości glutenu, na co wskazują wysokie współczynniki korelacji tych cech ze wskaźnikiem sedymentacji. Wynosiły one odpowiednio dla czasu stałości (0,83) i dla rozmiękczenia (-0,61). Również duża współzależność wystąpiła w obrębie cech reologicznych ciasta. Współczynnik korelacji między czasem stałości a rozmiękczeniem wynosił (-0,74).

Próbny wypiek daje ostateczną odpowiedź, jakie będzie pieczywo z danej mąki. Wydajność pieczywa uzyskana z badanych rodów pszenicy zawierała się w przedziale 119–137%. Wyższe wydajności dla pieczywa pszennego uzyskała w swoich badaniach Cacak-Pietrzak i wsp. (1994 a). Wydajność pieczywa najbardziej była związana z twardością ziarna ($r = -0,40$) i objętością pieczywa ($r = -0,39$). Objętość 100 g pieczywa była zawarta w przedziale 230–363 cm³. Dla połowy badanych rodów pszenicy otrzymano objętości pieczywa większe niż z odmian Begra i Elena. W największym stopniu objętość pieczywa była skorelowana z gęstością ziarna w stanie usypowym ($r = -0,44$). Taka zależność nie wystąpiła w badaniach Michniewicza i wsp. (2000). W ich badaniach cecha ta była uzależniona od zawartości białka, testu sedymentacji Zeleny'ego

i rozmiękczenia ciasta. Porowatość miększu pieczywa zależy od przebiegu fermentacji ciasta oraz właściwości wypiekowych mąki. W badanych rodach pszenicy porowatość miększu związana była najbardziej z objętością pieczywa ($r = 0,50$).

WNIOSKI

1. Szklistość ziarna oraz wydajność mąki ogółem nie były istotnie związane z pozostałymi cechami badanych rodów.
2. Największe współzależności wystąpiły między wskaźnikiem sedymentacji Zeleny'ego a zawartością białka (0,64) oraz właściwościami reologicznymi ciasta, takimi jak: czas stałości (0,83) i rozmiękczenie (-0,61). Wysoka współzależność między tymi cechami stwarza możliwość szybkiej oceny jakości wczesnych materiałów hodowlanych już na podstawie wskaźnika sedymentacji Zeleny'ego.
3. Badane rody pszenicy nie wykazały istotnej współzależności objętości pieczywa z większością cech ziarna, mąki i ciasta. Spośród wyróżników jakości ziarna tylko gęstość w stanie usypowym istotnie wpływała na objętość pieczywa. Objętość pieczywa wykazała istotną zależność z jego wydajnością i porowatością miększu.
4. W badaniach współzależności między cechami ziarna, mąki, ciasta i pieczywa w odmianach pszenic jakościowych prowadzonych przez innych autorów znajdujemy wysokie współczynniki korelacji między objętością pieczywa a zawartością białka i glutenu, wskaźnika sedymentacji oraz rozmiękczenia ciasta, które nie wystąpiły w badanych przez nas rodach.

LITERATURA

- Bogdanowicz M. 1981. Określenie właściwości przemiałowych i wypiekowych odmian pszenicy w zależności od grubości ziarna. *Hod. Rośl. Aklim.* 25, 5/6: 199 — 212.
- Bogdanowicz M. 1984. Metoda wstępnego kondycjonowania ziarna pszenicy przy przemiale laboratoryjnym wykonanym dla potrzeb hodowli roślin. *Hod. Rośl. Aklim.* 28, 2: 163 — 179.
- Bogdanowicz M., Biskupski A. 1995. Klasyfikacja pszenicy do hodowli roślin. *Przegl. Zboż. Młyn.* 39, 9: 7 — 8.
- Cacak-Pietrzak G., Haber T., Łagowska G. 1994. Wybrane cechy fizyczne i skład chemiczny ziarna niektórych pszenic krajowych. *Przegl. Zboż. Młyn.* 38, 8: 17 — 18.
- Cacak-Pietrzak G., Haber T., Łagowska G. 1994 a. Właściwości wypiekowe niektórych krajowych odmian pszenicy. *Przegl. Zboż. Młyn.* 38, 8: 20 — 22.
- Jakubczyk T., Haber T. 1983. Analiza zbóż i przetworów zbożowych. Wyd. SGGW-AR, Warszawa.
- Jurga R. 1994. Przetwórstwo zbóż. Cz. I i II. Wyd. Szk. i Pedagog. Warszawa.
- Jurga R. 1994. Wartość technologiczna ziarna pszenicy. *Przegl. Piek. i Cuk.* 42, 5: 7 — 9.
- Michniewicz J., Klockiewicz-Kamińska E., Kołodziejczyk P. 2000. Przydatność parametrów jakościowych do oceny wartości technologicznej ziarna pszenicy w piekarstwie. *Przegl. Zboż. Młyn.* 44, 3: 23 — 26.

ANDRZEJ BINEK**MARIA MOŚ**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Akademia Rolnicza im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

Zależność pomiędzy spoczynkiem ziarniaków pszenicy ozimej a liczbą opadania

Relationship between seed dormancy and falling number in wheat

Spoczynek ziarniaków 20 odmian pszenicy ozimej oznaczono na podstawie oceny kiełkowania w stałej temperaturze 15, 20 i 25°C w 10 dniu od zbioru. Badane odmiany istotnie różniły się pod względem wszystkich wskaźników. Największe zróżnicowanie stwierdzono w 25°C dla szybkości kiełkowania wg Maguire'a (10,6–22,3), średniego czasu kiełkowania (2,2–3,2 dnia) oraz zdolności kiełkowania (70–97%). Liczbę opadania oznaczono dla ziarniaków prób kontrolnych oraz prób poddanych indukcji porastania ziarniaków w kłosach i kiełkowaniu w szalkach Petriego. Na podstawie tych oznaczeń obliczono różnicę liczby opadania oraz indeks liczby opadania wg Weilenmanna (1979). Liczba opadania ziarniaków kontrolnych wahała się w zakresie 233–432 sekund. Indukcja porastania ziarniaków w kłosach i kiełkowanie w szalkach wpłynęło na obniżenie liczby opadania odpowiednio o 100 i 82 sekund. Zależność pomiędzy szybkością kiełkowania a indeksem liczby opadania przyjmowała wysoce istotne wartości ($r = 0,584^{**}$ do $0,748^{**}$), które wskazują na przydatność tego wskaźnika w hodowli odmian odpornych na porastanie. Dwie spośród badanych odmian Symfonia i Mikon uzyskały niski indeks liczby opadania, który świadczy o odporności na porastanie. Odmiany Wanda i Rysa o wysokim indeksie liczby opadania były podatne na porastanie.

Słowa kluczowe: liczba opadania, odmiany, porastanie, pszenica ozima, spoczynek, szybkość kiełkowania

Grain dormancy was determined in 20 winter wheat cultivars, basing on evaluation of germination at the constant temperatures of 15, 20 and 25°C, starting from the 10th day after harvest. The examined cultivars were significantly differentiated for all examined indices. The largest differences were found at 25°C for the germination rate assessed according to Maguire (10.6–22.3), mean germination time (2.2–3.3 days) and germination ability (70–97%). Falling number was determined for the samples exposed to sprouting induction in ears, samples subjected to incipient germination in Petri dishes as well as for the control samples. On the basis of these data differences in falling number were calculated together with falling number indices, according to Weilenmann (1979). In the control samples the falling number ranged from 233 to 432 sec. The sprouting induction in ears and in the germination dishes caused a decrease of falling number by 100 and 82 sec., respectively. The relationship between germination speed and the falling number index was highly significant ($r = 0.584^{**}$ to 0.748^{**}), which proves usefulness of this index in breeding cultivars resistant to preharvest sprouting. Two of the tested cultivars: Symfonia and Mikon had low falling number index, which shows their good sprouting

tolerance. On the other hand, the Wanda and Rysa cultivars, with high Weilenmann indices, were susceptible to sprouting.

Key words: cultivars, dormancy, falling number, germination speed, sprouting, winter wheat

WSTĘP

Przedżniwne porastanie ziarniaków pszenicy zwyczajnej występuje w wielu rejonach świata. Częste opady deszczu i wysoka wilgotność w okresie dojrzewania ziarniaków powodują ich kiełkowanie przez zbiorem. Odporność na porastanie w znacznym stopniu zależy od stanu spoczynkowego ziarniaków (Belderock 1968; Derera i in., 1977), który jest wynikiem wpływu warunków środowiska w okresie dojrzewania i przechowywania ziarniaków oraz oddziaływania kompleksu czynników genetycznych (Piech i in., 1970; Anderson i in., 1993; Kato i in., 2001; Sodkiewicz, 2002). Odmianowe różnice w długości spoczynku ujawniają się słabo przy niskich temperaturach (np. 10°C), lecz zwiększają się wraz z podwyższeniem temperatury (Black i in., 1987; Binek, 2002; Nyachiro i in., 2002).

Oprócz spoczynku ziarniaków na porastanie w kłosie wpływa poziom inhibitorów kiełkowania (Derera i in., 1977; Jiang-GuoLiang, 1998); ilość i aktywność alfa-amylaz (Bhatt i in., 1976), struktura okrywy owocowo-nasiennej, szybkość imbibicji (King, 1984) oraz cechy morfologiczne kłosa (King, Liciś, 1990).

Ziarniaki porośnięte mają obniżoną wartość technologiczną, ponieważ wzrost alfa-amylaz pogarsza właściwości wypiekowe mąki, a tym samym obniża liczbę opadania oznaczaną metodą Hagberga-Pertena. Mimo że wysoka liczba opadania nie zawsze jest związana z wysoką odpornością na porastanie (Węgrzyn i in., 1991), jej zwiększenie jest ważną cechą w programie hodowli zbóż jakościowych przeznaczonych na cele konsumpcyjne. Metody selekcji zwiększające odporność na porastanie uwzględniają różne kryteria jak aktywność alfa-amylaz, porastanie ziarniaków w kłosie oraz różne wskaźniki stanu spoczynkowego ziarniaków. Weilenmann (1979) jako kryterium selekcji zaproponował indeks porastania określany na podstawie liczby opadania prób kontrolnych i poddanych indukcji porastania. Zaproponowana metoda pozwala na bezpośrednią selekcję odmian o wysokiej liczbie opadania tolerancyjnych na niekorzystne warunki zbioru.

Celem podjętych badań była ocena zależności pomiędzy długością okresu spoczynku odmian pszenicy ozimej, ocenianego na podstawie szybkości kiełkowania w różnych temperaturach a liczbą opadania ziarniaków poddanych indukcji porastania.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań było 20 odmian pszenicy ozimej, które wysiano na poletkach o powierzchni 1,5 m². Zbiór przeprowadzono w roku 2002 w jednym terminie w fazie pełnej dojrzałości. Wilgotność ziarniaków w dniu zbioru wahała się w zakresie 16–19%. Z poletek każdej odmiany pobrano losowo po 15 kłosów do indukcji porastania ziarniaków w kłosach. Pozostałe kłosy zebrane z poletek omlócono w dniu zbioru na młocarni do pojedynków. Próby ziarniaków doczyszczono na sitach szczelinowych 2,2 mm. Spoczynek

ziarniaków oznaczono na podstawie oceny kiełkowania, którą przeprowadzono w temperaturze 15, 20 i 25°C. W 10 dniu od zbioru ziarniaki poddano kiełkowaniu w szalkach Petriego, wysiewając 50 ziarniaków w 4 powtórzeniach. W odstępach 24 godzin rejestrowano liczbę ziarniaków, których korzeń zarodkowy przebił okrywę owocowo-nasienną i uzyskał długość co najmniej 1 mm. Na podstawie obserwacji kiełkowania prowadzonych przez kolejne 4 dni oznaczono szybkość kiełkowania, a po 8 dniach oznaczono zdolność kiełkowania zgodnie z kryteriami PN-79/R-65950.

Równocześnie indukowano porastanie ziarniaków w kłosach oraz kiełkowanie w szalkach. W szalkach o średnich 18 cm umieszczono jedną warstwę ziarniaków pomiędzy 3 krążkami nawilżonej bibuły filtracyjnej i poddano je kiełkowaniu przez okres 24 godziny w temperaturze 25°C. Po wysuszeniu ziarniaki przeznaczano do oceny liczby opadania.

Próby 15 kłosów z każdej odmiany poddano bezpośrednio po zbiorze indukcji porastania w temperaturze 25°C przez okres 36 godzin. Po wysuszeniu kłosy omłócono i doczyszczono jak próby kontrolne. Oznaczenia wykonano w dwóch powtórzeniach, a dopuszczalne odchylenia pomiędzy wynikami przyjęto na poziomie 10%, zgodnie z metodyką Hagberga-Pertena (Jakubczyk, Haber, 1981). Do oznaczenia liczby opadania ziarniaki zmielono w młynie laboratoryjnym „Mill 3100” i pobierano 6,6 g naważki. Liczbę opadania oznaczono dla ziarniaków kontrolnych oraz ziarniaków po indukcji porastania na szlakach i w kłosach. Na podstawie liczby opadania obliczono dwa wskaźniki:

- różnicę liczby opadania pomiędzy ziarnem kontroli a ziarnem po indukcji porastania,
- indeks liczby opadania (*ILO*) zaproponowany przez Weilenmanna (1979) wg wzoru:

$$ILO = \sqrt{(10 - K : 60) \times (540 : P)}$$

K — liczba opadania kontroli,

P — liczba opadania po indukcji porastania.

Indeks liczby opadania (*ILO*) zaproponowany przez Weilenmanna (1979) przyjmuje wartość „1” w przypadku liczby opadania 540 dla kontroli i po indukcji porastania oraz wartość „9” przy liczbie opadania 60 dla prób kontrolnych i po indukcji porastania. Wartość indeksu uwzględnia równocześnie dwa pomiary liczby opadania, lecz w większym stopniu zależy od liczby opadania próby kontrolnej. Niskie wartości tego indeksu uzyskują zatem odmiany o wysokiej liczbie opadania.

Uzyskane wskaźniki poddano analizie wariancji w układzie losowym, zróżnicowanie średnich oszacowano na podstawie testu „t” Studenta. Obliczono współczynniki regresji i korelacji liniowej pomiędzy wskaźnikami szybkości kiełkowania ziarniaków, a wskaźnikami liczby opadania.

OMÓWIENIE I Dyskusja Wyników

Badany asortyment odmian pszenicy ozimej był istotnie zróżnicowany pod względem zdolności kiełkowania ocenianej po 10 dniach od zbioru. Średnie wartości zdolności

kiełkowania w temperaturze 15, 20 i 25°C wynosiły odpowiednio 92,3; 88,9 i 83,3% (tab. 1). Na podstawie współczynnika zmienności stwierdzono, że największe zróżnicowanie odmian wystąpiło w temperaturze 25°C. W tych warunkach termicznych działających hamująco na kiełkowanie ziarniaków w stanie spoczynku (Black i in., 1987; Binek, 2002; Nyachiro, 2002), zdolność kiełkowania wahała się w zakresie 70–97%, a współczynnik zmienności wynosił 10,4%.

Tabela 1

Wpływ temperatury na zróżnicowanie wskaźników szybkości i zdolności kiełkowania ziarniaków 20 odmian pszenicy ozimej po 10 dniach od zbioru
The influence of temperature on differentiation speed and ability of germination in grain of 20 winter wheat cultivars, 10 days after harvest

Wskaźniki kiełkowania Germination indices	Temperatura Temperature	Średnia (od — do) Average (from — to)	±s	V%
Średni czas kiełkowania Mean germination time	25°C	2,75 (2,18–3,20)	0,272	9,9
	20°C	2,55 (2,11–2,88)	0,211	8,3
	15°C	3,04 (2,74–3,22)	0,145	4,8
Szybkość kiełkowania Germination speed	25°C	15,3 (10,6–22,5)	3,17	20,7
	20°C	18,0 (14,7–23,1)	2,64	14,7
	15°C	15,5 (12,4–19,0)	1,76	11,4
Zdolność kiełkowania Germination ability	25°C	83,3 (70,0–96,5)	8,65	10,4
	20°C	88,9 (76,0–96,5)	6,48	7,3
	15°C	92,3 (82,0–98,5)	6,16	6,7

Szybkość kiełkowania ziarniaków obliczona wg Piepera i Maguire’a pozwoliła na ocenę zróżnicowania odmian pod względem stanu spoczynkowego. Krótki czas potrzebny do pojawiania się ziarniaków z przebitą okrywą owocowo-nasienną świadczy o gotowości ziarniaków do kiełkowania i dużej skłonności do porostania.

Średni czas kiełkowania wg Piepera (1952) był najkrótszy (2,55 dnia) w temperaturze 20°C. Największą zmienność ($V = 9,9\%$) tego wskaźnika stwierdzono w temperaturze 25°C, w której średni czas kiełkowania wynosił 2,75 dnia przy wahaniach w zakresie 3,20 do 2,18 dnia.

Wartości wskaźnika szybkości kiełkowania wg Maguire’a (1962) zależały w większym stopniu od liczebności ziarniaków najwcześniej kiełkujących, z tych względów obserwowano większe wartości współczynników zmienności (Binek, Moś, 1984; Kamaha i Maguire, 1992). Uzyskane wyniki są zgodne z danymi dla średniego czasu kiełkowania wg Piepera. W tym przypadku podobnie największą szybkość kiełkowania odnotowano w temperaturze 20°C, a największe zróżnicowanie wyników wystąpiło w temperaturze 25°C. Uzyskane dane potwierdzają wpływ temperatury i genotypu na poziom spoczynku i wskazują, że ocenę spoczynku ziarniaków należy przeprowadzać w temperaturze 25–30°C (Kettlewell i in., 1995; Binek, 2002; Nyachiro i in., 2002).

Liczba opadania określona dla ziarniaków prób kontrolnych była istotnie zróżnicowana i mieściła się w zakresie 432 do 233 sekund (tab. 2).

Tabela 2

Zmienność liczby opadania prób kontrolnych i prób poddanych indukcji porostania w kłosach i kielkowaniu w szalkach Petriego
Variation in falling number of control samples and samples exposed to sprouting induction in ears and germination in Petri dishes

Nr No	Odmiany Cultivars	Liczba opadania (LO) Falling number (FN)			Różnice LO prób kontrolnych i porośniętych Difference in FN of control samples and sprouted ones		Indeks LO Weilenmanna Weilenmann FN index	
		kontrola control	kłosy ears	szalki dishes	kłosy ears	szalki dishes	kłosy ears	szalki dishes
5	Mikon	432	341	365	91	67	2,11	2,03
6	Clever	361	124	265	237	96	4,17	2,85
9	Symfonia	355	333	367	22	-13	2,58	2,45
18	Rysa	353	211	113	141	240	3,25	4,45
16	Korweta	337	247	200	90	137	3,10	3,44
15	Pegassos	314	223	202	91	112	3,39	3,57
14	Tortija	313	143	252	170	60	4,26	3,37
17	Turnia	301	195	237	106	63	3,72	3,37
20	Sakwa	293	265	253	28	40	3,23	3,30
10	Tonacja	290	248	221	42	69	3,35	3,55
1	Emika	288	216	229	72	59	3,61	3,51
12	Begra	288	205	219	83	69	3,71	3,58
11	Izolda	275	174	212	101	63	4,10	3,72
2	Wilga	272	173	197	99	75	4,13	3,86
19	Elena	266	221	218	45	48	3,69	3,71
8	Liryka	263	193	157	70	106	3,96	4,40
4	Sukces	257	169	189	88	68	4,27	4,04
3	Soraja	257	175	181	82	76	4,21	4,13
7	Juma	249	83	159	166	90	6,18	4,45
13	Wanda	233	65	121	168	112	7,11	5,22
Średnia Average		299,9	200,2	217,9	99,6	818	3,91	3,64
NRI $p < 0,05$		21,3	14,2	16,3	—	—	—	—
LSD $p < 0,05$								
V%		16,0	34,7	29,7	53,8	81,8	28,3	19,9
CV%								
—		—	$r = 0,680^{**}$		$r = 0,446^*$		$r = 0,753^{**}$	

W wyniku indukcji porostania ziarniaków w kłosach i kielkowania w szalkach, liczba opadania zmniejszyła się odpowiednio o 100 i 82 sekundy, tj. 67 i 73%. Pomiędzy liczbą opadania prób kontrolnych a różnicą liczby opadania spowodowaną porastaniem ziarniaków w kłosie nie stwierdzono istotnej regresji (rys. 1). Odmianowe zróżnicowanie prób kontrolnych i poddanych indukcji porostania w kłosach oraz kielkowaniu w szalkach było bardzo duże, a współczynnik zmienności wynosił odpowiednio 54 i 82% (tab. 2). Ziarniaki badanych odmian różnie reagowały na indukcję porostania w kłosach i kielkowanie w szalkach, o czym świadczy wprawdzie istotny, ale mało znaczący współczynnik korelacji ($r = 0,446^*$, tab. 3). Jeżeli za kryterium zmienności odmian przyjęto indeks liczby opadania (Weilenmann, 1979) dla prób z kłosów i szalek, to współczynniki zmienności zmniejszyły się odpowiednio do 28 i 20% (tab. 3). Współczynnik korelacji pomiędzy indeksem liczby opadania dla ziarniaków z kłosów i szalek wykazał zadowalającą zgodność wyników ($r = 0,753^{**}$).

Tabela 3

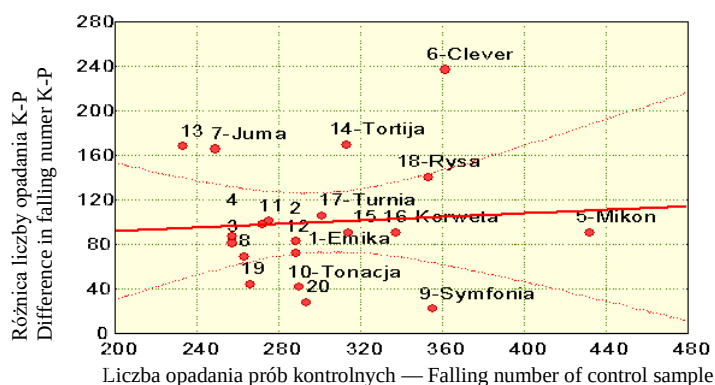
Współczynniki korelacji pomiędzy szybkością kiełkowania a wskaźnikami liczby opadania po indukcji porostania ziarniaków w kłosach i kiełkowania w szalkach

Correlation coefficients between the germination speed and the falling number indices after grain sprouting in ears and germination in Petri dishes

Wskaźnik liczby opadania Falling number indices	Wskaźniki szybkości kiełkowania Germination speed indices	Temp. °C	Indukcja porostania i kiełkowania Sprouting and germination induction	
			kłosach ears	szalkach dishes
Zróżnicowanie przed i po indukcji porostania Differences before and after sprouting induction	Kiełkujące po 2 dniach Germination after 2 days, n = 19	15	0,600**	0,672**
	Średni czas kiełkowania Mean germination time n = 19	20	0,613**	0,663**
	Szybkość kiełkowania Germination speed n = 19	25	0,670**	0,624**
		15	-0,464*	-0,654**
		20	-0,617**	-0,634**
		25	-0,654**	-0,575**
		15	0,119	0,129
		20	0,524*	0,613**
		25	0,630**	0,649**
Indeks liczby opadania wg Weilenmanna Weilenmann falling number index	Kiełkujące po 2 dniach Germination after 2 days, n = 20	15	0,554*	0,704**
	Średni czas kiełkowania Mean germination time N = 20	20	0,530*	0,698**
	Szybkość kiełkowania Germination speed n = 20	25	0,617**	0,727**
		15	-0,403	-0,658**
		20	-0,526*	-0,666**
		25	-0,579**	-0,652**
		15	-0,067	0,249
		20	0,474*	0,657**
		25	0,584**	0,748**

*, ** Istotne na poziomie odpowiednio lub $\leq 0,01$

*, ** Significant at $\leq 0,05$ and $\leq 0,01$, respectively



Rys. 1. Zróżnicowanie odmian pszenicy ozimej pod względem liczby opadania prób kontrolnych (K) oraz po indukcji porostania (P) ziarniaków w kłosie (K-P)

Fig.1. Variety differentiation of winter wheat for falling number in the control samples (K) and in those exposed to sprouting induction in spikes (P) and to germination in Petri dishes (K-P))

Obserwowane różnice wskaźników liczby opadania dla ziarniaków poddanych indukcji porostania w kłosach i kiełkowaniu w szalkach wynikać mogą z różnej szybkości imbibicji (King, 1984), cech morfologicznych kłosa takich jak kształt, pokrycie nalotem woskowym

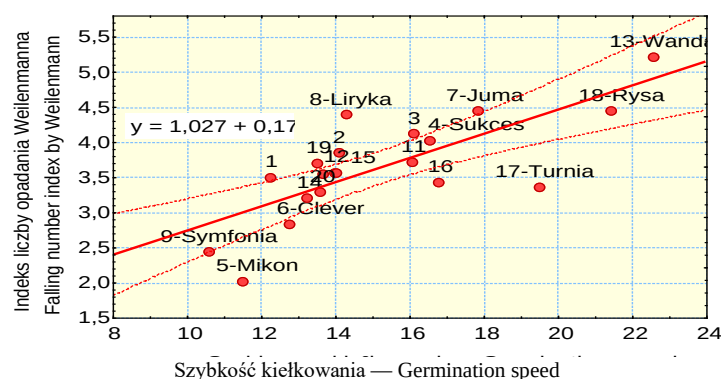
(King i in., 1984; King, Liciś, 1990) oraz obecność inhibitorów kiełkowania (Derera i in., 1976; Jiang-GuoLiang i in., 1998). Chociaż większą efektywność selekcji może zapewnić kryterium oparte na porastaniu ziarniaków w kłosie, to w licznych badaniach stan spoczynkowy i skłonność ziarniaków do porastania oceniana jest na podstawie dynamiki kiełkowania w ściśle kontrolowanych warunkach laboratoryjnych (Kettlewell i in., 1995; Jiang-GuoLiang i in., 1998).

W celu określenia zależności pomiędzy wskaźnikami szybkości kiełkowania badanych odmian a wartością technologiczną ziarniaków określoną na podstawie wskaźników liczby opadania obliczono współczynniki korelacji liniowej. Skłonność do porastania określono na podstawie trzech wskaźników: ziarniaków kiełkujących po 2 dniach od wysiewu oraz średniego czasu kiełkowania ziarniaków wg Piepera i szybkości kiełkowania według Maguire'a obliczonej na podstawie obserwacji kiełkowania ziarniaków w okresie 4 dni.

Zależności pomiędzy wskaźnikami szybkości kiełkowania, a wartościami różnicy liczby opadania prób kontrolnych i po indukcji porastania w kłosach nie były statystycznie istotne. Łamaczem korelacji okazała się odmiana Clever, u której stwierdzono największe obniżenie liczby opadania po indukcji porastania w kłosach. Po jej eliminacji z obliczeń stwierdzono istotną współzależność większości badanych cech. Niezależnie od sposobu indukcji porastania nie stwierdzono istotnej współzależności dla szybkości kiełkowania wg Maguire'a oznaczonej w temperaturze 15°C. Największe wartości współczynników korelacji wystąpiły w temperaturze 25°C pomiędzy średnim czasem kiełkowania ($r = -0,575^{**}$ do $-0,654^{**}$) i szybkością kiełkowania Maguire'a ($r = 0,584^{**}$ do $0,748^{**}$), a dwoma wskaźnikami liczby opadania (tab. 3).

Wysokie wartości współczynników korelacji ($r = 0,530^*$ do $0,727^{**}$) uzyskano również w przypadku oceny zależności pomiędzy procentowym udziałem ziarniaków kiełkujących po 2 dniach a wskaźnikami liczby opadania. Współczynniki korelacji obu cech wskazują, że szybkość kiełkowania determinowała wskaźniki liczby opadania w 33 do 56% ($R^2 = 0,33$ do $0,56$).

Obserwowana często słaba współzależność pomiędzy wizualną oceną uszkodzeń porostowych a liczbą opadania prób kontrolnych (Kruger, Tipples, 1982; Węgrzyn i in., 1991) powoduje, że wnioskowanie na podstawie wizualnej oceny ziarniaków danej odmiany o wartości technologicznej może być ryzykowane. Wysoką aktywność alfa-amylaz obserwuje się także u ziarniaków z porostem ukrytym, u których kiełkowanie rozpoczęło się bez widocznych objawów. Liczba opadania prób kontrolnych badanych odmian poddanych indukcji porastania z reguły obniżała się drastycznie. Z tych względów indeks liczby opadania Weilenmanna (1979) uwzględniający reakcję na indukcję porastania wydaje się być skutecznym kryterium selekcji odmian w kierunku wysokiej liczby opadania i odporności na porastanie.



Rys. 2. Regresja liniowa zależności indeksu liczby opadania Weilenmanna od szybkości kiełkowania ziarniaków wg Maguire’a

Fig. 2. Linear regression of the Weilenmann falling number index on germination rate (acc. to Maguire)

Odmianowe różnice pomiędzy szybkością kiełkowania ziarniaków wg Maguire’a oraz indeksem liczby opadania przedstawia rysunek 2. Do odmian o niskiej szybkości kiełkowania wynikającej ze spoczynku ziarniaków i niskim wskaźniku *ILO* można zaliczyć odmiany Mikon i Symfonia, natomiast dużą szybkość kiełkowania i duży wskaźnik tego indeksu uzyskały odmiany Wanda i Rysa. Występujące różnice odmianowe pozwalają wyróżnić odmiany bardziej tolerancyjne, które zdaniem Barnarda (2001) mogą być przydatne w hodowli odmian o mniejszej skłonności do przedźniwnego porostania.

WNIOSKI

1. Odmiany pszenicy ozimej istotnie różniły się głębokością spoczynku oznaczonego na podstawie szybkości i zdolności kiełkowania ziarniaków wysianych w 10 dniu od zbioru.
2. Spośród trzech temperatur stałych (15, 20 i 25°C) stosowanych w ocenie kiełkowania największe zróżnicowanie wyników stwierdzono w 25°C.
3. Liczba opadania mieściła się w zakresie 233–432 sekund. Indukcja porostania ziarniaków w kłosach i na szlakach spowodowała obniżenie liczby opadania odpowiednio o 100 i 82 sekundy oraz dwukrotne zwiększenie współczynnika zmienności badanych odmian.
4. Do odmian tolerancyjnych na porastanie, o niskim indeksie liczby opadania zaliczono odmiany Symfonia i Mikon, natomiast podatnymi na porastanie o wysokim indeksie liczby opadania okazały się odmiany Wanda i Rysa.
5. Znaczne zróżnicowanie odmian pszenicy ozimej pod względem indeksu liczby opadania wg Weilenmanna oraz wysoce istotna współzależność indeksu z szybkością kiełkowania wg Maguire’a ($r = 0,584^{**}$ do $0,748^{**}$) wskazuje na jego przydatność w selekcji genotypów odpornych na porastanie.

LITERATURA

- Allan R. E. 2000. Genetic variability and inheritance of grain dormancy in three white-grain wheats. *Wheat Information Service*, No 91: 11 — 14.
- Barnard A. 2001. Genetic diversity of South African winter wheat cultivars in relation to pre-harvest sprouting and falling number. *Euphytica* 119: 107 — 110.
- Belderok B. 1968. Seed dormancy in wheat. *Filed Crop Abstr.* 21: 203 — 211.
- Binek A., Moś M. 1984. Die Sortenunterschiede und Variabilität der Keimruhe bei Winterweizen. M-L-Univ. Halle-Wittenberg. *Wissenschaftliche Beiträge*. 322 — 330.
- Binek A. 2002. Wpływ temperatury na kiełkowanie w okresie spoczynku ziarniaków pszenicy ozimej. *Zeszyty Probl. Post. Nauk Roln.* 480: 95 — 101.
- Black M., Butler J., Hughes M. 1987. Control and development of dormancy in cereals. In: D. Mares (ed.) *Proc. of the 4th Symp. on Pre-harvest Sprouting in Cereals*: 379 — 392.
- Bhatt G. M., Derera N. F., McMaster G. J. 1976. Breeding white grained spring wheat for low alfa-amylase synthesis and insensitivity to gibberellic acid in grain. *Cereal Res. Commun.* 4: 245 — 249.
- Derera N. F., Bhatt G. M., McMaster G. J. 1977. On the problem of pre-harvest sprouting of wheat. *Euphytica* 26: 299 — 308.
- Jakubczyk T., Haber T. 1981. Analiza zbóż i przetworów zbożowych. Skrypt SGGW-AR, Warszawa: 153 — 161.
- Jiang-GuoLiang, Chen-ZhaoZia, Liu-ShiJia, Ziao-ShiHe, Jiang-GL, Chen_ZX, Liu-SJ, Ziao-SH 1998. Pre-harvest sprouting in white wheat and resistant characteristic of cultivars. *Acta Agron. Sinica* 24: 793 — 798.
- Kamaha C., Maguire J. D. 1992. Effect of temperature on germination of six winter wheat cultivars. *Seed Sci. Technol.* 20: 181 — 185.
- Kato K., Nakamura W., Tabiki T., Miuraa H., Sawada S. 2001. Detection of loci controlling seed dormancy on group 4 chromosomes of wheat and comparative mapping with rice and barley genomes. *Theor. Appl. Genet.* 102: 980 — 985.
- Kruger J. E., Tipples K. H. 1979. Relationships between falling number, amylograph viscosity and alfa-amylase activity in Canadian wheat. *Cereal Res. Commun.* 8: 97 — 105.
- Kettlewell P. S., Lunn G. D., Major B. J., Scott R. K., Gate P., Couvreur F. 1995. A possible scheme for pre-harvest prediction of Hagberg falling number and sprouting of wheat in the UK and France. *Seventh Intern. Symp. on Pre-harvest Sprouting in Cereals 1995*. Kaz Noda, D. J. Mares (eds.). Center for Academic Societies Japan, Osaka.
- King R. G., Richards R. A. 1984. Water uptake in relation to the pre-harvest sprouting damage in wheat. *Ear characteristics. Austr. J. Agric. Res.* 35: 327 — 336.
- King R. W. 1984. Water uptake relation to pre-harvest sprouting damage in wheat: grain characteristics. *Austr. J. Agric. Res.* 35: 337 — 345.
- King R. W., Liciś I. 1990. Designing wheat ears to reduce sprouting — the use of umbrellas and raincoats. *Fifth Intern. Symp. on pre-harvest sprouting in cereals 1995*. Westview Press, Boulder, San Francisco, Oxford: 27 — 35.
- Maguire J. D. 1962. Speed of germination — aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci.* 2: 176 — 177.
- Nyachiro J. M., Clerke F. R., DePauw R. M., Konx R. E., Armstrong K. C. 2002. Temperature effects on seed germination and expression of seed dormancy in wheat. *Euphytica* 120: 123 — 127.
- Olered G. 1967. Development of alfa-amylase activity and falling number in wheat and rye during ripening. *Vaxtodling Plant Husb., Uppsala*, 23: 9 — 101.
- Piech J., Ruszkowski M., Jaworska K. 1970. Inheritance of the seed dormancy stage duration in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) *Genet. Pol.* 11: 227 — 240.
- Pieper H. 1952. *Das Saatgut*. Paul Parey Verlag, Berlin.
- Polska Norma, 1979. Materiał siewny. *Metody badania nasion*. PN-R-65950.
- Sodkiewicz W. 2002. Diploid wheat — *Triticum monococcum* as a source of resistance genes to preharvest sprouting in triticales. *Cereal Res. Commun.* 30: 323 — 328.

- Węgrzyn S., Gut M., Cygankiewicz A., Ptak B. 1991. Odporność na porastanie rodów i odmian pszenicy (*Triticum aestivum*). Część I. Pszenica ozima. Biul. IHAR 180: 121 — 128.
- Weilenmann F. 1979. Plant breeding aspects of sprouting resistance and experience with the selection technique using sprouting index. Cereal Res. Commun. 8: 209 — 218.

JANUSZ KOZDÓJ**TERESA ORACKA****JAN CIEPLY**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

Analiza stadium morfogenezy kłosa pędu głównego pszenicy jarej w fazie strzelania w źdźbło

Analysis of morphogenetic stage of main spike of spring wheat at the shooting phase

Dokonano oceny zmienności genotypowej pod względem zaawansowania rozwoju kłosa pędu głównego u 3 odmian i 39 rodów pszenicy jarej w fazie strzelania w źdźbło. Doświadczenie prowadzono w kontrolowanych warunkach (komora fitotronowa) w kulturze wodnej. Stwierdzono istotne różnice w zaawansowaniu rozwoju kłosa pędu głównego i jego struktury morfologicznej w obrębie badanych odmian i rodów pochodzących z wybranych polskich stacji hodowlanych. Wyodrębniono trzy klasy na podstawie wielkości suchej masy rośliny zaliczono do trzech klas: o najniższej (10 rodów), pośredniej (22 rody) i o najwyższej (10 rodów) suchej masie rośliny. Rośliny charakteryzowały się zróżnicowanym stopniem zaawansowania rozwoju kłosa, wczesnością, liczbą kłosek oraz długością i szerokością kłosa. Duże zróżnicowanie w zaawansowaniu rozwoju kłosa pędu głównego zaobserwowano pomiędzy 16 rodami pochodzące z SHR Kobierzyce. Ocena zaawansowania rozwoju kłosa w fazie strzelania w źdźbło umożliwia selekcję rodów pod względem ich wczesności. Wstępna ocena potencjału morfogenetycznego kłosa na tym etapie rozwoju roślin jest możliwa tylko w przypadku rodów najbardziej zaawansowanych rozwojowo.

Słowa kluczowe: morfogeneza, kłos, pęd główny, pszenica jara

The genotype variation was assessed for advancement of main stem spike development at the shooting phase in three cultivars and 43 strains of spring wheat bred in Poland. The plants were grown in hydroponic culture under controlled conditions of phytotron. Significant differences have been stated in development stage, earliness, and morphological structure of main spike, number of spikelets per spike and in the spike dimensions (length and width). The analysis of main spike development offers a tool for earliness evaluation and selection at the shooting phase. Preliminary evaluation of morphogenetic potential is possible at the shooting phase only for the most developmentally advanced strains.

Key words: morphogenesis, main stem, spike, spring wheat

WSTĘP

Przebieg morfogenezy kłosa pszenicy (*Triticum aestivum* L.) został udokumentowany przez wielu badaczy (Bonnett, 1936; Kuperman, 1965; Kozdój, 1983; Nátróvá i Jokeš, 1993) i przedstawiony w pracach przeglądowych (Kozdój, 1992, 1994 a). Podczas organogenezy kłosa kształtują się jego elementy strukturalne — kłoski i kwiaty w kłoskach. Liczba wytworzonych kłosek i liczba zawiązków kwiatowych wytworzonych do momentu powstawania kłosa terminalnego stanowią potencjał plonotwórczy kłosa pszenicy (Whingwiri i Stern, 1982; Kozdój, 1992; 1994 a). Nieliczne dane literaturowe wskazują, że analiza stadium rozwoju kłosa we wczesnych fazach wzrostu i rozwoju roślin (początek strzelania w źdźbło) pszenżyta ozimego może być wykorzystana w ocenie stopnia wczesności rodów (Kozdój, 1994 b; Kozdój i in., 1998, 2000) jak i w ocenie reakcji rodów na zróżnicowany poziom składników mineralnych w pożywce (Kozdój, 1994 b, Cieplý i in., 1996).

Celem podjętych badań było dokonanie oceny zmienności struktury morfologicznej kłosa pędu głównego i jego stadium morfogenezy w fazie strzelania w źdźbło u 42 genotypów pszenicy jarej.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem doświadczalnym w doświadczeniu fitotronowym przeprowadzonym w 2001 roku było 39 rodów i 3 odmiany pszenicy jarej z doświadczeń wstępnych. Materiał do badań pochodził z polskich ośrodków hodowli: z Choryni (5 rodów, oznaczone symbolem CJ), z Henrykowa (7 rodów oznaczonych symbolem HEC), z Kobierzyc (16 rodów oznaczonych symbolem KOC), z Radzikowa (7 rodów oznaczonych symbolem RAH), ze Smolic (4 rody oznaczone symbolem SMH). Listę odmian i rodów z poszczególnych ośrodków przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1

Lista odmian i rodów pszenicy jarej z doświadczenia wstępnego 2001 roku
List of cultivars and strains of spring wheat from the preliminary experiment 2001

Nr rodu No. of strain	Nazwa rodu Name of strain	Pochodzenie Source
1	2	3
1	RAH 172598	IHAR — Radzików
2	RAH 172698	
3	RAH 186598	
4	RAH 207098	
5	RAH 215798	
6	RAH 1796	
7	RAH 85398	
8	SMH 16	SHR — Smolice
9	SMH 21	
10	SMH 37	
11	SMH 39	

1	2	3
12	CJ 59/98	SHR — Choryń
13	CJ 176/98	
14	CJ 179/98	
15	CJ 396/98	
16	CJ 406/98	
17	HEC 4482/96	SHR — Henryków
18	HEC 2288/97	
19	HEC 2678/97	
20	HEC 3343/97	
21	HEC 3496/97	
22	HEC 1428/98	
23	HEC 1975/98	
24	KOC 2611/97	SHR — Kobierzyce
25	KOC 2932/97	
26	KOC 3530/97	
27	KOC 1477/98	
28	KOC 2003/98	
29	KOC 2061/98	
30	KOC 2245/98	
31	KOC 2249/98	
32	KOC 2361/98	
33	KOC 2454/98	
34	KOC 2970/98	
35	KOC 2990/98	
36	KOC 3845/98	
37	KOC 4206/98	
38	KOC 4621/98	
39	KOC 4958/98	
40	Jasna	
41	Opatka	
42	Torka	SHR — Strzelce

Doświadczenie fitotronowe prowadzono w kontrolowanych warunkach (komora fitotronowa) w kulturze wodnej przy obniżonej koncentracji równej 0,5 stężenia pożywki Hoaglanda nr 2. Warunki wegetacji roślin w komorze fitotronowej przedstawiono poniżej:

dni doświadczenia	temperatura dzień/noc (°C)	długość dnia/nocy (h)	oświetlenie $\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$
1–18	15/10	16/8	350
19–35	20/15	16/8	350

Zbioru roślin (7 roślin $\times$ 4 powtórzenia) dokonano w fazie strzelania w źdźbło (w 35 dniu doświadczenia). Po wysuszeniu zebranych roślin (105°C) określono ich suchą masę. Z pędów głównych wypreparowano kłosa i utrwalano w 80% alkoholu etylowym. Określono: stadium rozwoju roślin wg dziesiętnej skali za Zadoksem (Zadoks i in., 1974), stadium rozwojowe kłosa pędu głównego wg dziesiętnej skali za Nátrovą i Jokešem (1993); liczbę kłosków w kłosie, wymiary kłosa (długość i szerokość), liczbę kłosów z kłosem terminalnym dla każdego rodzaju. Obserwacje cytomorfologiczne kłosów i pomiary kłosów dokonano w mikroskopie stereoskopowym MBS 1.

Otrzymane wyniki opracowano statystycznie przy pomocy jednoczynnikowej analizy wariancji.

WYNIKI

Badane w doświadczeniu rody i odmiany różniły się istotnie pod względem analizowanych cech (tab. 2).

Tabela 2

Analiza wariancji cech w doświadczeniu fitotronowym
Analysis of variance for the tested traits in phytotron experiment

Cecha Trait	Suma kwadratów Sum of squares	Średni kwadrat Mean square	F (df1,2) 41: 126, F-test	Poziom Level
Stadium rozwoju rośliny Developmental stage of plant	0,398	0,013	29,9	0,00
Stadium rozwoju kłosa Developmental stage of spike	5,087	0,368	13,8	0,00
Długość kłosa Length of spike	0,554	0,029	19,1	0,00
Szerokość kłosa Width of spike	0,088	0,005	18,5	0,00
Liczba kłosków/kłos Spikelet No. per spike	16,004	4,553	10,3	0,00
Liczba kłosów z kłosem terminalnym No. of spikes with terminal spikelet	0,700	0,008	83,6	0,00

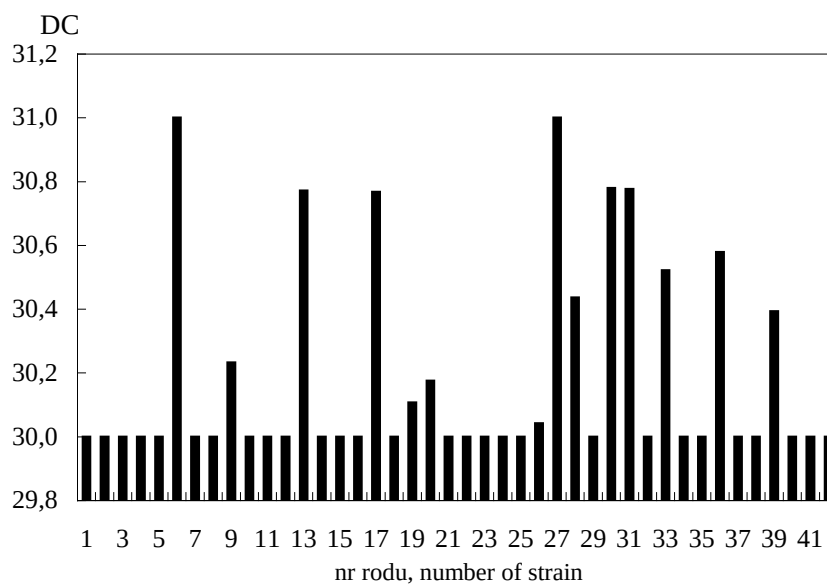
Współczynnik zmienności dla takich cech jak liczba kłosków w kłosie, długość i szerokość kłosa był wysoki i wynosił odpowiednio od 9,9% do 20,16%, natomiast dla stadium rozwoju rośliny i stadium rozwoju kłosa — był niewielki (tab. 3).

Tabela 3

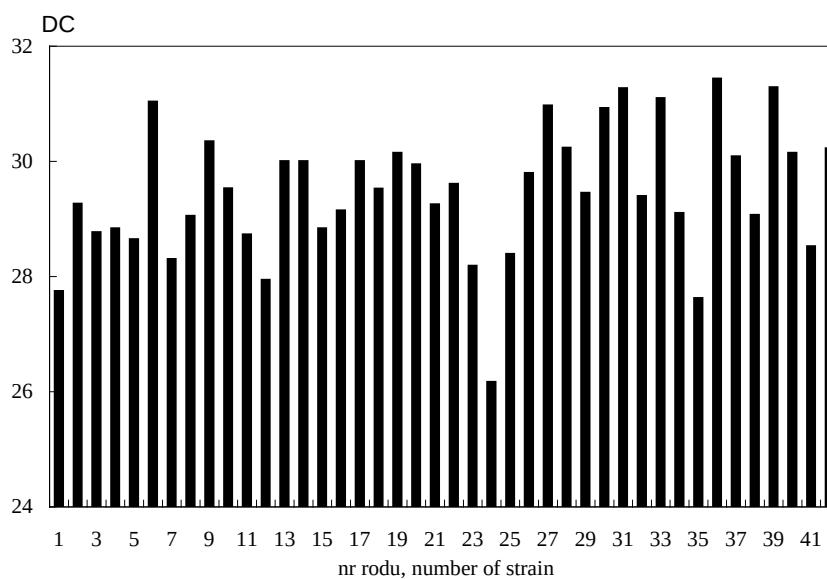
Zakres zmienności cech w doświadczeniu fitotronowym
Range of variability of the tested traits in the phytotron experiment

Cechy traits	Średnie Mean	Minimum Minimum	Maksimum Maximum	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variability (%)
Stadium rozwoju rośliny Developmental stage of plant	30,2	30	31	1,04
Stadium rozwoju kłosa Developmental stage of spike	29,5	26,2	31,4	3,83
Długość kłosa (mm) Length of spike (mm)	2,0	1,1	2,8	18,60
Szerokość kłosa (mm) Width of spike (mm)	0,7	0,3	1,0	20,16
Liczba kłosków/kłos Spikelet number per spike	20,3	13,1	23,8	9,84

Większość badanych rodów znajdowała się w stadium pseudopędu (DC 30) (rys. 1). Stwierdzono także zróżnicowanie między rodami i odmianami w stadium rozwoju kłosa pędu głównego (rys. 2) — od wczesnego (stadium wzrostu wżgórków kłoskowych; DC 26) do bardziej zaawansowanego (stadium inicjacji wżgórków kwiatowych; DC 30–31).



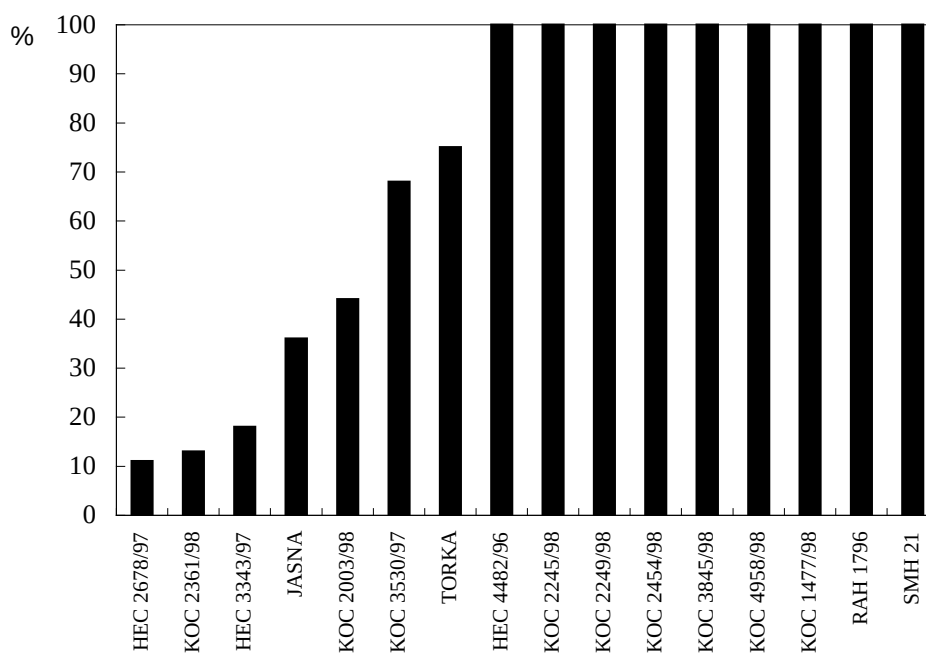
Rys. 1. Stadium rozwojowe roślin (wg Zadoksa i in., 1974)
Fig. 1. The plant growth stage (acc. to Zadoks et al., 1974)



Rys. 2. Stadium rozwojowe kłosa pędu głównego (wg Nátróvej i Jokeša, 1993)
Fig. 2. The growth stage of main stem spike (acc. to Nátróvej and Jokeš, 1993)

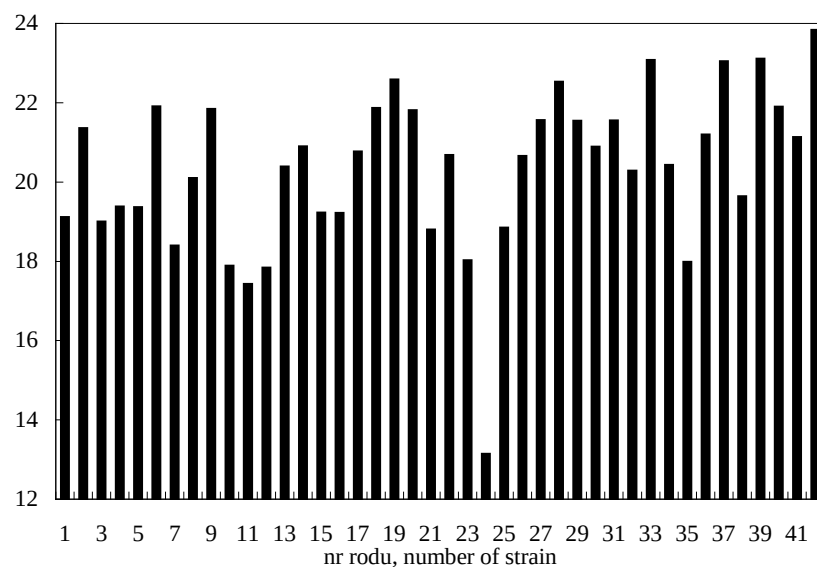
W obrębie badanych rodów przeważały rody (26 rodów), które znajdowały się we wczesnych stadiach morfogenezy kłosa — w stadium rozwoju wzgórków kłoskowych (DC 26), różnicowania zawiązków plew (DC 27) i plewki dolnej (DC 29). Pozostałe rody osiągnęły bardziej zaawansowane stadia organogenezy — stadium inicjacji i różnicowania wzgórków kwiatowych (DC 30–31). Spośród nich, w kilku kłosach 4 rodów, zaobserwowano inicjację wzgórków pręcikowych (DC 32) w kwiatach bazalnych w kłoskach środkowej części kłosa.

Spośród badanych rodów i odmian, tylko 9 rodów miało wszystkie kłosa z wykształconym kłosem terminalnym (rys. 3). Siedem rodów odznaczało się różną liczbą (11% do 75%) kłosów z kłosem terminalnym. Pozostałe rody miały kłosa z funkcjonującym merystemem kłosowym, czyli w tych kłosach kłosek terminalny jeszcze nie został wytworzony.

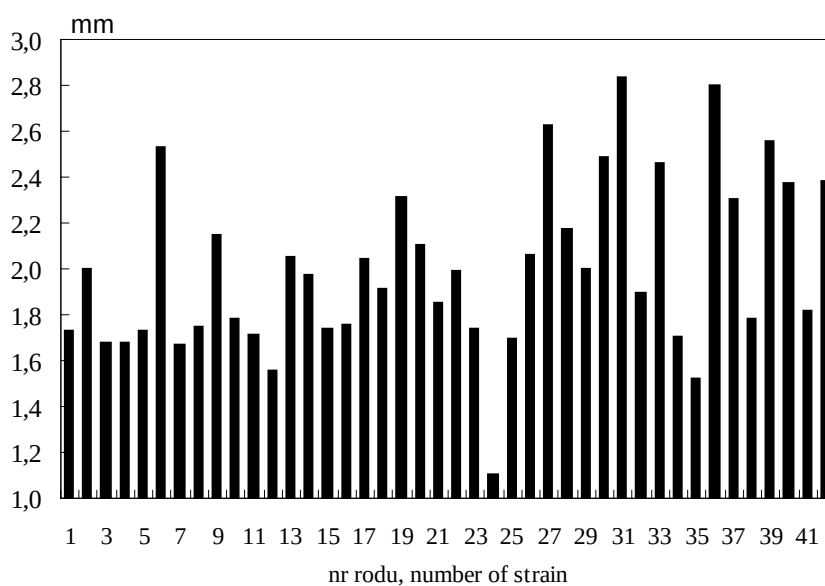


Rys. 3. Liczba kłosów z kłosem terminalnym
Fig. 3. The number of spikes with terminal spikelet

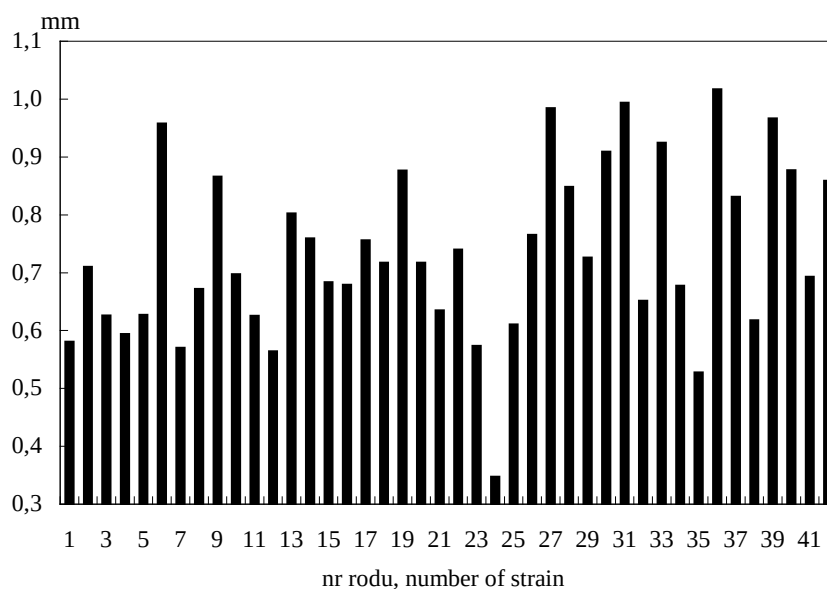
Cechy morfologiczne kłosa (liczba kłosków w kłosie, długość i szerokość kłosa) różnicowały wyraźnie badane odmiany i rody pszenicy jarej (rys. 4–6). Rody odznaczające się wytworzonym kłosem terminalnym w kłosach pędów głównych (i tym samym ustaloną liczbą kłosków) zawierały średnio od 20,8 (HEC 4482/96) do 23,1 kłosków (KOC 2454/98 i KOC 4958/98) (rys. 4). Jednocześnie te rody miały kłosa stosunkowo długie i szerokie od 2,0/0,8 mm (HEC 4482/96) do 2,8/1,0 mm (KOC 2249/98 i KOC 3845/98) (rys. 5 i rys. 6).



Rys. 4. Liczba kłosek w kłosie pędu głównego
Fig. 4. The spikelet number per main stem spike



Rys. 5. Długość kłosa pędu głównego
Fig. 5. The length of main stem spike



Rys. 6. Szerokość kłosa pędu głównego
Fig. 6. The width of main stem spike

Inne 17 rodów miały poniżej 20 tworzących się kłosek, a pozostałe 13 rodów i 3 odmiany miały od 20 do 23 zainicjowanych kłosek (rys. 4). Długość kłosek tych rodów i odmian była poniżej 2 mm (21 rodów) lub w granicach 2,0–2,4 mm (12 rodów), a ich szerokość wahała się od 0,3 do 0,7 mm (rys. 5 i 6).

Z danych przedstawionych w tabeli 4 wynika, że istnieje wysoka zależność między stadium rozwoju rośliny a stadium rozwoju kłosa pędu głównego, między stadium rozwoju kłosa a jego strukturą morfologiczną (liczbą kłosek i wymiarami kłosa) i suchą masą rośliny.

Tabela 4

Współczynniki korelacji pomiędzy badanymi cechami
Correlation coefficients between the investigated traits

Cecha Trait	1	2	3	4	5	6	7
1	1,00						
2	0,35	1,00					
3	0,50	0,67	1,00				
4	0,62	0,69	0,94	1,00			
5	0,57	0,69	0,97	0,97	1,00		
6	0,62	0,36	0,82	0,80	0,82	1,00	
7	0,50	0,78	0,75	0,79	0,78	0,52	1,00

1 — sucha masa rośliny/ dry matter of plant; 2 — stadium rozwoju rośliny/ developmental stage of plant; 3 — stadium rozwojowe kłosa pędu głównego/ developmental stage of main stem spike; 4 — długość kłosa/ length of spike; 5 — szerokość kłosa/ width of spike; 6 — liczba kłosek/ spikelet number per spike; 7 — liczba kłosek z kłosem terminalnym/ number of spikes with terminal spikelet

Dane przedstawione w tabeli 5 wskazują, że rody i odmiany zaklasyfikowane do klasy „a” (10 rodów o najwyższej suchej masie rośliny) charakteryzowały się różnym stopniem zaawansowania rozwojowego kłosa pędu głównego; od DC 29 (HEC 2288/97) do DC 31–DC 32 (rody: KOC 2249/98, KOC 3845/98, KOC 4958/98). W obrębie tej klasy pięć rodów miało wszystkie kłosa z kłosem terminalnym. Dwa rody odznaczały się różnym udziałem kłosów z kłosem terminalnym. Trzy rody były opóźnione w rozwoju, wszystkie kłosa były we wczesnym stadium rozwoju. Kłosa roślin z tej klasy rodów zawierały dużą liczbę kłosków od 21 kłosków (KOC 3845/98) do 23 (KOC 4958/98) i 24 kłosków (odm. Torka). Kłosa były długie (od 2 do 3 mm) i szerokie (od 0,7 do 1,0 mm), a różnice między rodami były małe.

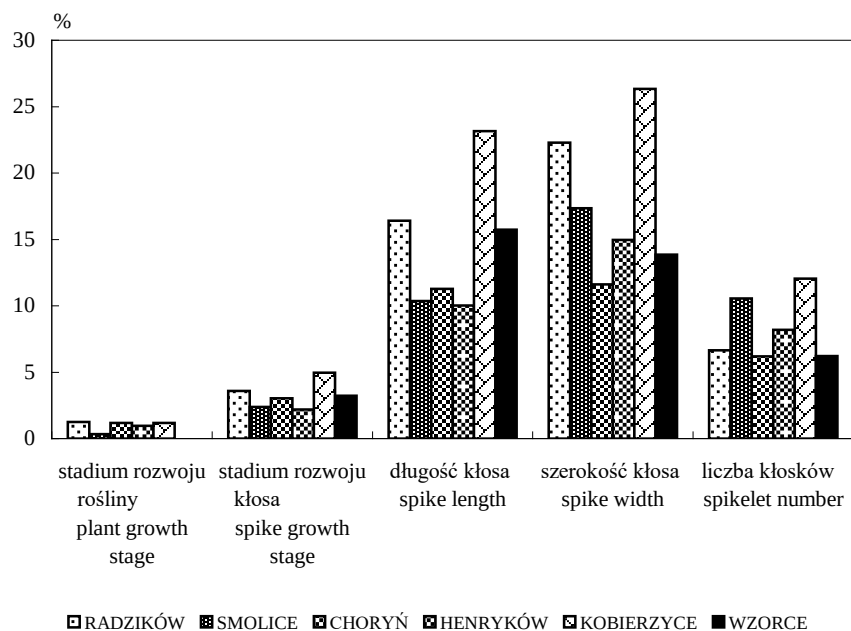
Tabela 5

Klasyfikacja odmian i rodów pszenicy jarej w doświadczeniu fitotronowym
Classification of spring wheat cultivars and strains in the phytotron experiment

Klasa „a” (10 rodów o najwyższej suchej masie rośliny) — The „a” class (10 strains of highest plant dry matter)							
1	2	3	4	5	6	7	8
RAH 1796	6	31,0	31,0	2,5	1,0	21,9	100
SMH 21	9	30,2	30,3	2,1	0,9	21,8	100
HEC 2288/97	18	30,0	29,5	1,9	0,7	21,9	0
KOC 2249/98	31	30,8	31,3	2,8	1,0	21,5	100
KOC 3845/98	36	30,6	31,4	2,8	1,0	21,2	100
KOC 4206/98	37	30,0	30,1	2,3	0,8	23,0	0
KOC 4958/98	39	30,4	31,3	2,6	1,0	23,1	100
Jasna	40	30,0	30,1	2,4	0,9	21,9	36
Opatka	41	30,0	28,5	1,8	0,7	21,1	0
Torka	42	30,0	30,2	2,4	0,9	23,8	75
Srednie — Mean		30,3	30,4	2,4	0,9	22,1	61
Klasa „b” (pozostałe rody o pośredniej suchej masie rośliny) — The „b” class (remaining strains of intermediate plant dry matter)							
RAH 171598	1	30,0	27,7	1,7	0,6	19,1	0
RAH 172698	2	30,0	29,3	2,0	0,7	21,4	0
RAH 207098	4	30,0	28,8	1,7	0,6	19,4	0
RAH 215798	5	30,0	28,6	1,7	0,6	19,4	0
RAH 85398	7	30,0	28,3	1,7	0,6	18,4	0
CJ 176/98	13	30,8	30,0	2,1	0,8	20,4	0
CJ 396/98	15	30,0	28,8	1,7	0,7	19,2	0
HEC 4482/96	17	30,8	30,0	2,0	0,8	20,8	100
HEC 2678/97	19	30,2	30,1	2,3	0,9	22,6	11
HEC 3343/97	20	30,2	29,9	2,1	0,7	21,8	18
HEC 3496/97	21	30,0	29,3	1,8	0,6	18,8	0
HEC 1428/98	22	30,0	29,6	2,0	0,7	20,7	0
KOC 2611/97	24	30,0	26,2	1,1	0,3	13,1	0
KOC 3530/97	26	30,0	29,8	2,1	0,8	20,7	68
KOC 1477/98	27	31,0	31,0	2,6	1,0	21,6	100
KOC 2003/98	28	30,4	30,2	2,2	0,8	22,5	44
KOC 2061/98	29	30,0	29,4	2,0	0,7	21,5	0
KOC 2245/98	30	30,8	30,9	2,5	0,9	20,9	0
KOC 2361/98	32	30,0	29,4	1,9	0,7	20,3	13
KOC 2454/98	33	30,5	31,1	2,5	0,9	23,1	100
KOC 2970/98	34	30,0	29,1	1,7	0,7	20,4	0
KOC 4621/98	38	30,0	29,1	1,8	0,6	19,6	0
Srednie — Mean		30,2	29,4	2,0	0,7	20,3	20,6

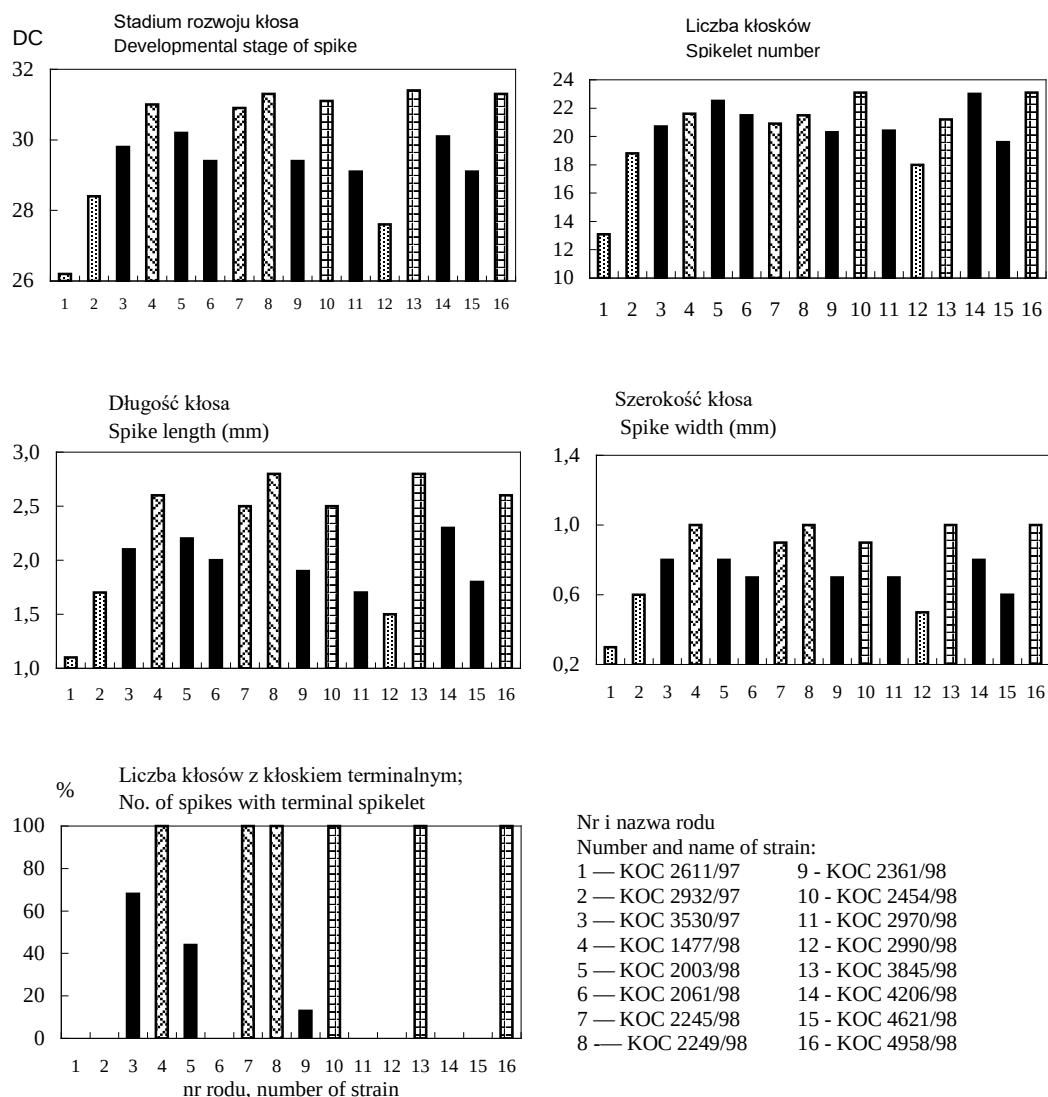
Klasa „c” (10 rodów o najniższej suchej masie rośliny) — The „c” class (10 strains of lowest plant dry matter)							
1	2	3	4	5	6	7	8
RAH 186598	3	30	28,8	1,7	0,6	19,0	0
SMH 16	8	30	29,0	1,7	0,7	20,1	0
SMH 37	10	30	29,5	1,8	0,7	17,9	0
SMH 39	11	30	28,7	1,7	0,6	17,4	0
CJ 59/98	12	30	27,9	1,6	0,6	17,8	0
CJ 179/98	14	30	30,0	2,0	0,8	20,9	0
CJ 406/98	16	30	29,1	1,8	0,7	19,2	0
HEC 1975/98	23	30	28,2	1,7	0,6	18,0	0
KOC 2932/98	25	30	28,4	1,7	0,6	18,8	0
KOC 2990/98	35	30	27,6	1,5	0,5	18,0	0
Średnie — Mean		30	28,7	1,7	0,6	18,7	0

1 — nazwa rodu/ strain name; 2 — numer rodu/ number of strain; 3 — stadium rozwoju rośliny/ developmental stage of plant; 4 — stadium rozwoju kłosa/ developmental stage of spike; 5 — długość kłosa (mm)/ length of spike (mm); 6 — szerokość kłosa (mm)/ width of spike (mm); 7 — liczba kłosków w kłosie/ spikelet number per spike; 8 — liczba kłosów z kłosem terminalnym (%) / number of spikes with terminal spikelet (%)



Rys. 7. Współczynniki zmienności cech
Fig. 7. Variability coefficients of the tested traits

Rody zaklasyfikowane do klasy „c” (10 rodów o najniższej suchej masie rośliny) osiągnęły wczesne stadia rozwoju kłosa pędu głównego od DC 27 (KOC 2990/98) do DC 30 (CJ 179/98) (tab. 4). W kłosach rodów z tej klasy nie stwierdzono obecności kłosa terminalnego, zatem liczba kłosków w kłosach nie została jeszcze ostatecznie ustalona.



Rys. 8. Analiza cytomorfologiczna kłosów pędów głównych rodów pszenicy jarej z SHR Kobierzyce
Fig. 8. Cytomorphological analysis of main stem spikes for the spring wheat from SHR Kobierzyce

Rody te charakteryzowały się małą liczbą kłosków od 17 kłosków (SMH 39) do 21 kłosków (CJ 179/98). Kłosa rodów były krótkie od 1,5 mm (KOC 2990/98) do 2 mm (CJ 179/98) i wąskie od 0,5 mm (KOC 2990/98) do 0,8 mm (CJ 179/98).

Pozostałe 22 rody (klasa „b”) (tab. 5) charakteryzowały się różnym stopniem zaawansowania rozwojowego kłosa pędu głównego; od opóźnionych — w stadium różnicowania wzgórków kłoskowych (DC 26; KOC 2611/97) do zaawansowanych

rozwojowo — w stadium inicjacji wżgórków kwiatowych (DC 31; KOC 2454/98, KOC 1477/98). Spośród rodów w tej klasie tylko trzy rody można zaliczyć do grupy wczesnych pod względem wyrównania rozwoju kłosów (wszystkie kłosy miały kłoski terminalne), pięć rodów miało różną liczbę takich kłosów; a pozostałe rody miały kłosy w stadium inicjacji nowych wżgórków kłoskowych. Liczba kłosków w kłosie rodów tej klasy nie została jeszcze ustalona, z wyjątkiem trzech rodów. W zależności od rodu liczba kłosków wahała się od 13 kłosków (KOC 2611/97) do 23 kłosków (KOC 2454/98). Kłosy były różnej długości i szerokości; od krótkich (1,1 mm) i wąskich (0,3 mm) np. ród KOC 2611/97 do długich (2,6 mm) i szerokich (1,0 mm) np. u rodu KOC 1477/98.

Z danych przedstawionych na rysunku 7 wynika, że największą zmienność badanych cech stwierdzono wśród rodów wyhodowanych w Kobierzycach.

Wyniki analizy cytomorfologicznej kłosów pędów głównych dokonanej na przykładzie rodów wyhodowanych w Kobierzycach przedstawiono na rysunku 8. W fazie strzelania w źdźbło, spośród 16 rodów, trzy rody: KOC 2454/98, KOC 3845/98 i KOC 4958/98 można zaliczyć do form wczesnych. Rody te miały kłosy pędów głównych zaawansowane rozwojowo (DC 31), z wytworzonym kłoskiem terminalnym (po 100%). W tym stadium rozwoju kłosa została ustalona liczba kłosków i wynosiła 21–23 kłoski.

Kłosy te były stosunkowo długie (2,5–2,8 mm) i szerokie (0,9–1,0 mm). Do form późnych można zaliczyć trzy rody: KOC 2611/97, KOC 2932/97 i KOC 2990/98. Rody te miały kłosy pędów głównych we wczesnym stadium rozwojowym (DC 26–29), z funkcjonującym merystemem kłosa. Liczba kłosków w kłosie u wyżej wymienionych rodów była niska (13–18 kłosków), przy czym liczba kłosków nie była liczbą ostateczną (jeszcze nie została ustalona). Kłosy te były krótkie (1,1–1,7 mm) i wąskie (0,3–0,6 mm). Takie rody jak np. KOC 1477/98, KOC 2249/98, KOC 2245/98 można zaliczyć do form średnio wczesnych. Kłosy były zaawansowane rozwojowo (DC 31), zawierały kłoski terminalne (po 100%), po 21–22 kłoski, a te kłosy były długie (2,5–2,8 mm) i szerokie (0,9–1,0 mm). Do form średnio późnych można zaliczyć pozostałe rody, które miały kłosy pędów głównych w młodszym stadium rozwoju (DC 30), o pośrednich wymiarach i liczbie kłosków (liczba kłosków w kłosach nie była liczbą ostateczną).

DYSKUSJA

Przeprowadzone badania na nowych rodach pszenicy jarej (z doświadczenia wstępnego w 2001 roku) wskazują na możliwość selekcji rodów pod względem cech morfofizjologicznych już we wczesnej fazie rozwoju roślin — początek strzelania w źdźbło. Na tak wczesnym etapie rozwoju roślin wykazano zmienność genotypową pod względem takich cech jak stopień wczesności, stopień wyrównania rozwoju roślin i struktury morfologicznej kłosa pędu głównego jak również pod względem suchej masy rośliny. Również wyniki badań w zakresie efektywności wykorzystania składników mineralnych przez rośliny nowych rodów pszenicy jarej (Oracka, inf. ustna, 2003) wskazują na możliwość dokonania selekcji rodów w tej samej fazie rozwojowej roślin. Wcześniejsze nasze badania nad rodami i odmianami pszenżyta ozimego (Ciepły i Oracka, 1996) i pszenicy jarej (Oracka i in., 2000) potwierdzają powyższe sugestie.

Struktura cytomorfologiczna kłosów pędów głównych we wczesnej fazie rozwoju roślin dostarczyła szereg ważnych informacji: o stopniu zaawansowania rozwoju roślin, które morfologicznie były podobne (w fazie pseudopędu; DC 30). Zależność między stadium rozwoju rośliny a stadium rozwoju kłosa pędu głównego była wysoka. Także istotna była zależność między stadium rozwoju kłosa a suchą masą rośliny. Z przeprowadzonych badań wynika, że spośród 39 rodów pszenicy jarej tylko 9 rodów można zaliczyć do form wczesnych. Można przypuszczać, że u tych rodów nastąpiło wcześniej przejście wierzchołka pędu głównego z fazy wegetatywnej w generatywną i tym samym wcześniej zapoczątkowanie procesów morfogenezy kłosa. Wszystkie kłosy pędów głównych zawierały wytworzony kłosek terminalny, co wskazuje na wczesne zakończenie procesów inicjacji kłosków. Ponadto, w tych kłosach zostały już zainicjowane kwiaty w kłoskach, a ich liczba może wskazywać na wielkość potencjału morfogenetycznego kłosa wyrażonego liczbą zawiązków kwiatów. Zgodnie z hipotezą Whingwiriego i Sterna (1982), liczba kwiatów w stadium kłosa terminalnego określa przyszłą liczbę ziarniaków w kłosie. W badanej fenofazie, (początek strzelania w źdźbło) rody te charakteryzowały się wyrównanym stopniem zaawansowania rozwoju kłosów. Z powyższych danych wynika, że już na wczesnym etapie rozwoju roślin można oszacować potencjalne wielkości czynników plonotwórczych kłosa — liczbę kłosków, zawiązków kwiatów i potencjalną liczbę ziarniaków w kłosie. Procesy morfogenezy kłosków w kłosach z uwzględnieniem znaczenia liczby kłosków jako czynnika plonotwórczego kłosa przedstawiono w pracach przeglądowych (Kozdój, 1992, 1994 a).

Uwzględniając miejsce pochodzenia rodów i liczbę rodów wyhodowanych w kilku stacjach możliwym jest dokonanie kompleksowej oceny „wartości” danego rodu pod względem wczesności, wyrównania rozwoju, struktury morfologicznej kłosa jak i parametrów fizjologicznych (efektywność wykorzystania składników mineralnych). „Wartość” rodów oszacowana w fazie strzelania w źdźbło została potwierdzona w doświadczeniu polowym; rody te odznaczały się wysokim plonem ziarna z jednostki powierzchni (Oracka, inf. ustna, 2003).

Uzyskane dane w niniejszej pracy jak i pracy Orackiej (inf. ustna, 2003) pozwalają na kompleksową ocenę rodów, co mogłoby być wykorzystane w pracy selekcyjno-hodowlanej nad uzyskaniem nowszych i wartościowych odmian pszenicy jarej.

LITERATURA

- Bonnett O. T. 1936. The development of the wheat spike. J. Agric. Res. 53, 6: 445 — 451.
- Cieply J., Kozdój J., Oracka T. 1996. Produktywność, efektywność wykorzystania azotu i rozwój kłosa roślin pszenżyta ozimego przy obniżonym poziomie składników mineralnych w podłożu. W: Ekofizjologiczne aspekty reakcji roślin na działanie abiotycznych czynników stresowych. Polska Akademia Nauk, Zakład Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego, Kraków.: 121 — 128.
- Cieply J., Oracka T. 1996. Nitrogen utilisation efficiency in winter triticales. Plant Breed. Seed Sci., 40, 1 — 2: 117 — 124.
- Kozdój J. 1983. Rytmyka organogenezy generatywnej u dwóch odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.): Kaspar i Ostka Popularna. Praca doktorska, IHAR Radzików.
- Kozdój J. 1992. Wpływ wybranych czynników środowiska na morfogenezę kłosa i potencjał plonotwórczy zbóż. Biul. IHAR 183: 59 — 71.

- Kozdój J. 1994 a. Wzrost i rozwój rośliny zbożowej – badania botaniczne a praktyka rolnicza. Biul. IHAR 192: 3 — 21.
- Kozdój J. 1994 b. Wpływ stężenia pożywki Hoaglanda na rozwój kłosa pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittmack). Zesz. Nauk. AR Szczecin, Rolnictwo LVIII, 162: 103 — 106.
- Kozdój J., Cieplý J., Oracka T. 1998. Spike morphogenesis of winter triticales (*X Triticosecale* Wittmack) genotypes differing in nutrient utilisation efficiency. Pl. Breed. Seed Sci. 42, 1: 23 — 36.
- Kozdój J., Oracka T., Cieplý J. 2000. Morfogeneza kłosa u wybranych rodów pszenżyta ozimego. Folia Univ. Agric. Stetin. 206 Agricultura. 82: 139 — 144.
- Kuperman F. M. (red.). 1965. Biologiczne obserwacje kontrolne w rolnictwie. PWN, Warszawa: 9 — 81.
- Nátrová Z., Jokeš M. 1993. A proposal for a decimal scale of the inflorescence development of wheat. Rostl Vyr. 4: 315 — 328.
- Oracka T., Cieplý J., Kozdój J. 2000. Genetic variability in N, P, K utilization efficiency in spring wheat at different concentration of nutrient solutions. Pl. Breed. Seed Sci. 44, 1: 15 — 25.
- Whingwiri E. E., Stern W. R. 1982. Floret survival in wheat, significance of the time of floret initiation relative to terminal spikelet formation. J. Agric. Sci. (Cambridge) 77: 453 — 461.
- Zadoks J. C., Chang T. T., Konzak C. F. 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. Weed Res. 14: 415 — 421.

ROMAN PRAŻAK

Instytut Nauk Rolniczych w Zamościu, Akademia Rolnicza w Lublinie

Ocena tolerancyjności mieszańców międzygatunkowych pszenicy (*Triticum* sp.) na stres solny

Evaluation of salt stress tolerance in some interspecific hybrids of wheat (*Triticum* sp.)

Badano wpływ soli NaCl w koncentracjach 0 (kontrola), 10, 20, 50, 100, 200 mM na kiełkowanie nasion i wzrost siewek dziewięciu rodów mieszańcowych *Aegilops juvenalis* i *Aegilops ventricosa* z *Triticum durum* Desf. odm. Grandur i *Triticum aestivum* L. (odm. Arda, Begra, Panda, linia CZR). Reakcję na NaCl wybranych rodów mieszańcowych porównywano z reakcją komponentów rodzicielskich. Nasiona kiełkowano na bibule, w szalkach Petriego uzupełnionych pełną pożywką Hoaglanda z dodatkiem soli NaCl. Określono procent kiełkowanych nasion oraz maksymalną długość korzeni i koleoptyli siewek po 5-dniach wzrostu. Na podstawie pomiarów długości koleoptyle wyznaczono indeks tolerancji soli NaCl (I_T). Wysokie koncentracje soli NaCl nie wpływały negatywnie na energię i zdolność kiełkowania nasion, natomiast istotnie ograniczały wzrost korzeni i koleoptyli u wszystkich badanych form. Z przeprowadzonych badań wynika, że z dziewięciu analizowanych mieszańców dwa charakteryzowały się wyższym od pszenicznych komponentów rodzicielskich indeksem tolerancji, a sześć z nich charakteryzowało się niższym indeksem tolerancji jedynie od linii CZR 1406 o translokowanym chromosomie 1BL/1RS. Najwyższą tolerancyjnością na zasolenie charakteryzowały się mieszańce (*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × Begra i {[*Ae. juvenalis* × CZR 1406] × CZR 1406} × Panda × CZR 1406 oraz linia CZR 1406. Najmniej tolerancyjne okazały się siewki mieszańca [(*Aegilops ventricosa* × Grandur) × Panda] × Panda oraz pszenic Grandur i Panda. Prawdopodobnie, o wysokiej tolerancyjności form mieszańcowych z *Ae. juvenalis* decydowały geny żytnie formy rodzicielskiej CZR 1406, natomiast na niższą tolerancyjność mieszańców z *Ae. ventricosa* wpłynęły geny pszenic Grandur i Panda.

Słowa kluczowe: *Aegilops*, rody mieszańcowe, stres solny, tolerancyjność siewek, *Triticum*

The influence was studied of NaCl salt, at concentrations: 0 (control), 10, 20, 50, 100, 200 mM, on seed germination and seedling growth of nine hybrid strains obtained by crossing *Aegilops juvenalis* and *Aegilops ventricosa* with *Triticum durum* Desf. cv. Grandur and *Triticum aestivum* L. cvs. Arda, Begra, Panda, CZR 1406 line (1BL/1RS) translocated. Responses of the selected hybrid strains to NaCl were compared with reactions of their parental forms. Seeds were germinated on filter paper in Petri dishes, and moistened in Hoagland medium containing different concentrations of NaCl. Percentage of germinated seeds and maximal root and coleoptile length were assessed after five days of growth. Index of tolerance to salt treatments was calculated on the basis of coleoptile length. High salt concentration did not have negative influence on the seed germination but led to inhibition of root and coleoptile

elongation. Among nine hybrids two were characterized with higher tolerance index to NaCl salt than their wheat parental cultivars, and six had lower tolerance index only in relation to the CZR 1406 line. The seedlings of (*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × Begra and {[(*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × CZR 1406] × Panda} × CZR 1406 hybrids and the CZR 1406 line showed the highest tolerance of the salt stress. Most strongly NaCl inhibited coleoptile elongation in the [(*Ae. ventricosa* × Grandur) × Panda] × Panda hybrids and the Grandur and Panda cultivars' seedlings. Probably, high tolerance of hybrid forms with *Ae. juvenalis* germplasm was caused by the rye genes of parental form CZR 1406. Lower tolerance of the *Ae. ventricosa* hybrids was conditioned by the Grandur and Panda genes.

Key words: *Aegilops*, hybrid strains, salt stress, seedling tolerance, *Triticum*

WSTĘP

Zasolenie środowiska jest najczęściej spowodowane nadmiarem chlorku sodu, a związany z tym stres wynika głównie z niskiego potencjału wody otoczenia, co w konsekwencji prowadzi do utrudnień w jej pobieraniu przez roślinę. Stąd jego podobieństwo do stresu wywołanego przez suszę i inne czynniki powodujące deficyt wodny. Stres wynikający z niedosytu wody pogłębia się jeszcze w wyniku szkodliwego działania nadmiaru jonów Na^+ w komórkach. Wypierają one z błon jony Ca^{2+} powodując zmiany w przepuszczalności błon i wypływ jonów, zwłaszcza potasowych. Nienormalny wzrost stosunku Na^+/K^+ wpływa niekorzystnie na aktywność enzymów i hamuje syntezę białka (Szweykowska, 1997). Poza tym, znacznie podwyższone stężenie chloru w glebach działa degradująco zarówno na właściwości glebowe, jak i na rośliny (Kabata-Pendias i Pendias, 1999).

Zasolenie gleb może występować w sposób naturalny w wyniku wietrzenia skał, wypływu słonych wód na powierzchnię gleby, wybuchów wulkanów, mineralizacji związków organicznych, przenoszenia przez wiatr wody morskiej i jej rozpylania na ląd. Człowiek dodatkowo zwiększa zasolenie na skutek nadmiernego nawożenia mineralnego, emisji soli kopalnianych. Sól dostaje się do gleb również w wyniku stosowania jej przy odmrażaniu dróg oraz nawadnianiu pól wodami zasolonymi (Wilpiszewska, 1984; Grzesiuk i Koczowska, 1991). Woda stosowana do nawadniania wnosi w ciągu roku od 1 do 10 ton soli na hektar. W Australii zasolenie gleb spowodowane nawadnianiem przyczyniło się do wyłączenia z produkcji rolnej 2×10^5 ha gruntów, natomiast w Ameryce Północnej $3,2 \times 10^4$ ha. W Pakistanie do każdego irygowanego hektara dodaje się każdego roku 2 tony soli (Forster, 2001).

Źródłem wielu korzystnych genów tolerancyjności na stresy abiotyczne, w tym na suszę i zasolenie mogą być dzikie gatunki traw z rodzaju *Aegilops* (Gorham, 1990 a; Farooq i in., 1990, 1992). Naturalne środowiska, w których rosną są to tereny często zdegradowane, półpustynne. Kozieniec *Aegilops ventricosa* występuje w rejonie Basenu Morza Śródziemnego, natomiast *Aegilops juvenalis* można spotkać w południowo-azjatyckiej części byłego ZSRR i na Bliskim Wschodzie (Kimber i Feldman, 1987).

Celem przeprowadzonych badań była ocena tolerancyjności siewek mieszańców *Ae. ventricosa* i *Ae. juvenalis* z *Triticum durum* Desf. i *Triticum aestivum* L. na stres wywołany przez sól NaCl.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań było dziewięć rodów mieszańcowych generacji F_4 otrzymanych w wyniku krzyżowania *Ae. ventricosa* Tausch. (genomy *UnUnDD*) i *Ae. juvenalis* (Thell.) Eig. (*DDMMUU*) z *T. durum* Desf. (*AABB*) cv. Grandur, *T. aestivum* L. (*AABBDD*) cvs. Arda, Begra, Panda oraz linią CZR 1406 pszenicy heksaploidalnej (Stefanowska, 1995; Prażak, 1997). Linia CZR 1406 o translokowanym chromosomie 1BL/1RS została wytworzona przez Tarkowskiego w wyniku krzyżowania (*Lanca* × *S. cereale* L. 506) × *Lanca* (Tarkowski i in., 1994). Analizowano również wszystkie komponenty rodzicielskie biorące udział w powstaniu mieszańców. Skład genomowy podano za Kimber i Feldman (1987).

Nasiona badanych form kiełkowano na bibule Whatmana nr 10, w szalkach Petriego (10 nasion na szalkę) uzupełnionych pełną pożywką Hoaglanda z dodatkiem soli NaCl w koncentracjach: 0 (kontrola), 10, 20, 50, 100, 200 mM. Od momentu wysiewu do 5 dniowej siewki, kultury prowadzono w termostacie, w temperaturze 20°C. W każdej kombinacji wykonano po trzy powtórzenia. Po 2 dniach zbadano wpływ NaCl na energię kiełkowania nasion, a po 5 dniach oceniono zdolność kiełkowania nasion i dokonano pomiarów maksymalnej długości korzeni i koleoptyli. Na podstawie pomiarów długości koleoptyli 5 dniowych siewek wyznaczono indeks tolerancji soli NaCl (I_T):

$$I_T = \frac{\text{średnia długość koleoptyli roślin traktowanych NaCl}}{\text{średnia długość koleoptyli roślin kontrolnych}} \times 100\%$$

Wyniki opracowano statystycznie i przedstawiono w tabeli 1 oraz na rysunkach 1, 2. Kolejność analizowanych form w tabeli i na rysunkach jest taka sama. Istotność różnic oceniono za pomocą testu Tukeya przy $p \leq 0,05$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzone badania nie wykazały istotnego wpływu soli NaCl w stężeniach 10–200 mM na energię i zdolność kiełkowania nasion. Ocenę tolerancyjności oparto na pomiarze relatywnego zahamowania wzrostu siewek pod wpływem NaCl względem kontroli. W wysokich stężeniach sól NaCl silnie ogranicza rozwój systemu korzeniowego i części nadziemnej roślin (Kabata-Pendias i Pendias, 1999). Wykonane po 5-dniach inkubacji pomiary wykazały, że korzenie i części nadziemne siewek w kombinacjach z wysokimi koncentracjami soli, tj. 100 i 200 mM NaCl, były istotnie krótsze od kontroli (tab. 1). Odnotowano nieco słabszy wpływ NaCl na długość korzeni niż na część nadziemną siewek (tab. 1). Wzrost korzeni roślin w środowisku zasolonym jest ogólnie słabiej hamowany niż wzrost części nadziemnej, ponieważ korzenie łatwiej radzą sobie z niwelowaniem negatywnych skutków zwiększonego stężenia soli w środowisku (Kuiper i in., 1990). Poza zahamowaniem wzrostu i rozwoju siewek, nie obserwowano innych zaburzeń fizjologicznych czy uszkodzeń morfologicznych. Analizowane mieszańce różniły się między sobą barwą koleoptyli. Cecha ta jest dziedziczna i jako marker, może być wykorzystywana do ich identyfikacji (Drzewiecki, 1997). Koleoptyle mieszańców {[*(Ae. ventricosa* × Grandur) × Panda] × Arda} × Arda (nr 1 i 2) miały barwę purpurową

podobnie jak koleoptyle *Ae. ventricosa*. Mieszańce (*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × Begra (nr 5–7) wytworzyły koleoptyle jasnopurpurowe jak *Ae. juvenalis*. Natomiast koleoptyle mieszańców [(*Ae. ventricosa* × Grandur) × Panda] × Panda (nr 3 i 4) i [(*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × CZR 1406] × Panda × CZR 1406 (nr 8 i 9) były jasnożółte podobnie jak koleoptyle pszenic.

Tabela 1

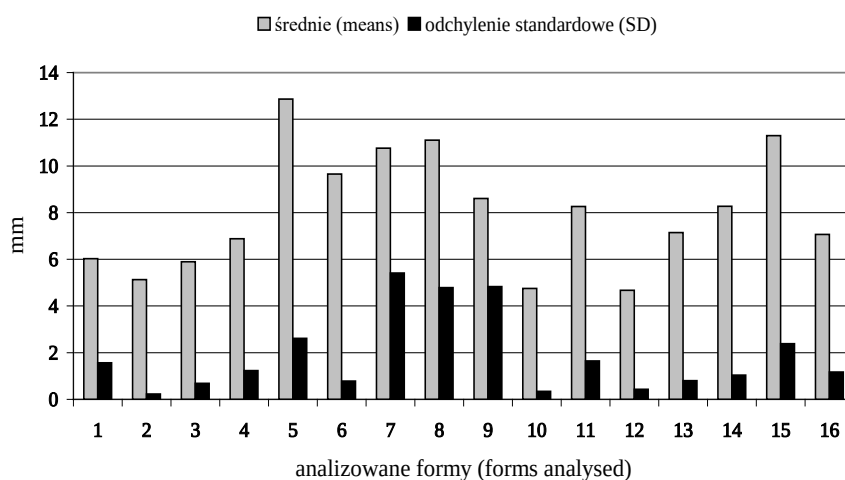
Wpływ soli NaCl na długość korzeni i koleoptyli 5-dniowych siewek mieszańców *Aegilops* z *Triticum* oraz ich form rodzicielskich
The effect of NaCl salt on the root and coleoptile length of 5-day seedlings of *Aegilops* and *Triticum* hybrids and their paternal forms

Analizowane formy Strains analyzed	Długość korzeni (mm) Root length (mm)						Długość koleoptyle (mm) Coleoptile length (mm)					
	NaCl (mM)						NaCl (mM)					
	0	10	20	50	100	200	0	10	20	50	100	200
1. {(<i>Ae. ventricosa</i> × Grandur) × Panda} × Arda	60,59	49,93	43,52	42,74	25,00*	15,89*	36,59	32,23	30,63	25,26	17,72*	6,03*
2. {(<i>Ae. ventricosa</i> × Grandur) × Panda} × Arda	55,08	43,64	43,56	38,24	30,21	11,25*	32,30	26,71	25,09	25,00	16,71	5,13*
3. [(<i>Ae. ventricosa</i> × Grandur) × Panda] × Panda	65,24	56,13	44,87	44,22	32,54*	17,65*	41,80	40,08	33,86	31,79	18,42*	5,90*
4. [(<i>Ae. ventricosa</i> × Grandur) × Panda] × Panda	59,00	47,63	45,19	40,57	36,70	16,57*	37,08	31,21	28,41	26,61	18,70*	6,88*
5. (<i>Ae. juvenalis</i> × CZR 1406) × Begra	61,63	62,50	59,60	56,00	51,75	30,71*	45,15	44,67	43,25	36,77	26,50	12,86*
6. (<i>Ae. juvenalis</i> × CZR 1406) × Begra	54,37	45,79	42,00	41,95	30,11*	19,06*	39,32	30,50	29,95	23,74	16,47*	9,65*
7. (<i>Ae. juvenalis</i> × CZR 1406) × Begra	55,13	46,58	42,79	40,04	36,89	21,28*	39,59	38,80	38,11	31,12	22,04	10,76*
8. {(<i>Ae. juvenalis</i> × CZR 1406) × CZR 1406} × Panda	51,54	44,35	37,50	38,14	30,93	17,96*	38,04	38,62	30,91	27,83	16,41*	11,10*
9. {(<i>Ae. juvenalis</i> × CZR 1406) × CZR 1406} × Panda	54,12	47,40	36,04	31,12	27,52	17,67*	40,00	34,48	32,40	24,54	15,68	8,60*
10. <i>Ae. juvenalis</i>	36,33	34,00	28,16	26,34	16,20*	8,00*	30,75	29,75	26,33	22,64	16,07	4,75*
11. <i>Ae. ventricosa</i>	38,54	35,22	31,14	28,50	24,40	16,14*	34,30	30,00	26,91	26,16	19,17	8,26*
12. Grandur	66,26	47,46	46,00	39,29	27,33*	10,17*	39,22	27,31	26,93	24,33	16,64	4,68*
13. Arda	80,27	74,12	54,28	46,12	38,12*	22,06*	47,34	38,20	37,64	34,94	20,56*	7,15*
14. Begra	72,96	61,61	50,57	42,11	39,00	22,50*	48,21	45,71	42,86	31,54	25,93	8,27*
15. CZR 1406	64,68	53,50	52,93	45,85	44,00	22,52*	40,04	37,37	35,41	31,85	25,77	11,30*
16. Panda	88,36	76,14	53,63	58,37	40,70*	21,81*	46,89	41,76	37,18	36,40	23,93	7,07*

* Wynik istotnie różny od kontroli (0 mM NaCl)

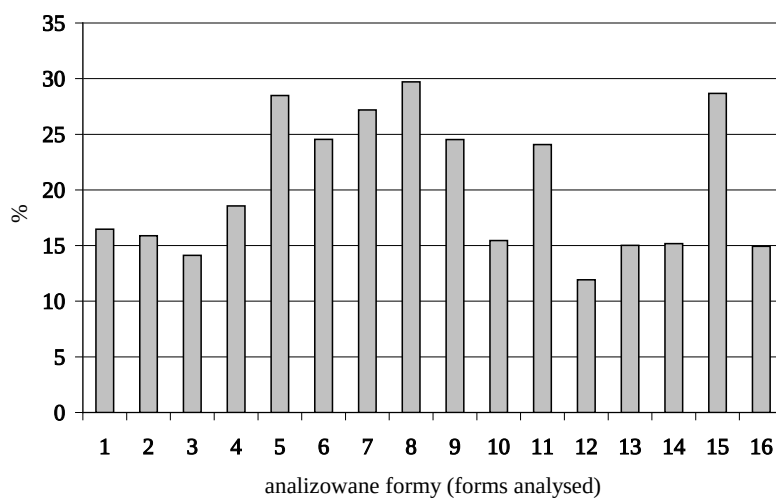
* Result significantly different in relation to the control (0 mM NaCl)

Mniejsza liczba korzeni 5-dniowych siewek w kombinacjach z większymi stężeniami soli wynikała z wolniejszego tempa ich rozwoju spowodowanego prawdopodobnie ograniczonym dostępem wody. W kontroli i niższych stężeniach soli NaCl siewki formowały najczęściej 4–5 korzenie, a w wyższych stężeniach rozwijały jedynie 3 korzenie.



Rys. 1. Wpływ soli NaCl w stężeniu 200mM na długość koleoptyli 5-dniowych siewek mieszańców *Aegilops* z *Triticum* (nr 1-9), *Aegilops juvenalis* (nr 10), *Aegilops ventricosa* (nr 11) oraz pszenicznych komponentów rodzicielskich (nr 12-16). Przedstawiono wartości średnie i odchylenie standardowe międzygrupowe z 3 powtórzeń

Fig. 1. The effect of 200 mM NaCl salt on seedling coleoptile length of 5-day *Aegilops* × *Triticum* hybrids (nr 1-9), *Aegilops juvenalis* (nr 10), *Aegilops ventricosa* (nr 11) and wheat parental components (nr 12-16). Means and SD of 3 replications are shown



Rys. 2. Indeks tolerancji 200 mM NaCl 5-dniowych siewek mieszańców *Aegilops* z *Triticum* (nr 1-9), *Aegilops juvenalis* (nr 10), *Aegilops ventricosa* (nr 11) oraz pszenicznych komponentów rodzicielskich (nr 12-16)

Fig. 2. Tolerance index of 200 mM NaCl for the 5-days old *Aegilops* × *Triticum* hybrids (nr 1-9), *Aegilops juvenalis* (nr 10), *Aegilops ventricosa* (nr 11) and wheat parental components (nr 12-16).

Według Gorhama i wsp. (1985) tolerancja na stres solny w płemieniu *Triticeae* jest prawdopodobnie związana z możliwością preferencyjnego pobierania kationów potasu kosztem sodu, nawet jeśli jony sodu występują w nadmiarze w środowisku zewnętrznym korzeni. Na podstawie badań nad liniami substytucyjnymi Chinese Spring z chromosomami *Lophopyrum elongatum* odnotowano, że cecha preferencyjnego pobierania kationów potasu kosztem sodu jest w wysokim stopniu skorelowana z tolerancją na zasolenie (Omielan i in., 1991, za Dworak i Gorham, 1992). Według Gorhama (1990 a) system ten występuje u pszenic diploidalnych i heksaploidalnych oraz u gatunków *Aegilops*. Gorham (1990 a) na podstawie analizy zawartości jonów sodu i potasu w częściach nadziemnych siewek kozińców stwierdził, że system preferencyjnego pobierania kationów potasu kosztem sodu odkryty u *Ae. squarrosa* (D) jest obecny u większości gatunków *Aegilops* zawierających genom D, a także M, U i T. Według autora cecha preferencyjnego pobierania kationów K^+ kosztem Na^+ jest w genomie D uwarunkowana przez geny dominujące, natomiast w genomie U przez geny nie mające charakteru dominującego. Autor analizował amfiploidy uzyskane z krzyżowań kozińców z pszenicami (*T. boeoticum*, *T. timopheevi*, *T. durum*) określając zawartość sodu i potasu w siewkach uzyskanych z hodowli na pożywkach zasolonych. W siewkach gatunków wrażliwych, przy zasoleniu przekraczającym 50 mM NaCl, zwiększała się akumulacja jonów Na^+ i Cl^- . Zawartość anionów Cl^- była bardziej związana z zawartością kationów Na^+ niż odwrotnie.

Wśród badanych form najbardziej tolerancyjnymi na zasolenie okazały się mieszańce z *Ae. juvenalis* nr 8 i 5 (tab. 1, rys. 1, 2) oraz linia pszenicy heksaploidalnej CZR 1406 — nr 15. Wysoką tolerancją charakteryzowały się również pozostałe mieszańce z *Ae. juvenalis* (nr 6, 7 i 9). Natomiast mieszańce powstałe z udziałem *Ae. ventricosa* były mniej tolerancyjne od mieszańców z *Ae. juvenalis*, mimo, że przy najwyższym stężeniu 200 mM NaCl ich forma mateczna *Ae. ventricosa* (nr 11) był bardziej tolerancyjny od *Ae. juvenalis* (nr 10) (tab. 1, rys. 1, 2). *Ae. ventricosa* charakteryzował się również wyższą tolerancją od pszenic — Grandur (nr 12), Arda (nr 13), Begra (nr 14) i Panda (nr 16) oraz od mieszańców powstałych z jego udziałem (nr 1–4) (rys. 2). Ponieważ kozińce jako formy mateczne są dawcami cytoplazmy, może to świadczyć o większym wpływie genów jądrowych niż cytoplazmatycznych na tolerancję roślin na stres solny.

Prawdopodobnie, na wysoką tolerancję na zasolenie mieszańców z *Ae. juvenalis* miała wpływ linia CZR 1406 (tab. 1, nr 15) zawierająca geny chromosomu 1R żyta. Linia ta wykazała się wysoką tolerancją na zasolenie ustępując jedynie mieszańcowi $\{[(Ae. juvenalis \times CZR 1406) \times CZR 1406] \times Panda\} \times CZR 1406$ (nr 8). Żyto jest mniej wrażliwe na niedobór wody (Niewiadomski, 1983), stąd być może, ujawnił się korzystny wpływ żytnich genów na tolerancję tej linii i jej mieszańców z *Ae. juvenalis*.

Najbardziej wrażliwą na zasolenie środowiska okazała się pszenica tetraploidalna Grandur (nr 12). U pszenic tetraploidalnych brak jest ekspresji genów związanych z preferencyjnym pobieraniem kationów potasu kosztem sodu, obecnych u pszenic heksaploidalnych na chromosomie 4D oraz u pszenic diploidalnych na chromosomie 4A (Gorham, 1990 b; Dworak i Gorham, 1992). Przypuszcza się, że w czasie ewolucji pszenic tetraploidalnych nastąpiła modyfikacja chromosomu A z tymi genami (Shang i in., 1989).

WNIOSKI

1. Wysokie koncentracje soli 100–200 mM NaCl silnie ograniczały wzrost siewek wszystkich badanych form. Natomiast nie zaobserwowano istotnego negatywnego wpływu badanych stężeń NaCl na kiełkowanie nasion.
2. Mieszzańce powstałe z udziałem kozieńca *Ae. juvenalis* charakteryzowały się wyższą tolerancyjnością na stres solny od mieszańców z *Ae. ventricosa*. Wśród tych pierwszych korzystnie wyróżniły się dwa — {[*(Ae. juvenalis* × CZR 1406) × CZR 1406] × Panda} × CZR 1406 (nr 8) i (*Ae. juvenalis* × CZR 1406) × Begra (nr 5).
3. Nie zaobserwowano wpływu genów cytoplazmatycznych, wniesionych przez komponenty mateczne *Ae. ventricosa* i *Ae. juvenalis*, na tolerancyjność mieszańców na stres solny. Prawdopodobnie wyższa tolerancyjność na zasolenie mieszańców powstałych z udziałem *Ae. juvenalis* wynika z wpływu genów żytnich wniesionych przez linię CZR 1406, natomiast niższa tolerancyjność mieszańców z *Ae. ventricosa* ma związek z genami wniesionymi przez pszenice Grandur i Panda.

LITERATURA

- Dwořák J., Gorham J. 1992. Methodology of gene transfer by homoeologous recombination into *Triticum turgidum*: transfer of K⁺/Na⁺ discrimination from *Triticum aestivum* L. Genome 35: 639 — 646.
- Drzewiecki J. 1997. Ocena tożsamości roślin rolniczych na podstawie cech nasion i siewek — stan obecny i nowe kierunki. Biul. IHAR 203: 7 — 22.
- Farooq S., Shah T.M., Iqbal N. 1990. Variation in cross ability among intergeneric hybrids of wheat and salt tolerant accessions of three *Aegilops* species. Cereal Res. Commun. 18/4: 335 — 338.
- Farooq S., Iqbal N., Asghar M., Shah T. M. 1992. Intergeneric hybridization for wheat improvement — IV. Expression of salt tolerance gene (s) of *Aegilops cylindrica* in hybrids with hexaploid wheat. Cereal Res. Commun. 20/ 1–2: 111 — 118.
- Forster B. P. 2001. Mutation genetics of salt tolerance in barley: An assessment of Golden Promise and other semi-dwarf mutants. Euphytica, 120: 317 — 328.
- Gorham J. 1990 a. Salt Tolerance in the *Triticeae*: K / Na discrimination in *Aegilops* species. J. Exp. Bot. 41/226: 615 — 621.
- Gorham J. 1990 b. Salt tolerance in the *Triticeae*: K / Na discrimination in synthetic hexaploid wheats. J. Exp. Bot. 41/ 226: 623 — 627.
- Gorham J., Wyn Jones R. G., McDonnell E. 1985. Some mechanisms of salt tolerance in crop plants. Plant and Soil 89: 15 — 40.
- Grzesiuk S., Koczowska I. 1991. Fizjologiczne podstawy odporności roślin na choroby. Wyd. ART, Olsztyn: 205 ss.
- Kabata-Pendias A., Pendias H. 1999. Biogeochemia pierwiastków śladowych. PWN, Warszawa, ss. 398.
- Kimber G., Feldman M. 1987. Wild wheat: an introduction. College of Agriculture, University of Missouri, Columbia, Special Report 353: 1 — 146.
- Kuiper D., Suit J., Kuiper P. J. C. 1990. Actual cytokine concentrations in plant tissue as an indicator for salt resistance in cereals. Plant and Soil 123: 243 — 250.
- Niewiadomski W. (red.) 1983. Podstawy agrotechniki. PWR i L, Warszawa: 763 ss.
- Prażak R. 1997. Zastosowanie kultur *in vitro* niedojrzałych zarodków w otrzymywaniu mieszańców międzyrodzajowych *Triticum* z *Aegilops*. Zesz. Nauk. AR w Krakowie, 318 (50): 47 — 53.
- Shang X. M., Nguyen H. T., Jackson R. C. 1989. Heterochromatin differentiation and phylogenetic relationship of the A genomes in diploid and polyploidy wheats. Theor. Appl. Genet. 77: 84 — 94.

- Stefanowska G. 1995. Charakterystyka niektórych cech morfologicznych i plonotwórczych mieszańców *Triticum aestivum* L. z *Aegilops juvenalis* (Thell.) Eig. i z *Aegilops ventricosa* Tausch. Biul. IHAR 194: 35 — 43.
- Szweykowska A. 1997. Fizjologia roślin. Wydaw. Naukowe UAM, Poznań: 241 ss.
- Tarkowski Cz., Masłowski J., Gruszecka D. 1994. The influence of wheat chromosome 1BL/1RS on toxic activity of aluminium ions. First Intern. Sem. „Cereals — Pathogen and Stress Factors Interaction”. Poznań: 80.
- Wilpiszewska J. 1984. Antropogeniczne procesy zasilania gleb a uszkodzenia i zaburzenia fizjologiczne roślin. Kosmos 3 (184): 325 — 338.

HENRYK J. CZEMBOR

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Dziedziczenie tolerancji na toksyczne działanie glinu u wybranych odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.)

The inheritance of tolerance to aluminum toxicity in some spring wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars

Ważnym czynnikiem ograniczającym możliwość uprawy pszenicy na glebach kwaśnych jest toksyczność glinu (Al). Celem badań było określenie sposobu dziedziczenia tolerancji na toksyczne działanie glinu i poszukiwanie źródeł tolerancji innych niż reprezentowany przez brazylijską odmianę pszenicy jarej BH 1146 mającej opisany już wcześniej gen *Alt_{BH}* na chromosomie 4D. Badano sposób dziedziczenia tolerancji na toksyczne działanie glinu w odmianach Quality (AUS) i Dong Nong (CHN). Stwierdzono, że tolerancja na glin uwarunkowana jest jednym genem dominującym podobnym do znanego genu *Alt_{BH}* wcześniej stwierdzonego w brazylijskiej odmianie BH-1146.

Słowa kluczowe: dziedziczenie tolerancji, pszenica, toksyczność glinu

Aluminium toxicity is an important factor limiting wheat production on acid soils. The purpose of this research was to find mode of inheritance of tolerance to aluminium toxicity and to find new sources of tolerance different from that represented by the Brazilian cultivar BH-1146. Inheritance of tolerance to aluminium toxicity was investigated in the spring wheat cultivars Quality (AUS), and Dong Nong 120 (CHN). The nutrient solution-screening test with 148 µM Al concentration was used. A single gene pair controls tolerance to aluminium toxicity in these cultivars. It represents the same source of tolerance as that found in the spring wheat BH-1146.

Key words: aluminium toxicity, inheritance of tolerance, wheat

WSTĘP

W Polsce odsetek gruntów ornych o kwaśnym odczynie szacuje się na poziomie 60%, z czego 24% to gleby o pH poniżej 4,5 (Boguszewski, 1980). Od dawna znany jest niekorzystny wpływ niskiego pH na plony zbóż (Anioł, 1989). W zakresie odczynu obojętnego i zasadowego glin występuje w glebie w formach nierozpuszczalnych. W miarę obniżania się pH glin przechodzi do toksycznych dla roślin form rozpuszczalnych

w roztworze glebowym. Najbardziej toksycznymi dla roślin są $\text{AlO}_4\text{Al}_{12}(\text{OH})_{24}(\text{H}_2\text{O})_{12}^{7+}$ (oznaczany potocznie Al_{13}) oraz $\text{Al}(\text{H}_2\text{O})_6^{3+}$ (Al^{3+}) (Kinraide, 1991).

Pierwsze i najbardziej symptomatyczne objawy szkodliwego działania glinu obserwuje się na korzeniach. Ulegają one skręceniu i zgrubieniu, a wzrost elongacyjny zostaje spowolniony lub całkowicie zahamowany. Lługany i wsp. (1995) obserwowali spowolnienie wzrostu korzeni u wrażliwej kukurydzy już w ciągu 30 minut. Wtórnymi efektami uszkodzenia korzeni przez glin jest ograniczone pobieranie składników mineralnych i podwyższona wrażliwość na suszę wywołana niemożnością pobrania wody z głębszych warstw gleby.

Większość tolerancyjnych na toksyczne działanie glinu odmian pszenicy pochodzi z Brazylii, gdzie występowanie gleb kwaśnych jest powszechne. Najbardziej znaną jest odmiana pszenicy jarej BH 1146, którą używa się na świecie jako wzorzec tolerancyjności na glin w badaniach genetycznych, fizjologicznych oraz pracach hodowlanych. Odmiana BH 1146 autorstwa Ildefonso Correia powstała w wyniku krzyżowania $\text{PG1} \times \text{Fronreira} \times \text{Mentana}$ i została zarejestrowana w Brazylii w 1955 roku. Uprawiana była do późnych lat osiemdziesiątych (Camargo, Filho, 2000).

Polskie odmiany pszenicy jarej wykazują niską tolerancję na toksyczne działanie glinu i nie nadają się do uprawy na glebach o znacznym stopniu zakwaszenia ($\text{pH} < 5,5$), a co za tym idzie z dużą ilością aktywnych, toksycznych form glinu (Wiewióra, 1999).

Celem podjętej pracy jest określenie sposobu dziedziczenia tolerancji na glin u dwóch odmian pszenicy jarej oraz poszukiwanie źródeł odporności różnych od reprezentowanego przez brazylijską odmianę BH 1146.

MATERIAŁ I METODA

Do badań wzięto dwie tolerancyjne odmiany pszenicy jarej: Quality (Australia) i Dong Nong 120 (Chiny), które zostały wyselekcjonowane na podstawie testów wrażliwości na glin ponad 1600 obiektów zgromadzonych w Banku Genów Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie (Wiewióra, 1998).

Do określenia tolerancji na toksyczne działanie glinu zastosowano metodę kultur wodnych dla roślin zbożowych opracowaną przez Anioła w Pracowni Stresu Mineralnego IHAR (Anioł, 1981, 1985). Metoda polega na pomiarze odrostu korzeni głównych po 24-godzinny stresie glinowym. Określenie odrostu możliwe jest dzięki wybarwieniu korzeni Eriochrom cyjaniną R. Tak określona tolerancja w wystarczającym stopniu koreluje z reakcją roślin na toksyczność glinu w warunkach polowych (Fisher, Scott, 1983).

Badane odmiany o wysokiej tolerancji krzyżowano z wrażliwą odmianą Jasna, której korzenie zamierały już w stężeniu glinu w pożywce wynoszącym $148 \mu\text{M}$ (Wiewióra, 1999). Wykonano także krzyżowania badanych odmian z wzorcową przedstawioną powyżej metodą hydroponiczną. Uzyskane wyniki poddano opracowaniu statystycznemu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Tolerancyjność odmian rodzicielskich na toksyczne działanie jonów glinu oceniono przy stężeniu Al w pożywce wynoszącym 148 μM . Odmiany tolerancyjne wykazały odrost 100% badanych siewek. Dla wrażliwej odmiany Jasna stężenie 148 μM Al jest najniższym stężeniem powodującym zahamowanie wzrostu i nieodwracalne uszkodzenie korzeni wszystkich siewek (tab. 1).

Tabela 1

Tolerancja badanych odmian na stężenie 148 μM glinu w pożywce
Tolerance of the investigated varieties to the 148 μM Al concentration in nutrient medium

Odmiana Variety	Liczba siewek tolerancyjnych Number of tolerant seedlings	Liczba siewek wrażliwych Number of sensitive seedlings	Procent siewek tolerancyjnych Percent of tolerant seedlings	Odrost korzenia głównego (mm) Primary root regrowth (mm)
Jasna	0	44	0	0
BH 1146	45	0	100	19,1
Quality	46	0	100	17,6
Dong Nong 120	48	0	100	14,1

Mieszanie F_1 z kombinacji krzyżowań odmian tolerancyjnych z wrażliwą odmianą Jasną, odmian tolerancyjnych z wzorcową BH 1146 oraz odmian tolerancyjnych między sobą wykazywały odrost 100% siewek w stężeniu glinu 148 μM .

Uzyskane w warunkach polowych populacje pokolenia F_2 poddano testowi w kulturach wodnych w stężeniu Al w pożywce wynoszącym 148 μM . Stężenie zostało ustalone na poziomie 148 μM w celu wyodrębnienia wszystkich mieszańców o tolerancji na glin wyższej od wrażliwej odmiany Jasna. Wyniki testowania pokolenia F_2 przedstawiono w tabeli 2. W ocenie populacji mieszańcowych F_2 pochodzących z krzyżowań odmiany wrażliwej Jasna z odmianami tolerancyjnymi uzyskano ponad 72% siewek tolerancyjnych i 28% siewek wrażliwych, co pozwalało wysunąć hipotezę, że tolerancja na glin u badanych odmian, podobnie jak u wzorcowej HB 1146, jest warunkowana przez jeden gen dominujący.

Tabela 2

Segregacja pokolenia F_2 na siewki tolerancyjne i wrażliwe na glin w stężeniu 148 μM Al
The segregation into aluminium tolerant and aluminium sensitive seedlings in F_2 at the 148 μM Al concentration

Kombinacja Cross	Liczba siewek Number of seedlings			Stosunek tolerancyjnych do wrażliwych Ratio tolerant to sensitive	Prawdopodobieństwo Probability P
	badanych tested	tolerancyjnych tolerant	wrażliwych sensitive		
Dong Nong 120 $\times$ Jasna	298	216	82	3: 1	0,30–0,50
Quality $\times$ Jasna	254	182	72	3: 1	0,10–0,30
BH 1146 $\times$ Jasna	276	211	65	3: 1	0,50–0,70
Dong Nong $\times$ BH 1146	188	188	0		
Quality $\times$ BH 1146	212	212	0		
Quality $\times$ Dong Nong	252	252	0		

Lagos i wsp. (1991) stwierdzili, że za tolerancję na toksyczne działanie glinu w odmianie BH-1146 odpowiedzialny jest jeden gen dominujący, a potwierdzeniem tego są uzyskane w przedstawionych badaniach wyniki oraz wyniki opisane wcześniej przez autora (Czembor i Wiewióra, 2001). Na podstawie analizy monosomicznej Lagos i wsp. (1991) stwierdzili, że gen ten znajduje się na chromosomie 4D. Riede i Anderson (1996) określili metodą RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), że gen ten znajduje się na długim ramieniu (L) chromosomu 4D i zaproponowali dla niego nazwę *Alt_{BH}*. Wcześniejsze badania innych autorów sugerowały, że tolerancja na glin dziedziczy się przez dwa niezależne geny dominujące z wysokim efektem addytywnym (Nodari i in., 1982; Camargo, 1981, 1984). Anioł (1991) krzyżował tolerancyjne odmiany BH-1146, Preludio, Carazinho i Fielder z ozimą pszenicą Grana. Rozszczepienia w pokoleniu F₂ wykazały warunkowanie tolerancji przez dwa geny. Nie stwierdzono natomiast różnic między badanymi odmianami.

Różnice w liczbie genów warunkujących tolerancję na toksyczne jony glinu uzyskane przez różnych autorów można tłumaczyć różnicami w stosowanych metodykach badań, różnicami w stężeniach glinu w pożywce i czasie ekspozycji, a także różnymi komponentami używanymi do krzyżowań. Szczególnie ważne jest ustalenie granicznego stężenia glinu w pożywce do testowania segregujących populacji, tak, aby możliwe było wyodrębnienie wszystkich mieszańców o tolerancji wyższej od rodzica wrażliwego. Inni autorzy obserwowali różnice w ekspresji tolerancji na glin pomiędzy odmianami tolerancyjnymi i umiarkowanie tolerancyjnymi tłumacząc to prawdopodobnym działaniem genów modyfikatorów, takich jak zidentyfikowane przez Anioła i Gustafsona (1984) w odmianie Chinese Spring na chromosomach 6AL, 7AS, 2DL, 4DL i 7D.

Nie stwierdzono segregacji pokolenia F₂ uzyskanego z kombinacji krzyżowań BH-1146 z badanymi odmianami tolerancyjnymi, co pozwala wnioskować, że mają takie same lub blisko z sobą sprzężone geny warunkujące tolerancyjność na glin. Podobnie, nie stwierdzono rozszczepień przy testowaniu pokoleń F₂ kombinacji krzyżówkowych badanych odmian między sobą, co oznacza, że odmiany Quality i Dong Nong 120 mają identyczne geny tolerancji na glin. Podobny charakter genetycznego uwarunkowania tolerancji na glin mają wcześniej opisane przez autora odmiany: Carazinho, Ruivo i Trigo des Acores (Czembor i Wiewióra, 2001).

WNIOSKI

1. Tolerancja na toksyczne działanie glinu w odmianach BH-1146, Quality i Dong Nong 120 jest warunkowana jednym genem dominującym.
2. Wszystkie badane odmiany reprezentują takie samo źródło tolerancji, jak używany powszechnie standard tolerancji BH-1146.

LITERATURA

- Anioł A. 1981. Metody określania tolerancyjności zbóż na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR 243: 3 — 14.
- Anioł A. 1985. Podstawy hodowli roślin odpornych na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR 156: 185 — 193.
- Anioł A. 1989. Podstawy hodowli zbóż tolerancyjnych na niskie pH gleby. Biul. IHAR 171/172: 215 — 220.
- Anioł A. 1991. Genetics of acid tolerant plant. In: Plant-soil interactions at low pH. R. J. Wright (eds.). Kluwer Acad. Publ.: 1007 — 1017.
- Anioł A., Gustafson J. P. 1984. Chromosome location of genes controlling aluminum tolerance in wheat, rye and triticale. Can. J. Genet. Cytol. 26: 701 — 705.
- Boguszewski W. 1980. Wapnowanie gleb. PWRiL, Warszawa.
- Camargo C. E. O. de 1981. Wheat improvement. I. The heritability of tolerance to aluminum toxicity. Bragantia 40: 33 — 45.
- Camargo C. E. O. de 1984. Wheat improvement. VI. Heritability studies on aluminum tolerance using three concentrations of aluminum in nutrient solutions. Bragantia 43: 279 — 291.
- Camargo C. E., Filho A. W. 2000. Sao Paulo State, Brazil Wheat Pool. In: The world wheat book. Bonjean A. P., Angus W. J. (eds.). Lavoisier Publishing: 550 — 577.
- Czembor H. J., Wiewióra M. 2001. Dziedziczenie tolerancji na toksyczne działanie glinu u wybranych odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 220: 45 — 51.
- Fisher J. A., Scott B. J. 1983. Breeding wheats for tolerance to acid soils. Proc. Austr. Breeding Conf. Adelaide: 333.
- Kinraide T. B. 1991. Identity of the rhizotoxic aluminium species. Plant and Soil 134: 167 — 178.
- Lagos M. B., Fernandes M. I. M., Camargo C. E. O. de, Federizzi L. C., Carvalho F. I. F. 1991. Genetics and monosomic analysis of aluminum tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). Rev. Brasil. Genet. 14: 1011 — 1020.
- Llugany M., Poschenrieder C., Barcelo J. 1995. Monitoring of aluminium-induced inhibition of root elongation in four maize cultivars differing in tolerance to aluminium and proton toxicity. Physiol. Plant. 93: 265 — 271.
- Nodari R. O., Carvalho F. I. F., Federizzi L. C. 1982. Genetic bases of the inheritance of Al-toxicity tolerance in wheat genotypes. Pesq. Agropec. Bras. 17 (2): 269 — 280.
- Riede C. R., Anderson J. A. 1996. Linkage of RFLP markers to an aluminium tolerance gene in wheat. Crop Sci. 36: 905 — 909.
- Wiewióra M. 1998. Tolerancyjność form pszenicy jarej z Banku Genów IHAR Radzików na toksyczne działanie jonów glinu. Komunikat. Biul. IHAR 208: 61 — 66.
- Wiewióra M. 1999. Tolerancyjność polskich odmian i rodów pszenicy jarej na toksyczne działanie glinu. Biul. IHAR 212: 59 — 64.

ANNA WOŹNIAK-STRZEMBICKA

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Wirulencja populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* w Polsce w latach 1998–2001

Virulence of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* population in Poland in 1998–2001

Pojedyncze izolaty *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* testowano w stadium siewek, celem określenia wirulencji na zestawie serii 40 linii izogenicznych NIL, wyprowadzonych na bazie odmiany Thatcher z genami odporności *Lr*. W latach 1998–2001 przetestowano 1096 izolatów. Obserwowano wysoką częstość wirulencji patogena (67–100%) w stosunku do większości genów odporności. W porównaniu z poprzednim okresem badań notowano niższy poziom wirulencji wobec genów *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*. Niewiele genotypów patogena było zdolnych do porażenia linii z genami *Lr38* i *LrW*. Nie obserwowano wirulencji w stosunku do genów *Lr9*, *Lr19*, *Lr23*, *Lr24* i *Lr25*. Na zestawie 15 linii izogenicznych: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28* zidentyfikowano dwadzieścia trzy patotypy *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. Patotypy 02722, 02726, 03726 i 53726 dominowały w populacji grzyba we wszystkich czterech latach badań. Określono skuteczność poszczególnych genów odporności pszenicy w stadium rośliny dorosłej na populację patogena. Wysoką efektywnością charakteryzowały się geny *Lr9*, *Lr13*, *Lr19*, *Lr22*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr35* i *Lr37*.

Słowa kluczowe: geny odporności, pszenica, *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*, wirulencja

A total of 1096 isolates of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* was collected in Poland from 1998 to 2001. Those isolates were tested for virulence on seedlings of a set of 40 near isogenic Thatcher lines (NIL) with the resistance genes *Lr*. High virulence frequency (67 to 100%) to majority of the *Lr* genes was found. In the years of study the frequencies of virulence to the lines with *Lr1*, *Lr2a*, and *Lr2b* were lower than in preceding years. Also the virulence to *Lr38* and *LrW* was rare. No virulence was found to the resistance genes *Lr9*, *Lr19*, *Lr23*, *Lr24* and *Lr25*. Twenty-three different pathotypes of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* were identified using 15 near isogenic lines with the resistance genes: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*. The most widespread pathotypes were: 02722, 02726, 03726, and 53726. The effectiveness of the *Lr*-genes against leaf rust was evaluated at the adult stage in the field. The *Lr9*, *Lr13*, *Lr19*, *Lr22*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr35* and *Lr37* resistance genes were effective.

Key words: *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*, resistance genes, wheat, virulence

WSTĘP

Rdza brunatna pszenicy powodowana przez grzyb *Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *tritici* (= *Puccinia triticina* Erikss.) należy do jednej z groźniejszych chorób tego gatunku w wielu rejonach świata (McIntosh i in., 1995). Pośród gatunków rdzy zbożowych występujących w Polsce rdza brunatna jest najbardziej rozpowszechnioną i pojawiającą się corocznie na ozimych i jarych formach pszenicy, także w ostatnich latach na zasiewach pszenżyta (Arseniak, 1996; Strzembicka, 1997; Strzembicka i in., 1998).

Jedyną drogą zmierzającą do ograniczenia choroby, zgodną z założeniami właściwej ochrony środowiska, a przy tym najbardziej celową i ekonomiczną jest wprowadzenie do powszechnej uprawy odmian odpornych. Hodowla odmian odpornych wymaga zarówno badania odporności rośliny żywicielskiej jak i badania chorobotwórczości patogena.

Informacje dotyczące struktury populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* oraz częstotliwości genów wirulencji korespondujących z genami odporności pszenicy mają duże znaczenie dla skutecznego wykorzystania tych genów.

W niniejszej pracy przedstawiono wyniki analizy struktury i wirulencji populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* w Polsce w latach 1998–2001. Opisane badania są kontynuacją prac, których wyniki zostały wcześniej opublikowane (Woźniak-Strzembicka, Gajda, 1995; Strzembicka, 1997).

MATERIAŁ I METODY

Próbki patogena na liściach pszenicy i pszenżyta zbierano z odmian zrejonizowanych i rodów hodowlanych. Porażone liście pobrano w kilkunastu miejscowościach, reprezentujących różne rejony geograficzne kraju. W omawianym okresie badań pobierano również próbki patogena z powietrza za pomocą stacjonarnego wylapywacza zarodników (rejon południowo-wschodniej Polski). Z pojedynczych skupień uredospor z próbek porażonych liści wyodrębniono izolaty grzyba. Ogółem w latach 1998–2001 analizowano 1096 izolatów pochodzących z pszenicy i pszenżyta. Celem określenia spektrum chorobotwórczości *Puccinia recondita* f.sp.*tritici* poszczególne izolaty testowano na różnicującym zestawie 40 linii izogenicznych NIL (Near Isogenic Lines) wyprowadzonych na bazie odmiany Thatcher. Wykaz linii NIL wraz z genami odporności *Lr* i pochodzeniem podaje tabela 1. Przedstawiony zestaw obowiązuje obecnie w Europie w ramach ogólnoeuropejskiej współpracy w zakresie analiz chorobotwórczości patogenów (Mesterhazy i in., 2000).

Linie NIL inokulowano w warunkach szklarniowych w stadium drugiego liścia poszczególnymi izolatami grzyba. Stosowano tradycyjną metodę na siewkach, a także metodę obciętych liści na pożywce agarowo-benzimidazolowej (Park, Felsenstein, 1998). Po 12-dniowej inkubacji w kontrolowanych warunkach (komora klimatyczna, temp. 22/18C noc/dzień) przeprowadzono ocenę porażenia siewek wg skali 0–4 (Roelfs i in., 1962). Typ infekcji 0–2 interpretowano jako odporny/awirulencja, typ infekcji 3–4 jako wrażliwy/wirulencja Na podstawie uzyskanych wyników określono częstość wirulentnych izolatów w populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*.

Tabela 1

Wykaz linii izogenicznych NIL z genami *Lr*
List of near –isogenic lines with *Lr* genes

Gen <i>Lr</i> <i>Lr</i> gene	Pochodzenie Pedigree	Numer identyfikacyjny Identity number
<i>Lr</i> 1	Tc*6/Centenario	RL 6003
<i>Lr</i> 2a	Tc*6/Webster	RL 6016
<i>Lr</i> 2b	Tc*6/Carina	RL 6019
<i>Lr</i> 2c	Tc*6/Loros	RL 6047
<i>Lr</i> 3	Tc*6/Democrat	RL 6002
<i>Lr</i> 3bg	Bage/Tc*8	RL 6042
<i>Lr</i> 3ka	Tc*6/Aniversario	RL 6007
<i>Lr</i> 9	Transfer/Tc*6 <i>Aegilops.umbellulata</i>	RL 6010
<i>Lr</i> 10	Tc*6/Exchange	RL 6004
<i>Lr</i> 11	Tc*2/Hussar	RL 6053
<i>Lr</i> 12	Exchange/Tc*6	RL 6011
<i>Lr</i> 13	Tc*6/Frontana	RL 4031
<i>Lr</i> 14a	Selkirk/Tc*6	RL 6013
<i>Lr</i> 14b	Tc*6/Mario Escobar	RL 6006
<i>Lr</i> 15	Tc*6/W1483	RL 6052
<i>Lr</i> 16	Tc*6/Exchange	RL 6005
<i>Lr</i> 17	Klein Lucero/Tc*6	RL 6008
<i>Lr</i> 18	Tc*7/Afrika 43	RL 6009
<i>Lr</i> 19	Tc*7 Transloc.4- <i>Agropyron elongatum</i>	RL 6040
<i>Lr</i> 20	Tc*6/Jimmer	RL 6092
<i>Lr</i> 21	Tc*6RL5406 <i>Ae. Squarrosa v.mayeri</i>	RL 6043
<i>Lr</i> 22	Tc*6/RL5404 <i>Ae.squarrosa.v.strangulata</i>	RL 6044
<i>Lr</i> 23	Lee 310/Tc*6	RL 6012
<i>Lr</i> 24	Tc*6/Agent (<i>Agropyron elongatum</i>)	RL 6064
<i>Lr</i> 25	Tc*6/Transec (<i>Secale cereale</i>)	RL 6084
<i>Lr</i> 26	Tc*6/St-1-25	RL 6078
<i>Lr</i> 28	Tc*6/C-77-1 (<i>Aegilops speltoides</i>)	RL 6079
<i>Lr</i> 29	Tc*6/CS7D-Ag + 11 (<i>Agropyron elongatum</i>)	RL 6080
<i>Lr</i> 30	Tc*6/Terenzio	RL 6049
<i>Lr</i> 32	Tc*6/3/ <i>Aegilops squarrosa</i>	RL 6086
<i>Lr</i> 33	Tc*6/PI 58548-1	RL 6057
<i>Lr</i> 34	Tc*6/PI 58548-2	RL 6058
<i>Lr</i> 35	Tc*6/RL 5711 <i>T.speltoides</i>	RL 6082
<i>Lr</i> 37	Tc*8/VPMI <i>T.ventricosum</i>	RL 6081
<i>Lr</i> 38	Tc*6/T7 Kohn	RL 6097
<i>Lr</i> 38	Tc*6/TMR-514-12-24	RL 6137
<i>Lr</i> 44	Tc*6/ <i>T.spelta</i>	RL 6147
<i>Lr</i> B	Tc*6/Carina	RL 6051
<i>Lr</i> B	Tc*6/PI 268316	RL 6061
<i>Lr</i> W	Tc*6/V336	RL 6107
Tc	Thatcher- kontrola (check)	RL 6101

W trakcie badań w latach 1998–2001 identyfikowano patotypy rdzy brunatnej stosując zestaw 15 linii izogenicznych NIL z genami: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*. Metoda nazewnictwa i identyfikacji patotypów została zaproponowana i przyjęta przez badaczy uczestniczących w ogólnoeuropejskiej współpracy w programie COST Action 817 (Mesterhazy i in., 2000). Wymienione geny odporności zaszeregowano do 5 grup trójkowych (wartość wirulentnych reakcji podano w nawiasach): pierwsza trójka

Lr1(1), *Lr2a*(2), *Lr2b*(4), druga *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, trzecia *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, czwarta *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, piąta *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*. Patotypy oznaczono cyframi na podstawie informacji odnośnie wirulencji/awirulencji dla danej trójki oznaczonych genów w grupach. Wartość dla wirulencji wobec pierwszego, drugiego i trzeciego genu w grupie trójkowej jest 1, 2 i 4 odpowiednio, oraz 0 dla awirulencji. Suma liczb między 0 a 7 oznacza spektrum wirulencji dla wszystkich 3 genów w danej grupie. Tak więc, jeśli patotyp jest wirulentny wobec linii z genami: *Lr3*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr21* i *Lr26* jego kod jest następujący: 02722.

Celem określenia skuteczności poszczególnych genów odporności *Lr* w stadium rośliny dorosłej, linie izogeniczne NIL poddano ocenie na porażenie przez *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* w polu z zastosowaniem inokulacji w latach 2000–2001. Linie wysiano w jednym powtórzeniu po 2 rzędki, z kontrolną odmianą podatną Thatcher (co 5 poletko). Rośliny zakażano w stadium 8–9 wg skali Feekesa przez opryskiwanie zawiesiną uredospor (z dodatkiem Tween 20) sporządzoną z mieszaniny izolatów *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. Inokulowano pas roślin o szerokości 50cm. Ocenę porażenia przeprowadzono według skali 9-stopniowej: 9 — całkowicie odporny, 1 — bardzo wrażliwy.

WYNIKI I DISKUSJA

Częstość wirulentnych izolatów *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* zebranych w latach 1998–2001 przedstawiono w tabeli 2. W omawianym okresie badań obserwowano wysoką frekwencję wirulencji (67–100%) w stosunku do większości genów odporności. Poziom wirulencji nie ulegał zasadniczej zmianie na przestrzeni tych lat. Nie notowano również większego zróżnicowania w zakresie geograficznego rozmieszczenia poszczególnych wirulencji na terenie kraju. W porównaniu z poprzednim okresem badań prowadzonych w latach 1994–1997 (Strzembicka, 1997) obserwowano znacznie niższą frekwencję wirulencji wobec genów *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*.

Niższy poziom wirulencji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* korespondującej z genami *Lr1* i *Lr2a* odnotowano także w innych krajach Europy (Gultyaeva i in., 2000; Manninger 2000; Mesterhazy i in., 2000).

Niewiele genotypów patogena jest zdolnych do porażenia linii z genami *Lr38* i *LrW* zarówno w Polsce (tab. 2), jak i w wielu rejonach Europy (Mesterhazy i in., 2000).

Geny *Lr9*, *Lr19*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr25* należą nadal do wysoce skutecznych na populację *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* występującą w Polsce, w omawianym okresie badań w populacji nie wystąpiły izolaty charakteryzujące się wirulencją w stosunku do tych genów (tab. 2). Badania prowadzone w kraju w poprzednich latach wykazały także brak w populacji grzyba izolatów wirulentnych wobec linii z genami *Lr9*, *Lr19* i *Lr24* (Woźniak-Strzembicka, Gajda, 1995; Strzembicka, 1997).

Tabela 2

Częstość wirulentnych izolatów na liniach izogenicznych z genami *Lr* w Polsce
Frequency of virulent isolates on isogenic lines with *Lr* resistance genes in Poland

<i>Lr</i> gen Gene <i>Lr</i>	Lata Years			
	1998	1999	2000	2001
	%			
<i>Lr 1</i>	16	28	16	21
<i>Lr 2a</i>	11	20	14	13
<i>Lr 2b</i>	19	28	14	22
<i>Lr 2c</i>	42	56	43	40
<i>Lr 3</i>	97	90	95	95
<i>Lr 3bg</i>	97	93	94	93
<i>Lr 3ka</i>	94	92	95	94
<i>Lr 9</i>	0	0	0	0
<i>Lr 10</i>	98	100	100	100
<i>Lr 11</i>	100	100	100	100
<i>Lr 12</i>	100	100	100	100
<i>Lr 13</i>	100	99	100	100
<i>Lr 14a</i>	100	98	100	99
<i>Lr 14b</i>	98	99	99	99
<i>Lr 15</i>	95	94	89	94
<i>Lr 16</i>	100	99	97	99
<i>Lr 17</i>	96	88	93	76
<i>Lr 18</i>	73	68	86	72
<i>Lr 19</i>	0	0	0	0
<i>Lr 20</i>	92	83	80	72
<i>Lr 21</i>	98	98	99	98
<i>Lr 22</i>	98	99	99	100
<i>Lr 23</i>	1	3	0	0
<i>Lr 24</i>	0	0	0	0
<i>Lr 25</i>	0	0	0	0
<i>Lr 26</i>	98	82	73	78
<i>Lr 28</i>	69	66	74	67
<i>Lr 29</i>	68	57	50	76
<i>Lr 30</i>	96	100	99	100
<i>Lr 32</i>	98	100	97	100
<i>Lr 33</i>	100	100	100	100
<i>Lr 34</i>	100	100	100	100
<i>Lr 35</i>	100	100	100	100
<i>Lr 37</i>	96	96	100	100
<i>Lr 38/K</i>	6	16	17	8
<i>Lr 38/MR</i>	13	27	14	11
<i>Lr 44/Tr.sp</i>	94	92	92	89
<i>Lr B</i>	98	100	100	100
<i>Lr W</i>	30	46	4	3
Thatcher	100	100	100	100
Liczba izolatów Number of isolates	330	152	311	303

Geny *Lr9* i *Lr19* są jedynymi w pełni skutecznymi w całej Europie. W większości krajów linie NIL zawierające te geny pozostają wolne od infekcji. Także wirulencja w stosunku do genu *Lr24* i *Lr25* nie występowała w przeważającej części Europy, lub była sporadyczna. Jednak w latach 1998–1999 notowano w stosunku do genu *Lr24* znaczny poziom wirulencji w Bułgarii i Rumunii (30–50%). Przypuszczalnie fakt ten można

tłumaczyć pojawieniem się nowych patotypów rdzy w tej części Europy (Mesterhazy i in., 2000). Znaczny poziom wirulencji korespondującej z genami *Lr9* i *Lr24* od wielu lat notuje się w USA i Kanadzie (Kolmer, 1999; Long i in., 2002). Odmiany z tymi genami były i są powszechnie uprawiane w tych krajach.

Populacja *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* jest złożona, występuje w niej wiele kombinacji wirulencji/awirulencji. W trakcie prac zidentyfikowano dwadzieścia trzy patotypy rdzy na zestawie 15 linii izogenicznych, piętnaście z nich przedstawiono w tabeli 3. Patotypy oznaczone kodem 02722, 02726, 03726 i 53726 występowały z dużą częstotliwością w populacji grzyba we wszystkich 4 latach badań. Większość zidentyfikowanych w Polsce patotypów stwierdzono w populacjach patogena w innych krajach europejskich. Dominujące w kraju patotypy 02722, 03726 notowano także ze znaczną częstotliwością w Bułgarii (Todorova, 1996), natomiast patotypy 03722, 43722, 73722 pojawiające się w Polsce w niewielkim procencie (tab. 3) dominowały w populacji rdzy na Węgrzech (Manninger, 2000).

Tabela 3

Patotypy rdzy brunatnej *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* zidentyfikowane w Polsce w latach 1998–2001
Pathotypes of wheat leaf rust *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* identified in Poland in the years 1998–2001

Patotyp Pathotype	Wirulencja /gen <i>Lr</i> Virulent / <i>Lr</i> gene	Lata Years			
		1998	1999	2000	2001
02320	3,11,15,21			3,2	3,6
02322	3,11,15,21,26		3,3		4,3
02326	3,11,15,21,26,28	2,7			
02720	3,11,15,17,21		2,6	2,3	3,3
02722	3,11,15,17,21,26	17,0	22,3	19,6	16,8
02724	3,11,15,17,21,28			6,4	6,6
02726	3,11,15,17,21,26,28	25,4	19,7	12,5	13,2
03720	2c,3,11,15,17,21			3,2	3,6
03722	2c,3,11,15,17,21,26	4,2		3,2	4,3
03726	20,3,11,15,17,21,26,28	14,6	23,0	13,5	14,8
12726	1,3,11,15,17,21,26,28	5,2		3,2	2,3
13726	1,2c,3,11,15,17,21,26,28	2,7	4,6	2,3	
43722	2b,2c,3,11,15,17,21,26	4,2	3,3	2,3	
53726	1,2b,2c,3,11,15,17,21,26,28	12,1	13,1	11,6	13,2
73722	1,2a,2b,2c,3,11,15,17,21,26		3,3	2,3	2,6
Ogółem Total		88,1	95,2	85,6	88,6
Inne Other		11,9	4,8	14,4	11,4
Liczba izolatów No. of isolates		330	152	311	303

Według badaczy dominujące w krajach europejskich w populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* patotypy stanowią ok. 16–30% populacji. Jednak w większości populacja patogena złożona jest z wielu patotypów, których frekwencja jest bardzo niska. Te dane wskazują na dużą genetyczną różnorodność europejskiej populacji tego gatunku grzyba, szczególnie dotyczy to południowo-wschodnich rejonów Europy (Mesterhazy i in., 2000).

Wysoką odporność w fazie rośliny dorosłej w warunkach polowych wykazały linie z genami *Lr9*, *Lr13*, *Lr19*, *Lr22*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr35*, *Lr37* (tab. 4). Spośród tych wymienionych geny *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* i *Lr25* należą do wysoce skutecznych zarówno w stadium siewek, jak i w stadium rośliny dorosłej, pozostałe charakteryzuje wysoka efektywność jedynie w stadium rośliny dorosłej (tab. 5).

Tabela 4

Porażenie rdzą brunatną linii izogenicznych w warunkach polowych w 2000–2001
Leaf rust severity on the near-isogenic lines, field conditions in 2000–2001

Gen <i>Lr</i> <i>Lr</i> gene	Lata Years	
	2000	2001
<i>Lr1</i>	6*	5
<i>Lr2a</i>	5	6
<i>Lr2b</i>	5	4
<i>Lr2c</i>	5	4
<i>Lr3</i>	5	4
<i>Lr3bg</i>	5	4
<i>Lr3ka</i>	3	4
<i>Lr9</i>	9	9
<i>Lr10</i>	5	5
<i>Lr11</i>	5	4
<i>Lr12</i>	6	6
<i>Lr 13</i>	7	7
<i>Lr14</i>	5	4
<i>Lr14b</i>	5	4
<i>Lr15</i>	5	3
<i>Lr 16</i>	4	3
<i>Lr17</i>	6	6
<i>Lr18</i>	6	6
<i>Lr19</i>	9	9
<i>Lr20</i>	6	5
<i>Lr21</i>	6	6
<i>Lr22</i>	7	7
<i>Lr23</i>	6	6
<i>Lr24</i>	9	9
<i>Lr 25</i>	8	7
<i>Lr26</i>	5	4
<i>Lr28</i>	6	6
<i>Lr29</i>	9	8
<i>Lr30</i>	5	4
<i>Lr32</i>	6	6
<i>Lr33</i>	5	4
<i>Lr34</i>	8	8
<i>Lr35</i>	9	9
<i>Lr37</i>	9	8
<i>Lr38/K</i>	6	6
<i>Lr38/MR</i>	6	6
<i>Lr44</i>	6	6
<i>LrB</i>	6	5
<i>LrW</i>	6	6
Tc-kontrola	3	3

*Skala: 9 — Odporny, 1 — Wrażliwy; Scale: 9 — Resistant, 1 — Susceptible

Tabela 5

Skuteczność genów odporności *Lr* na rdzę brunatną w stadium siewek i w stadium rośliny dorosłej
Effectiveness of resistance genes against wheat leaf rust at seedling and adult stage

Geny odporności Resistance genes					
nieefektywne ineffective		efektywne effective		średnio efektywne moderately effective	
stadium stage					
siewki seedling	rośliny dorosłej adult plant	siewki seedling	rośliny dorosłej adult plant	siewki seedling	rośliny dorosłej adult plant
Lr3,Lr3bg	Lr2b,Lr2c	Lr9	Lr9	Lr1	Lr1
Lr3ka,Lr10	Lr3,Lr3bg	Lr19	Lr13	Lr2a	Lr2a
Lr11,Lr12	Lr3k,Lr10	Lr23	Lr19	Lr2b	Lr12
Lr13,Lr14a	Lr11,Lr14a	Lr24	Lr22	Lr28	Lr17
Lr14b,Lr15	Lr14b,Lr15	Lr25	Lr24	Lr38K	Lr18
Lr16,Lr17	Lr16,Lr26		Lr25	Lr38MR	Lr20
Lr18,Lr20	Lr30,Lr33		Lr29	LrW	Lr21
Lr21,Lr22	LrB		Lr34		Lr23
Lr26,Lr30			Lr35		Lr28
Lr32,Lr33			Lr37		Lr32
Lr34,Lr35					Lr38K
Lr37,Lr44					Lr38MR
LrB					Lr44
					LrW

W Europie, w tym w Polsce jednymi z najbardziej powszechnych genów odporności pszenicy są głównie geny *Lr3*, *Lr10*, *Lr13*, *Lr26*, częściowo *Lr37* oraz ich kombinacje (Winzeler i in., 2000). Częstość wirulencji w stosunku do tych genów jest wysoka, z powodu szybkiej adaptacji populacji patogena.

Według licznych autorów (Roelfs i in., 1992; McIntosh i in., 1995; Winzeler i in., 2000; Messmer i in., 2000) w zwalczaniu i ograniczeniu rozprzestrzeniania się rdzy istotne znaczenie ma wprowadzenie do uprawy odmian, które warunkowałyby bardziej trwałą odporność. Podstawą do uzyskania tego typu odporności na rdzę brunatną pszenicy są kombinacje (piramidowanie) kilku genów kontrolujących odporność w stadium rośliny dorosłej lub ich kombinacje z genami odporności specyficznej w fazie siewek. Według ostatnich doniesień (Mesterhazy i in., 2000; Winzeler i in., 2000; Messmer i in., 2000) gen *Lr34* w kombinacji z innymi genami warunkuje najbardziej trwały typ odporności, podczas gdy obecność tego genu w odmianach pojedynczo nie gwarantuje długotrwałej odporności.

WNIOSKI

1. Prowadzony corocznie przegląd patogeniczności *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* jest jedynym sposobem, który ujawnia zmiany w populacji patogena, w kontekście głównych genów odporności pszenicy *Lr*.
2. Prace dają informacje o skuteczności genów odporności na populację patogena i są niezbędne dla tworzenia programów hodowli odmian odpornych na rdzę.

LITERATURA

- Arseniuk E. 1996. Triticale diseases — a review. In: Triticale: today and tomorrow (H. Guedes-Pinto (ed.) Kluwer Acad. Publishers, Dordrecht: 499 — 525.
- Gulyaeva E., Walther U., Kopahnke D., Mikhailova L. 2000. Virulence of *Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *tritici* in Germany and European part of Russia in 1996–1999. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica 35 (1–4): 409 — 412.
- Kolmer J. A. 1999. Physiologic specialization of *Puccinia triticina* in Canada, 1997. Plant Dis. 83: 194 — 197.
- Long D. L., Kolmer J. A., Leonard K. J., Hughes M. E. 2002. Physiologic specialization of *Puccinia triticina* on wheat in the United States in 2000. Plant Dis. 86, No. 9: 981 — 986.
- Manninger K. 2000. Virulence survey of wheat leaf rust in Hungary: races / pathotypes in 1999. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica 35 (1–4): 421 — 428.
- McIntosh R. A., Wellings C. R., Park R. F. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. CSIRO. Australia. Kluwer Acad. Publ., Dordrecht: 200 pp.
- Messmer M. M., Seyfarth R., Keller M., Schachermayr G., Winzeler M., Zanetti S., Feuillet C., Keller B. 2000. Genetic analysis of durable leaf rust resistance in winter wheat. Theor. Appl. Genet. 100: 419 — 431.
- Mesterhazy A., Bartos P., Goyeau H., Niks E. R., Csoos M., Andersen O., Casulli F., Ittu M., Jones E., Ministerski J., Manninger K., Pasquini M., Rubiales D., Schachermayr G., Strzembicka A., Szunics I., Todorova M., Unger O., Vanco B., Vida G., Walther U. 2000. European virulence survey for leaf rust in wheat. Agronomie. 20: 793 — 804.
- Park R. F., Felsenstein F. G. 1998. Physiological specialization and pathotype distribution of leaf rust of wheat in Western Europe, 1995. Plant Pathol. 47: 157 — 164.
- Roelfs A. P., Singh R. O. Saari E. E. 1992. Rust Disease of Wheat. Concepts and methods of disease management. CIMMYT Mexico: 81 pp.
- Strzembicka A. 1997. Virulence of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Poland. J. Appl. Genet. 38B: 101 — 105.
- Strzembicka A., Węgrzyn S., Grzesik H. 1998. Ocena materiałów hodowlanych pszenżyta pod względem odporności na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f.sp.*tritici*) Biul. IHAR 205/206: 273 — 277.
- Todorova M. 1996. Pathotype specialization of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Bulgaria during 1973–1993. Cereal Rusts and Powdery Mildews Bull. 24: 54 — 59.
- Winzeler M., Mesterhazy A., Park R. F., Bartos P., Csoos M., Goyeau H., Ittu M., Jones E., Loschenberger F., Manninger K., Pasquini M., Richter K., Rubiales D., Schachermayr G., Strzembicka A., Trotter M., Unger O., Vida G., Walther U. 2000. Resistance of European winter wheat germplasm to leaf rust. Agronomie 20: 783 — 792.
- Woźniak-Strzembicka A., Gajda Z. 1965. Struktura populacji rdzy brunatnej pszenicy (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) w Polsce. Biul. IHAR. 194: 183 — 187.

ANNA WOŹNIAK-STRZEMBICKA

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Rdza żółta pszenicy w Polsce: częstość wirulencji w populacji patogena

Wheat yellow rust in Poland: virulence frequencies in pathogen population

Rdza żółta pszenicy powodowana przez grzyb *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* występuje w ostatnich latach w coraz większym nasileniu na zasiewach pszenicy w Polsce. W latach 1999–2001 prowadzono prace nad chorobotwórczością tego patogena. Określono częstość wirulencji 225 izolatów zebranych głównie w północno-zachodnich rejonach kraju. Izolaty testowano w stadium siewek, na zestawie różnicującym World/European set z genami odporności *Yr*. Obserwowano wysoką częstość wirulencji patogena (90–100%) wobec genów *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *YrSD*, *YrCV*, *Yr2+Yr6*, *Yr3a+Yr4a*. Niski poziom wirulencji notowano w stosunku do genów *Yr10*, *YrSu*, *YrA+Yr6*. W omawianym okresie badań notowano wzrost poziomu wirulencji wobec genu *Yr9*. Żaden izolat nie wykazał wirulencji w stosunku do genów *Yr7*, *Yr17*, *YrA*, *Yr6+Yr7*. Zidentyfikowano siedem patotypów w populacji rdzy żółtej. Określono efektywność genów odporności w stadium rośliny dorosłej, do najbardziej skutecznych należą geny *Yr7*, *Yr17*, *YrA*, *Yr6+Yr7*, *YrA+Yr6*.

Słowa kluczowe: geny odporności, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, wirulencja

Yellow rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, is becoming more and more a serious threat to wheat cultivation in Poland. Pathogenicity of the pathogen population was investigated in 1999–2001. Variation in virulence was estimated for 225 isolates of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* collected mainly in north-western regions of the country. These isolates were tested for virulence on seedlings of the World / European differential set with *Yr* the resistance genes. Virulence frequency for the resistance genes *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *YrSD*, *YrCV*, *Yr2+Yr6*, *Yr3a+Yr4a* was very high (90–100%). Virulence to the *Yr10*, *YrSu*, *YrA+Yr6* was generally low. Frequency of virulence for the *Yr9* slowly increased from year to year. No virulence was found to resistance genes *Yr7*, *Yr17*, *YrA*, *Yr6+Yr7*. Seven pathotypes were identified in the yellow rust population. The differential cultivars were tested also in the field under artificial inoculation with mixture of isolates of the pathogen. In adult stage the genes *Yr7*, *Yr17*, *YrA*, *Yr6+Yr7*, *YrA+Yr6* provided full protection against population of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*.

Key words: *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, resistance genes, virulence

WSTĘP

Występowanie tego lub innego gatunku rdzy na zbożach uzależnione jest w dużym stopniu od warunków klimatycznych. Wśród trzech gatunków rdzy porażających pszenice,

rdza żółta *Puccinia striiformis* Westend f. sp. *tritici* charakteryzuje się największymi wymaganiami odnośnie wilgotności i największą wrażliwością na wahania temperatury, zwłaszcza w czasie długiego okresu inkubacji. Najdogodniejsze warunki do swego rozwoju znajduje rdza żółta na obszarach pozostających w zasięgu chłodnego klimatu morskiego (Roelfs i in., 1992). Corocznie na zasiewach pszenicy rdza żółta występuje w północno-zachodnich rejonach Europy we Francji, Holandii, Danii, Wielkiej Brytanii i północnych Niemczech. W niektórych rejonach wymienionych krajów w ostatnich latach nawet w epidemicznym nasileniu (Bayles, Stigwood, 1996; Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001). W sprzyjających latach notuje się także znaczne występowanie rdzy żółtej w południowych rejonach Europy, w Czechosłowacji (Bartos i in., 1991), we Włoszech (Wang, Pasquini, 1999). Choroba jest powszechna w zachodnich rejonach Ameryki Północnej, górskich Ameryki Południowej, na obszarach centralnej i zachodniej Azji, w Australii (Stubbs, 1988; Wellings, Macintosh, 1990; Roelfs i in., 1992). Straty w plonach sięgają od 15–30%, w rejonach epidemii są znacznie wyższe, mogą sięgać nawet do 70% (McIntosh i in., 1995).

W Polsce zagadnienie rdzy żółtej nie stanowiło do tej pory większego problemu, pojawiała się ona sporadycznie, chociaż w 1967 roku wystąpiła w epidemicznym nasileniu, na pszenicach ozimych i jarych powodując znaczne straty w plonach (Muszyńska, 1969). Także w ostatnich latach notuje się większe nasilenie tej choroby na zasiewach pszenicy, również niektórych form pszenżyta, zwłaszcza na terenach północno-zachodnich naszego kraju (Zamorski i in., 2001). *Puccinia striiformis* jest patogenem o dużych zdolnościach adaptacyjnych, co przy jednoczesnej możliwości przenoszenia zarodników przez wiatr na duże odległości powoduje szybkie rozprzestrzenienie się nowych, wirulentnych genotypów (Hermansen i in., 1978). Biorąc pod uwagę powyższe fakty, również ostatnio sprzyjające warunki klimatyczne w kraju, należy liczyć się z częstszym występowaniem choroby. Zaistniała zatem konieczność zwrócenia baczniejszej uwagi na ten gatunek rdzy i podjęcie badań jego chorobotwórczości. Celem niniejszej pracy było określenie wirulencji populacji *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* występującej w Polsce w latach 1999–2001.

MATERIAŁ I METODY

Liście pszenicy i pszenżyta z objawami rdzy żółtej zebrano w kilku miejscowościach, głównie w północno-zachodniej i centralnej części kraju. Z próbek wyprowadzono pojedyncze izolaty *Puccinia striiformis*, które rozmnażano na podatnej odmianie pszenicy Michigan Amber. Izolaty grzyba testowano na zestawie 23 odmian różnicujących. Ogółem w latach 1999–2001 analizowano 225 izolatów. Analizę wirulencji i reakcję siewek odmian testowych przeprowadzono na obciętych liściach wg metod opisanych przez innych autorów (Wang, Pasquini, 1999). Segmenty pierwszego liścia o długości 5 cm umieszczano na szalkach Petriego zawierających pożywkę agarowo- benzimidazolową (80 mg benzimidazolu, 10 g agaru, 1000 ml destylowanej wody) i inokulowano zarodnikami poszczególnych izolatów. Szalki umieszczano w komorze klimatycznej/temp. 15°C, 14/10 godz., dzień/noc. Po 14 dniach inkubacji określono typ infekcji według skali: 0:1,2 — jako odporny/ awirulencja, 3, 4 — wrażliwy/wirulencja. Określono procent wirulentnych

izolatów *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* w stosunku do odmian z genami odporności Yr. W pracy stosowano zestaw różnicujący — seria międzynarodowa i europejska W/E (World/European set) — zaproponowany przez Johnsona i wsp. (1972). Dodatkowo użyto kilku australijskich odmian z określonymi genami odporności Yr z kolekcji własnej (tab. 1).

Przeprowadzono ocenę reakcji odmian testowych na porażenie przez *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* w warunkach polowych w stadium rośliny dorosłej w latach 2000–2001. Odmiany wysiano w jednym powtórzeniu, po 2 rzędkie, z kontrolną odmianą Michigan Amber. Rośliny inokulowano w stadium 9–10 według skali Feekesa przez oprysk zawiesiną uredospor sporządzoną z mieszaniny izolatów grzyba. Inokulowano pas roślin o szerokości 50 cm każdego dwurzędkowego poletka. Wariant kontrolny stanowiły rośliny niezakażane z przeciwnej strony poletka oraz odmiana podatna. Nasilenie choroby i typ infekcji oszacowano stosując zmodyfikowaną, procentową skalę Cobba (Roelfs i in., 1992). Skala uwzględnia procent powierzchni liści pokrytej plamami nekrotycznymi, zarodnikami rdzy z chlorozą lub bez np. 5R, 30MR, 50MS, 70S, T, gdzie: R — odporny, MR — średnio odporny, MS — średnio wrażliwy, S — wrażliwy, T — ślad.

WYNIKI I DYSKUSJA

Odmiany wchodzące w skład zestawu testowego zawierają ważne geny odporności na rdzę żółtą, pojedyncze bądź w kombinacji, stosowane w hodowli i uprawie pszenicy w Europie i świecie (McIntosh i in., 1995). Częstość wirulencji korespondujących z wymienionymi źródłami odporności przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1

Częstość wirulentnych izolatów *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* zebranych w Polsce w latach 1999–2001
Frequency of virulent isolates of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* collected in Poland in the years 1999–2001

Odmiany różnicujące Differential cultivars	Geny Yr Yr- Genes	Lata — Years		
		1999	2000	2001
		częstość (%) — frequency		
1	2	3	4	5
Seria międzynarodowa* International series				
Chinese 166	Yr1	90	100	93
Lee	Yr7	0	0	0
Heines Kolben	Yr2Yr6	100	100	100
Vilmorin 23	Yr3	100	100	100
Moro	Yr10	32	34	33
Strubes Dickkopf	YrSD	100	100	100
Suvon 92/Omar	YrSu	28	26	33
Clement	Yr9	18	25	42

c. d. Tabela 1

1	2	3	4	5
Seria europejska*				
European series				
Hybrid 46	Yr4	100	100	100
Heines Peko	Yr2Yr6	100	100	100
Nord Desprez	Yr3aYr4a	100	100	100
Compair	Yr8	41	43	46
CarstenV	YrCV	100	100	100
Spaldings Prolific	YrSP	60	52	54
Heines VII	Yr2	100	100	100
Seria dodatkowa				
Additional series				
Darter	Yr6	57	61	59
Wilgoyne	Yr7	0	0	0
Sunstate	Yr17	0	0	0
Sunland	YrA	0	0	0
Rowan	Yr6Yr7	0	0	0
Pulsar	YrAYr6	30	23	27
Michigan Amber	—	100	100	100
Liczba izolatów				
Number of isolates		43	110	72

* Johnson i wsp. (1972)

* Johnson et al. (1972)

Wyniki otrzymane w latach 1999–2001 wskazują, że geny *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *YrSD*, *YrCV* oraz kombinacje genów *Yr2* + *Yr6*, *Yr3a* + *Yr4a* są wysoce nieefektywne, ponieważ w populacji *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* obserwowano wysoką frekwencję (90–100%) izolatów zdolnych do porażenia odmian z tymi genami. Powszechnie wiadomo, że im wyższa częstość korespondującej wirulencji tym mniejsza efektywność danego źródła odporności. Niższy poziom wirulencji notowano w stosunku do odmian z genami *Yr8* (41–46%), *YrSP* (52–60%), *Yr6* (57–61%), przy czym ten poziom nie ulegał zmianie na przestrzeni badanych lat. W stosunku do genów *Yr10* i *YrSu* oraz kombinacji *YrA* + *Yr6* obserwowano znacznie niższą (ok. 30%), niezmienną częstość wirulencji (tab. 1). W omawianym okresie badań notowano stały wzrost poziomu wirulencji korespondującej z genem *Yr9* (18–42%). W krajowej populacji rdzy nie stwierdzono izolatów zdolnych do porażenia odmian z genami *Yr7*, *Yr17*, *YrA* oraz kombinacją genów *Yr6* + *Yr7*.

W trakcie badań zidentyfikowano 7 patotypów — kombinacji wirulencji/awirulencji izolatów *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* w stosunku do odmian testowych (tab. 2). Nie notowano zasadniczych różnic w częstotliwości występowania poszczególnych patotypów w populacji grzyba. Wyjątek stanowią patotypy (b, e) odznaczające się wirulencją wobec genu *Yr9*, które w ostatnim roku badań wystąpiły z większą frekwencją. Nie stwierdzono obecności tych patotypów w izolatach pochodzących z form pszenżyta.

Systematyczne prace nad chorobotwórczością *Puccinia striiformis* są prowadzone w Europie i na innych kontynentach od początku lat siedemdziesiątych (Johnson i in., 1972; Johnson, Taylor, 1976; Stubbs, 1980; Roelfs i in., 1992). Zastosowanie zestawu testowego W/E (World /European set) dla analizy struktury populacji *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* pozwoliło na porównanie otrzymanych wyników z rezultatami badań prowa-

dzonych, zwłaszcza w ostatnich latach, przez innych autorów (Bayles i in., 1990; de Vallavieille-Pope, Line, 1990; Wellings, Macintosh, 1990; Bartos i in., 1991; Wang, Pasquini, 1999; Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001). Znaczny poziom wirulencji korespondujący z genami *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *Yr3a+4a*, *YrCV*, *YrSD*, *Yr SP* odnotowano także w Czechach (Bartos i in., 1991), w północno-zachodniej Europie (Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001), we Włoszech (Wang, Pasquini, 1999). Obserwuje się zróżnicowany poziom wirulencji w Europie i na świecie w stosunku do genu *Yr9* (translokacja *1B/1R*). Wysoką częstość notuje się od początku lat osiemdziesiątych w Danii, Francji, Niemczech, Wielkiej Brytanii (Bayles i in., 1990; de Vallavieille-Pope i in., 1990; Bayles, Stigwood, 1996; Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001). Epidemiczne wystąpienie rdzy żółtej w latach 1988–1989 w Wielkiej Brytanii na wielu odmianach, głównie na odmianie Sleafmora było spowodowane gwałtownym zwiększeniem wirulencji wobec *Yr9* w populacji patogena (Bayles i in., 1990). W południowych rejonach Europy — Czechy, Włochy notowano niższy udział wirulentnych izolatów w stosunku do genu *Yr9* (Bartos i in., 1991; Wang, Pasquini, 1999).

Tabela 2

Patotypy *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* zidentyfikowane w Polsce w latach 1999–2001
Pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* identified in Poland in the years 1999–2001

Gen Gene	Patotyp Pathotype						
	a	b	c	d	e	f	g
<i>Yr1</i>	V*	V	V	V	V	V	
<i>Yr2</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>Yr3</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>Yr4</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>Yr6</i>	V	V	V				V
<i>Yr7</i>							
<i>Yr8</i>	V	V	V				
<i>Yr9</i>		V			V		
<i>Yr10</i>		V	V				V
<i>Yr17</i>							
<i>YrA</i>							
<i>YrCV</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>YrSD</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>YrSP</i>	V			V		V	
<i>YrSu</i>		V				V	
<i>Yr3a + 4a</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>Yr2 + 6</i>	V	V	V	V	V	V	V
<i>Yr6 + 7</i>							
<i>YrA + 6</i>		V	V				

*V = Wirulencja; Puste miejsce = Awirulencja

*V = Virulent; Blank = Avirulent

W Polsce według prezentowanych w niniejszej pracy wyników, częstość tej wirulencji sukcesywnie wzrastała (18–42%). Natomiast na innych kontynentach, w Ameryce Północnej, Australii nie stwierdzono wirulencji wobec *Yr9*, co jest zapewne konsekwencją małego wykorzystania tego genu w hodowli (de Vallavieille-Pope, Line 1990; Wellings, Macintosh, 1990; Roelfs i in., 1992; McIntosh i in., 1995).

W Europie notuje się brak lub niski poziom wirulencji korespondującej z genami *Yr7*, *YrA* (Bartos i in., 1991; Bayles, Stigwood, 1996; Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001). Wysokie częstości wirulencji w stosunku do tych genów notowano na innych kontynentach, głównie w Australii, gdzie odporność u wielu odmian jest kontrolowana właśnie tymi genami (Wellings, Macintosh, 1990; McIntosh i in., 1995). Gen *Yr17* warunkujący odporność na *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* został wprowadzony do odmian pszenicy w krajach Europy północnej w połowie lat siedemdziesiątych. W populacji patogena nie notowano wirulencji korespondującej z tym genem, aż do 1994 roku, wówczas po raz pierwszy zidentyfikowano w Wielkiej Brytanii i Danii genotypy patogena zdolne do porażenia źródeł odporności z *Yr17*. Od tego czasu częstość wirulencji sukcesywnie wzrasta w tych krajach, zaś od 1997 roku także we Francji i Niemczech. Badacze tłumaczą to popularnością w uprawie odmian z genem *Yr17* (np. Brigadier, Hussar) jak również migracją zarodników (Bayles, Stigwood, 1996; Bayles i in., 2000; Hovmoller, 2001).

Tabela 3

Reakcja odmian różnicujących na populację rdzy żółtej w stadium rośliny dorosłej w latach 2000 i 2001, Kraków

Adult plant responses of differential cultivars to yellow rust population during 2000 and 2001, Kraków

Odmiana Cultivar	Gen Gene	Lata Years	
		2000	2001
Chinese 166	<i>Yr1</i>	5R*	10MR
Lee	<i>Yr7</i>	R	R
Heines Kolben	<i>Yr2Yr6</i>	20MS	40MS
Vilmorin 23	<i>Yr3</i>	5MR	TMR
Moro	<i>Yr10</i>	30S	40S
Strubes Dickkopf	<i>YrSD</i>	10MR	10MR
Suvon 92/Omar	<i>YrSu</i>	40MS	30MS
Clement	<i>Yr9</i>	20MR	30MS
Hybrid 46	<i>Yr4</i>	20MS	40MS
Heines Peko	<i>Yr2Yr6</i>	30MS	30MS
Nord Desprez	<i>Yr3aYr4a</i>	40MS	50MS
Compair	<i>Yr8</i>	20S	20S
CarstenV	<i>YrCV</i>	30S	20S
Spaldings Prolific	<i>YrSP</i>	20MS	30MS
Heines VII	<i>Yr2</i>	10S	20S
Darter	<i>Yr6</i>	5MR	TMR
Wilgoyne	<i>Yr7</i>	R	R
Sunstate	<i>Yr17</i>	R	R
Sunland	<i>YrA</i>	R	R
Rowan	<i>Yr6Yr7</i>	R	R
Pulsar	<i>YrAYr6</i>	R	5R
Michigan Amber	—	70S	80S

* Według zmodyfikowanej procentowej skali Cobba: R — Odporny, T — Ślad

MR — Średnio odporny, MS = Średnio wrażliwy, S — Wrażliwy

* Scoring according to the modified Cobb's scale: R — Resistant, T — Trace

MR — Moderately resistant, MS — Moderately susceptible, S — Susceptible

Ocena odporności odmian różnicujących na rdzę żółtą w warunkach polowych, z zastosowaniem inokulacji populacją grzyba, pozwoliła określić efektywność znanych genów odporności w stadium rośliny dorosłej. W omawianym okresie badań były sprzy-

jające warunki do przeprowadzenia inokulacji i rozwoju choroby wczesną wiosną (niższe temperatury i odpowiednia wilgotność). Podatna, kontrolna odmiana Michigan Amber uległa znacznemu porażeniu. Wyniki wykazały, że do najbardziej skutecznych na krajową populację należą geny *Yr7*, *Yr17*, *YrA*, oraz kombinacja *Yr6Yr7* i *YrAYr6* (tab. 3).

Odporność pszenicy na rdzę żółtą tradycyjnie oparta na wykorzystaniu głównych genów odporności jest krótkotrwała wskutek zdolności przystosowawczych patogena. Jednym z powodów szybkiej adaptacji populacji patogena jest powszechne użycie pojedynczych głównych genów odporności. Przytoczony wyżej przykład „załamania” się odporności kontrolowanej genem *Yr17* jest tego dowodem. W wielu pracach, zwłaszcza w krajach gdzie rdza żółta występuje powszechnie, badacze kładą nacisk na konieczność rozpoznania i eksploatacji bardziej trwałej odporności, warunkowanej najczęściej kombinacją kilku genów, kontrolujących odporność w stadium rośliny dorosłej z genami odporności specyficznej w fazie siewek (Stubbs, 1988; Roelfs i in., 1992; McIntosh i in., 2001).

PODSUMOWANIE

Pojawienie się rdzy żółtej w ostatnich latach w Polsce, w silniejszym stopniu może być początkiem corocznego jej występowania, zwłaszcza przy sprzyjających warunkach klimatycznych. Przytoczone wyniki analizy struktury populacji *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, częstotliwości wirulencji dostarczyły informacji o skuteczności genów odporności na rdzę żółtą. Systematyczny przegląd wirulencji jak i ocena odporności winny być kontynuowane jako ważny, pierwszy etap procesu hodowli odpornościowej.

LITERATURA

- Bartos P., Stuchlikova E., Hanusova R., Sklenickova J. 1991. Odolnost odrud a novoslechteni psenice ke rzi plevove. Genet. a Slecht. 27. (2/3): 157 — 168.
- Bayles R. A., Channell M. H., Stigwood P. L. 1990. Yellow rust of wheat. UK Cereal Pathogen Virulence Survey, Annu. Rep. for 1989: 11 — 17.
- Bayles R. A., Stigwood P. L. 1996. Yellow rust of wheat. UK Cereal Pathogen Virulence Survey, Annu. Rep. for 1995: 13 — 17.
- Bayles R. A., Flath K., Hovmoller M. S., de Vallavieille-Pope C. 2000. Breakdown of the *Yr17* resistance to yellow rust of wheat in northern Europe. Agronomie 20: 805 — 811.
- de Vallavieille-Pope C., Line R. F. 1990. Virulence of North American and European races of *Puccinia striiformis* on North American, world and European differential wheat cultivars. Plant Dis. 74: 739 — 743.
- de Vallavieille-Pope C., Picard-Formery H., Radulovic S., Johnson R. 1990. Specific resistance factors to yellow rust in seedlings of some French wheat varieties and races of *Puccinia striiformis* Westend in France. Agronomie (Paris) 2: 101 — 113.
- Hermansen J. E., Torp U., Phram L. P. 1978. Studies of transport of live spores of cereal mildew and rust fungi across the North Sea. Grana 17: 41 — 46.
- Hovmoller M. S. 2001. Disease severity and pathotype dynamics of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Denmark. Plant Pathology 50: 181 — 189.
- Johnson R., Stubbs R. W., Fuchs E., Chamberlain N. H. 1972. Nomenclature for physiologic races of *Puccinia striiformis* infecting wheat. Trans. Br. Mycol. Soc. 58 (3): 475 — 480.
- Johnson R., Taylor A. J. 1976. Yellow rust of wheat. Plant Breeding Institute Cambridge. Annual Report: 106 — 109.

- McIntosh R. A., Wellings C. R., Park R. F. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. CSIRO. Australia. Kluwer Acad.Publ., Dordrecht: 200 pp.
- McIntosh R. A., Bariana H. S., Park R. F., Wellings C. R. 2001. Aspects of wheat rust research in Australia. *Euphytica* 119: 115 — 120.
- Muszyńska K. 1969. Niepokojące nasilenie rdzy żółtej (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* Erikss.) w Polsce. *Hod. Rośl. Aklim.* 13/ 1: 77 — 82.
- Roelfs A. P., Singh R. O., Saari E. E. 1992. Rust disease of wheat. Concepts and methods of disease management. CIMMYT Mexico: 81 pp.
- Stubbs R. W. 1980. Yellow rust in Europe. Research Institute for Plant Protection, Wageningen, The Netherlands, Annual Report: 27 — 29.
- Stubbs R. W. 1988. Pathogenicity analysis of yellow (stripe) rust of wheat and its significance in a global context. In: Breeding strategies for resistance to the rust of wheat: 23 — 38.
- Wang F., Pasquini M. 1999. Virulence of wheat stripe rust in Italy. *Cereal Rusts and Powdery Mildews Bulletin*. Vol. 27: 1 — 8.
- Wellings C. R., McIntosh R. A. 1990. *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Australasia: pathogenic changes during the first 10 years. *Plant Pathology* 39: 316 — 325.
- Zamorski C., Nowicki B., Wakuliński W., Schollenberger M. 2001. Reakcje genotypów pszenicy i pszenżyta na porażenie przez *Puccinia striiformis* Westend. *Prog. Plant Protection / Post. Ochr. Roślin* 41 (2): 947 — 950.

WALENTY MAĆKOWIAK

Emerytowany hodowca i dyrektor Zakładu Doświadczalnego Hodowli i Aklimatyzacji Roślin „Małyszyn”

Ocena postępu i strategiczne kierunki hodowli pszenżyta w Polsce

Estimation of progress and strategic directions of triticale breeding in Poland

W pracy przedstawiono osiągnięcia i niektóre problemy hodowli pszenżyta w Polsce, a następnie jej główne kierunki. Dzięki dużemu postępowi hodowli pszenżyto stało się piątym gatunkiem zboża w Polsce uprawianym głównie na glebach średnich. Dotychczas w rejestrze wpisano 47 odmian pszenżyta, w tym 40 ozimych i 7 jarych. Większość zarejestrowanych odmian na prawach udzielanych licencji zostało wprowadzonych do uprawy w wielu krajach świata. Siedem odmian zarejestrowano wyłącznie na export. Z polskich odmian największe znaczenie za granicą w latach 90. zyskały Ugo i Presto. Obecnie za granicą uprawiane są kolejne pełne, polskie odmiany. Dla zwiększenia konkurencyjności pszenżyta w stosunku do innych gatunków zbóż i zwiększenia dochodowości z jego uprawy, należy poprawić niektóre ważne cechy. Za strategiczne kierunki hodowli pszenżyta należy uznać: polepszenie właściwości technologicznych odmian, w tym szczególnie zwiększenie liczby opadania. Dalsze zwiększenie wysokości a przede wszystkim wierności plonowania. Zboże to głównie jest uprawiane na glebach średnich i dlatego należy zwrócić uwagę na zwiększenie tolerancji odmian na słabsze warunki glebowo-klimatyczne (niskie pH, suszę). Ponadto istotne jest zwiększenie krzewienia produkcyjnego i przyspieszenia faz rozwojowych roślin, szczególnie u pszenżyta jarego. Jednym z ważniejszych zadań jest poprawienie odporności roślin na wymarzenie, wyłęganie i choroby, zwłaszcza rdze i septoriozy. Do realizacji tych celów winno się wykorzystać obok stosowania tradycyjnych metod hodowli, przede wszystkim inżynierię chromosomową, technikę podwojonych haploidów oraz markery molekularne.

Słowa kluczowe: heterozja, odmiana, odporność, plon ziarna, pszenżyto, tolerancja na glin, wartość wypiekowa

In this paper some achievements and problems of Polish triticale breeding were described, as well as its major breeding directions. Thanks to a great breeding progress, triticale has become in Poland the fifth cereal species which is grown mainly on poor soils. Up to now 47 triticale varieties have been registered (40 winter and 7 spring type). Most of them were introduced into many countries. Seven varieties were recorded exclusively for export. The Polish cultivars Ugo (Modus) and Presto (Almo) accomplished in the nineties the major importance in many European countries. At present, other good yielding Polish varieties are cultivated abroad. To enhance the competitiveness of triticale in relation to other cereals and to increase its profitability some important traits ought to be improved. Betterment of baking quality, especially the falling number, should be recognized as the major breeding purpose. There are also other goals as: high level and stability of yield, acid-soil and drought tolerance, enhancing of tillering and acceleration of growth phases (especially for spring type). Of course winter hardiness, lodging resistance and immunity (especially to rust and septoria diseases) are also very important

breeders' tasks. New breeding methods as chromosome engineering, double-haploids technique and molecular markers have to be used regardless of traditional breeding approach.

Key words: aluminium tolerance, backing quality, grain yield, heterosis, resistance, triticale

WSTĘP

Od chwili zarejestrowania w Polsce pierwszej odmiany pszenżyta ozimego Hodowli Roślin Danko, jaką była odmiana Lasko, minęło 30 lat (Wolski i in., 2000). Odmiana ta odegrała olbrzymią rolę w rozpowszechnieniu heksaploidalnego pszenżyta w Polsce i na świecie. Hodowlę pszenżyta ozimego i jarego w Polsce prowadziły dwa ośrodki hodowlane: od końca lat 60. Hodowla Roślin Danko i od połowy lat 70 ZD HAR Małyszyn (od 1 lipca 2000 Hodowla Roślin Strzelce Oddział Małyszyn oraz Oddział Borowo). Ośrodki te współpracowały ze sobą, ale jednocześnie na zdrowych zasadach konkurowały. Pierwsze odmiany z Małyszyna zarejestrowano w 1987 roku (pszenżyto ozime Malno i jare — Jago). Ostatnio pierwsze swoje sukcesy w zakresie hodowli odmian pszenżyta odnotowała Hodowla Roślin Szelejewo. Obecnie pszenżyto w Polsce jako piąte zboże ma ugruntowaną pozycję i w obrocie towarowym jest traktowane równorzędnie z innymi gatunkami zbóż.

MATERIAŁY I METODY

Do omówienia problemów i kierunków w hodowli pszenżyta wykorzystano zatwierdzone przez Zakład Roślin Zbożowych IHAR sprawozdania roczne hodowli pszenżyta w ZDHAR Małyszyn za lata 1975–1999. Przeprowadzono 10-letnie doświadczenia z porównywaniem odmian pszenżyta ozimego z żytem i pszenicą ozimą, metodą losowanych bloków na poletkach o powierzchni 10 m², w 4 powtórzeniach i 2 miejscowościach, w przeważającej liczbie doświadczeń na glebie kompleksu żytniego dobrego o lekko kwaśnym odczynie. W doświadczeniach tych w celu wyeliminowania efektów wynikających z różnicy wysokości i rozwoju różnych gatunków roślin, pszenicę ozimą i żyto wysiewano z poletkami ochronnymi. Podstawą danych o powierzchni zasiewów i plonach pszenżyta były kolejne Roczniki Statystyczne. Prezentowane wyniki badań rejestrowych zarówno dotyczące plonowania odmian, jak i atestacji cech oraz analiz przedstawiono wg metodyki przyjętej w COBORU.

OSIĄGNIĘCIA I PROBLEMY HODOWLI

Dzięki szeroko podjętym pracom hodowlanym zarówno w ośrodkach hodowli jak i placówkach naukowych, zwłaszcza w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin i Akademii Rolniczej w Lublinie, w minionym okresie osiągnięto dobre wyniki w zakresie wytwarzania coraz nowszych i lepszych odmian (Maćkowiak i in., 1998; Wolski i in., 1998). W tabeli 1 przedstawiono odmiany, które wyhodowano w poszczególnych firmach i latach i zostały zarejestrowane w naszym kraju (Banaszak i in., 2002; Cichy i in., 2002). Na warunkach udzielanych licencji większość zarejestrowanych odmian pszenżyta ozimego, a także w części jarego zostało rozprowadzonych do wielu krajów świata.

Z polskich odmian największe znaczenie za granicą zyskały odmiany ozime Presto i Ugo. Obecnie wprowadza się za granicą następne polskie odmiany. Aktualnie Polska zajmuje w świecie pierwsze miejsce pod względem wielkości powierzchni uprawy pszenżyta (Arseniuk i Oleksiak, 2002). Na glebach średnich odmiany tego nowego gatunku roślin szybko i skutecznie stały się konkurencyjne dla odmian innych gatunków zbóż np. pszenicy ozimej i żyta. Świadczą o tym, między innymi, wyniki 10-letniego doświadczenia z porównaniem odmian pszenżyta ozimego z żytem i pszenicą ozimą na kompleksie żytnim dobrym (rys. 1).

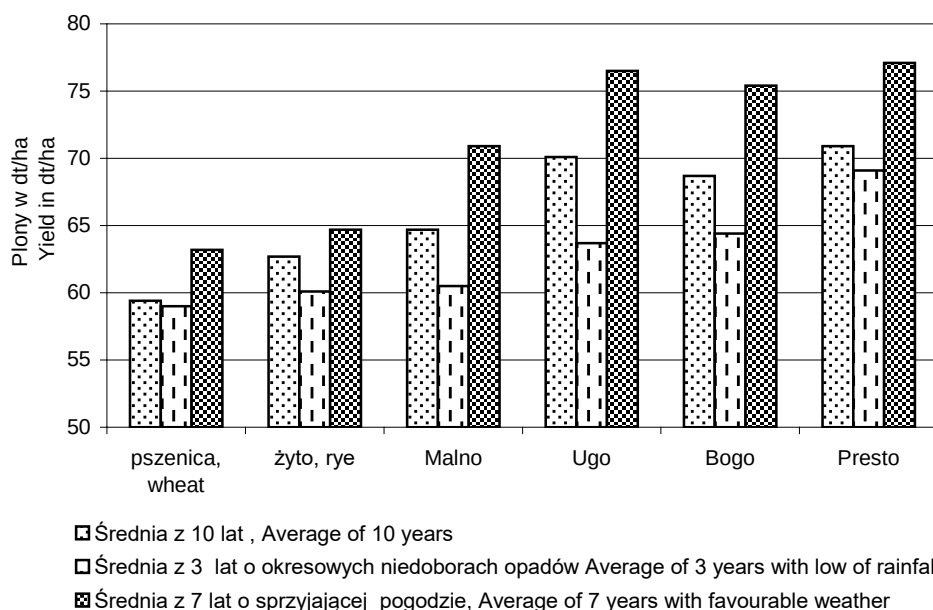
Tabela 1

Odmiany pszenżyta wyhodowane w Polsce
Triticale varieties bred in Poland

Pszenżyto ozime Winter triticales		Pszenżyto jare Spring triticales		Rok rejestracji Year of registration
HR Danko	Oddział Małyszyn** Department	HR Szelejewo	Oddział Małyszyn** Department	
tradycyjne traditional				
Lasko-*ex	—	—	—	1982
Grado	—	—	—	1984
Dagro	—	—	—	1985
Bolero, Largo, Salvo-*ex	—	—	—	1986
—	Malno	—	Jago	1987
—	Ugo — Modus	—	Maja	1988
Presto Alamo	Almo	—	—	1989
Moniko	—	—	—	1990
Tewo	—	—	Gabo	1991
Vero, Moreno, Prego	—	—	—	1992
—	Bogo	—	—	1993
—	—	—	Migo	1994
Nemo-*ex	—	—	—	1995
Chrono-*ex, Eldorado-*ex, Pinokio-*ex	Tornado	—	—	1996
Disko	Marko, Alzo	—	Wanad	1997
Lamberto, Mundo-*ex	Prado	—	Kargo	1998
Piano-*ex	—	—	Mieszko	1999
Kitaro, Pronto	Janko	Kazo	—	2000
—	Hewo, Krakowiak	Sekundo	—	2001
Sorento	Pawo, Witon	—	—	2002
krótkosłome short type				
Fidelio	—	—	—	1997
Magnat	—	—	—	2000
Woltario	—	—	—	2000
Zorro	—	—	—	2002

*ex Oznacza odmianę eksportową; Export variety

** Z materiałów hodowlanych z Małyszyna zostały zarejestrowane za granicą następujące odmiany; Varieties registered abroad originated from Małyszyn's breeding materials — ozime; winter: Dubrawa, Michaś, Moduł, Dato, Focus, Janus, Domus, Filius, Passus, Robus; jare; spring: Lana, Logo

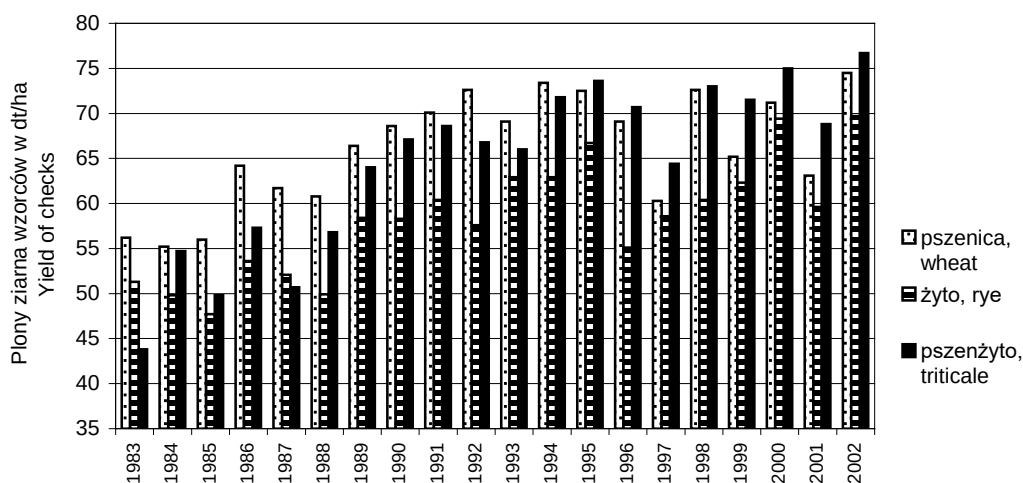


Rys. 1. Plonowanie odmian pszenżyta ozimego w porównaniu z pszenicą ozimą i żytem przy różnym przebiegu pogody (maj — lipiec) w latach 1990–1999 na glebie kompleksu żytniego dobrego. Średnie z dwóch miejscowości (Małyszyn, Klicko)

Fig. 1. Triticale yielding in comparison with winter wheat and rye, in different weather conditions (May — July), on good rye soil in the years 1990–1999. Average from two places (Małyszyn and Klicko)

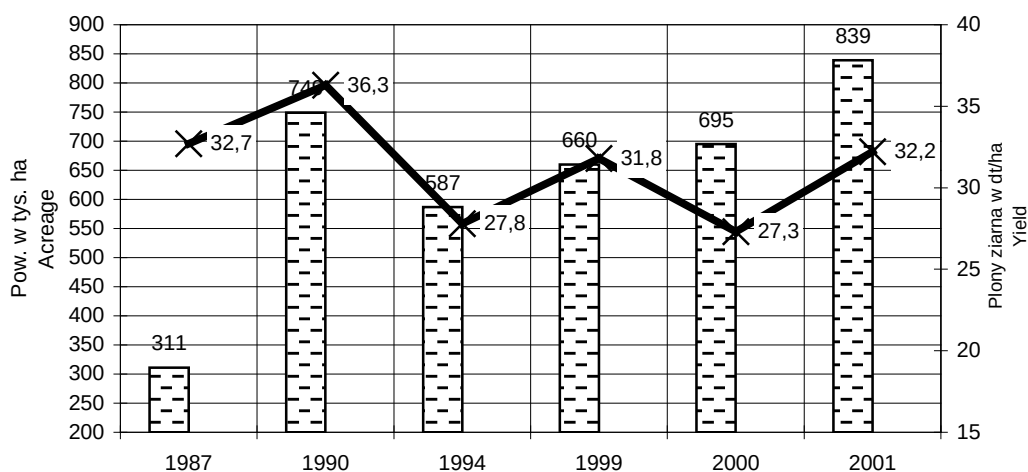
W stosunkowo krótkim czasie postęp w hodowli pszenżyta był tak duży, że w doświadczeniach rejestrowych COBORU plony wzorców z doświadczeń odmianowych od połowy lat 90. osiągnęły, a nawet przewyższyły nie tylko plony wzorców żyta, ale zaczęły przewyższać wzorce pszenicy ozimej, przy czym doświadczenia z pszenicami zwykle były przeprowadzane na nieco lepszych glebach (rys. 2). Nowe zboże zdobywało coraz większe znaczenie wśród rolników, także tych gospodarujących na dużych obszarach. Jednak w związku z transformacją ustrojową w naszym kraju, pogorszeniem się warunków w rolnictwie oraz mniejszymi subwencjami na hodowlę, proces szybkiego rozszerzania uprawy pszenżyta został ograniczony (rys. 3). Powierzchnia jego uprawy z 749 tys. ha w 1990 roku zaczęła maleć i w roku 1994 spadła do 587 tys. ha i dopiero po tak dużym załamaniu, obecnie pszenżyto systematycznie odzyskuje dawną powierzchnię uprawy, a w 2001 roku znacznie ją przekroczyło. Według Oleksiaka (2000) powierzchnia pszenżyta jarego w 1998 roku wynosiła 94 tys. ha. Udział pszenżyta w ogólnym areale zasiewów zbóż waha się w granicach 7–8%. Arseniuk i Oleksiak (2002) podają, że największy udział zasiewów pszenżyta występuje w województwach: Lubuskim, Wielkopolskim i Kujawsko-Pomorskim. Raptowny wzrost cen środków produkcji, w tym nawozów,

środków ochrony roślin, paliwa, spowodował także ograniczenie wzrostu plonów pszenżyta (rys. 3). Po osiągnięciu plonów powyżej 36 dt/ha w 1990 roku wysokość ich spadła i wykazywała znaczne wahania.



Rys. 2. Porównanie plonów wzorców pszenicy ozimej, żyta, i pszenżyta ozimego w doświadczeniach COBORU

Fig. 2. Comparison of yield of winter wheat, rye, and winter triticale standards in COBORU trials



Rys. 3 Powierzchnia uprawy i plony pszenżyta w Polsce w latach 1987–2001 wg Rocznika Statystycznego

Fig. 3. Area of triticale cultivation in Poland in the years 1987–2001, according to State Official Statistics Data

Niestety, potencjał genetyczny odmian wykorzystywany jest w produkcji, według wyników badań Oleksiaka (2000), tylko w około 50%. Spowodowane jest to między innymi tym, że rolnicy otrzymują za to zboże niższe ceny niż za zboża konsumpcyjne np. pszenice. Pszenżyto zostało zepchnięte na słabe gleby, głównie na kompleksy gleby żytnej dobrej i słabej. Obecnie oferty cenowe pszenżyta kształtują się w granicach 420–440 PLN/t, pszenicy paszowej od 430–490 PLN/t i żyta 350–380 PLN/t (Top Agrar Polska, 3/2003). Jednakże ta relacja zmienia się i gdy przystąpimy do Unii Europejskiej ziarno pszenżyta, zwłaszcza przy polepszeniu jego jakości, prawdopodobnie będzie droższe.

Optymalny model odmiany

W drugiej połowie lat 80. twórcy hodowli pszenżyta w Polsce Tarkowski i Wolski określili optymalny model odmiany pszenżyta ozimego, jaki powinien być zrealizowany, aby mogło być w pełni konkurencyjne w stosunku do innych gatunków zbóż w średnich warunkach glebowo-klimatycznych (Wolski, 1989). Autorzy tego modelu określili parametry cech użytkowo-rolniczych, jakimi powinna cechować się dobra odmiana pszenżyta. Wśród wielu określonych parametrów, plon ziarna przewidziano na poziomie od 5 do 10 ton/ha. Ten podstawowy parametr w wielu doświadczeniach i badaniach rejestrowych COBORU został osiągnięty (rys. 1, tab. 2 i 3). Autorzy, obok plonowania, postawili wysoką poprzeczkę, dotyczącą również jakości ziarna — odmiana winna mieć dobre właściwości technologiczne lub wysoką strawność. Odmiany powinny zawierać co najmniej 12% białka w suchej masie, a te przeznaczone na chleb zawierać co najmniej 30% mokrego glutenu. Wszystkie odmiany muszą się odznaczać odpornością na porastanie ziarna w kłosach na polu i liczbą opadania powyżej 150 sek. Dotychczasowe badania wskazują, że te trzy ostatnie wskaźniki nie zostały jeszcze osiągnięte, z powodu ich dużej zmienności w latach (Gambuś i in., 2000). Autorzy modelu wymagają także form pszenżyta tolerancyjnych na niskie pH i znoszących uprawę również na glebie kompleksu żytnej dobrej. Ponadto poszczególne odmiany winny się charakteryzować odpornością na wymarzenie, wyleganie i porażanie chorobami. W zakresie tolerancji na słabsze warunki glebowe (Maćkowiak i in., 1994) i odporności, zwłaszcza na choroby, nie osiągnięto w pełni wymaganego poziomu (Pokacka i in., 1987; Zamorski i Schollenberger, 1995). Ponadto niektóre z parametrów, zwłaszcza w zakresie wysokości plonów, uzyskano tylko w doświadczeniach przeprowadzanych w lepszych warunkach środowiskowo-agrotechnicznych, różniących się od tych, w których pszenżyto uprawiane jest w szerokiej praktyce rolniczej.

Strategiczne kierunki hodowli pszenżyta

Strategicznymi kierunkami hodowli pszenżyta w najbliższych latach powinny być prace mające na celu uzyskiwanie odmian wiernie i wysoko plonujących w warunkach słabszego środowiska glebowo-klimatycznego, a przy tym dających ziarno o dobrych właściwościach technologicznych lub wysokiej strawności. Dla wyhodowania odmian tolerancyjnych na gorsze warunki środowiska i charakteryzujących się dobrą jakością wypiekową lub lepszą wartością paszową oraz pożądanymi cechami rolniczymi, obok tradycyjnych metod hodowli z wykorzystaniem dotychczasowych źródeł genów warunkujących korzystne cechy z pszenic i żyta, duże możliwości stwarza postęp w inżynierii chromosomowej (Łukaszewski, 1988; Woś i in., 2002; Tarkowski, 1997;

Tarkowski, 1998). Aby zrealizować optymalny model odmiany pszenżyta, konieczne jest połączenie możliwie jak największej liczby korzystnych cech użytkowo-rolniczych w jednym genotypie odmiany.

Jakość technologiczna i strawność

Dla zwiększenia znaczenia pszenżyta na glebach średnich, a zwłaszcza dochodowości tej rośliny, obok odmian o wysokiej strawności ziarna dla zwierząt, zachodzi potrzeba wyhodowania odmian charakteryzujących się dobrymi właściwościami technologicznymi do wypieku dobrego chleba. Podobny pogląd wyrażają Wolski i wsp. (2000), którzy podają, że w niektórych krajach jednym z głównych kierunków hodowlanych pszenżyta jest wartość wypiekowa. Dotychczasowe zarejestrowane odmiany mają zwykle stosunkowo małą wartość wypiekową chleba, głównie z powodu zbyt niskiej liczby opadania, niskiej liczby sedimentacji oraz innych średnich lub słabych właściwości wypiekowych, zwłaszcza w latach przekrotnych w okresie dojrzewania i zbioru. Z wyników badań Kociuby i Kulpy (2000) wynika, że wszystkie badane odmiany miały wyższą aktywność alfa-amylazy, a niższą liczbę opadania od pszenicy i żyta. Z badanych 13 odmian z obu ośrodków hodowli niższą aktywność alfa-amylazy miały tylko odmiany: Purdy, Bogó i Mundo, u których liczba opadania była wyższa. Według autorek może to wskazywać, na wyższą odporność ziarna tych odmian na porastanie. Odporność na porastanie ziarna w kłosach w warunkach polowych i podwyższenie liczby opadania, zwłaszcza w latach z większą ilością opadów, jest jak dotąd praktycznie w niewielkim stopniu rozwiązana, zwłaszcza u pszenżyta jarego (tab. 2 i 3), ze względu na ciągły brak materiałów wyjściowych, mających geny warunkujące zmianę tej niekorzystnej cechy. Jedynie dwie z najnowszych odmian są interesujące pod względem wyższej liczby opadania (Krakowiak i Sekundo). Gil (2002) stwierdził odnośnie fizycznych, chemicznych i przemiałowych właściwości ziarna, że cechy te w jego badaniach charakteryzowały się dużą zmiennością, przy czym zmienność ta w głównej mierze była spowodowana przede wszystkim warunkami glebowo-pogodowymi w latach i miejscowościach, a w mniejszym stopniu czynnikiem odmianowym.

W Hodowli Roślin Strzelce, w Oddziale Borowo prowadzi się prace hodowlane nad uzyskaniem odmian o dobrych właściwościach technologicznych, głównie drogą krzyżowania substytucyjnych i translokowanych form z wyhodowanymi dotychczas odmianami pszenżyta o możliwie najlepszych właściwościach wypiekowych, a zwłaszcza o wysokiej liczbie opadania (np. Krakowiak). Przy pomocy metody podwojonych haploidów z uzyskanych mieszańców szybciej stabilizuje się pożądane formy. W roku ubiegłym tym sposobem otrzymano z niektórych kombinacji wystarczające ilości ziarna do analizy w kierunku wypiekowości. Wskazane byłoby wykorzystanie do krzyżowań z liniami substytucyjnymi także cennego pod względem wielu korzystnych cech technologicznych rodu RAH 116 (Sowa i in., 1999). Szczegółowe dane dotyczące tego problemu prezentowano na posterze (Woś i in.) na Sympozjum Zbóż (Pszenżyta) w Zakopanem 28–31.01.2003. W ostatnich trzydziestu latach poprawiono wypełnienie ziarna, ciężar hektolitra i masy 1000 ziaren, co jest ważne zarówno dla wspomnianych właściwości technologicznych, jak i żywieniowych dla zwierząt (Wolski i in., 2000).

Tabela 2

Plony ziarna i cechy użytkowo-rolnicze niektórych nowo zarejestrowanych odmian pszenżyta ozimego wg COBORU
Yield and agricultural traits of some newly registered triticale varieties, according to COBORU

Odmiany Variety	2000– 2001	1999–2001													2000
	plon yield (dt/ha)	mrozo- odporność w komorach %**** frost resistance in chambers %****	tolerancja Al ⁺⁺⁺ %*** Al ⁺⁺⁺ tolerancje %****	septorioza w skali 9° septoria diseases scale 9°		choroby podstawy żdźbła skala 9° crown disease complex scale 9°	rdza brunatna w skali 9° brown rust in scale 9°	wyleganie w skali 9° lodging scale 9°	wysokość roślin plant height (cm)	data kłoszenia heading date	masa 1000 ziaren TKW (g)	Porastanie *** ziarna w skali 9° sprouting scale 9°	liczba opadania falling number (s)	zawartość białka (N × 5,83) % s.m. protein content % d.m.	gęstość ziarna w stanie zsypanym (kg/ha) test weight (kg/hl)
				liści leaves	plew glumes										
Wzorzec, dt/ha** Check, dt/ha	71,9	62	35	7,1	7,7	8,3	8,2	6,8	111	20 V	39,9	3,6	115	12,1	68,8
Bogo	0,9	5	9	0,1	-0,4	0,1	0,2	0,2	-1	-1,0	-3,9	-0,5	5	0,5	-1,5
Fidelio*	-1,8	6	-3	0,3	-0,1	0,0	0,4	0,8	-7	2,5	4,0	0,8	-24	-0,4	0,6
Lamberto	2,7	-11	-2	0,0	0,5	0,0	0,2	-0,3	6	-1,0	0,3	-0,8	5	-0,2	1,2
Kazo	4,5	5	-12	-0,4	0,4	0,1	0,3	-0,3	3	0,0	2,9	0,9	-26	-0,5	-2,2
Woltario*	5,5	6	-6	0,0	-0,6	-0,2	-0,1	1,1	-9	0,5	3,2	0,6	-8	-0,3	3,3
Zorro*	4,9	-1,7	-3	-0,2	-0,4	-0,3	0,2	1,7	-7	0,5	4,4	3,2	14	-0,3	2,6
Sorento	6,3	-8	-3	-0,3	-0,1	-0,3	0,2	0,2	8	-2,0	3,2	2,1	14	-0,3	2,3
Witon	8,0	8	-4	-0,1	0,2	0,1	-0,7	0,7	0	-2,0	-1,1	0,1	5	0,1	0,0
Pawo	4,3	18	-3	-0,1	0,2	-0,2	0,3	-0,7	5	-1,0	3,6	0,5	6	-0,2	5,9

* Forma krótkosłoma; Short type;** Wzorzec; Check: Bogo, Fidelio, Lamberto (w latach; in the years 1999, 2000 — Tewo, Bogo, Fidelio, Lamberto); *** Warunki prowokacyjne; Provocation conditions, **** Wyższe wartości oznaczają większą mrozoodporność oraz tolerancje na zakwaszenie gleby; Higher percentage values mean better frost resistance and Al tolerance

COBORU — Centralny Ośrodek badania Odmian Roślin Uprawnych; Research Centre for Cultivar Testing

Tabela 3

Plony ziarna i niektóre cechy użytkowo-rolnicze odmian pszenżyta jarego wg COBORU
Yield and some agricultural traits of spring triticale varieties according to COBORU

Odmiana Variety	1999–2001													2000
	plon yield dt/ha	rdza brunatna skala 9° brown rust scale 9°	rdza żdźbłowa skala 9° stem rust scale 9°	septerioza skala 9° septoria diseases scale 9°		choroby podstawy żdźbła skala 9° crown diseases complex scale 9°	sporysz sztuk/ kg ergot pcs/kg	data kłoszenia heading date	data dojrzewa- nia matura- tion date	masa 1000 ziaren TKW (g)	porasta- nie** ziarna skala 9° sprouting scale 9°	liczba opadania falling number (s.)	zawartość białka (N× 5,83) % s. m. protein content % d. m.	gęstość ziarna w stanie zsypanym kg/hl test weight kg/hl
				liści leaves	plew glumes									
Wzorzec* Check dt/ha	52,8	7,1	7,0	6,5	7,5	7,9	10	7 VI	28 VII	38,6	4,8	108	13,6	72,2
Gabo	-0,7	0,2	0,2	0,0	0,0	-0,4	1	0,0	0,0	0,2	0,1	—	—	—
Migo	-1,7	0,3	-0,3	0,1	-0,2	-0,1	-2	1,5	1,0	1,1	0,7	—	—	—
Wanad	1,7	0,1	0,3	0,0	0,2	0,5	0	-1,0	0,0	2,6	-0,6	-32	0,1	1,4
Kargo	0,3	-0,6	-0,2	-0,4	-0,3	0,0	-3	0,0	-1,0	-2,2	-0,1	25	-0,3	-1,9
Mieszko	-1,2	-0,3	-0,2	-0,2	0,1	0,0	-2	0,0	0,0	-1,1	0,8	6	-0,2	-1,5

* Wzorzec; Check: Gabo, Migo, Wanad, Kargo

** Warunki prowokacyjne; Provocation conditions

Mimo to istnieje potrzeba dalszej poprawy tych właściwości, zwłaszcza obserwowanej u niektórych odmian zbyt niskiej zawartości białka. Ważne jest również zmniejszenie lub wyeliminowanie w ziarnie substancji antyodżywczych (Boros, 2002), odziedziczonych w części po życie (głównie polisacharydów), ograniczających wysokość udziału pszenżyta w mieszankach paszowych, zwłaszcza dla małych kurcząt.

Tolerancja na słabsze warunki glebowo-klimatyczne

Od początku hodowli w Zakładzie Doświadczalnym „Małyszyn” dążono do wyhodowania odmian tolerancyjnych na niskie pH i słabsze warunki glebowo-klimatyczne (Maćkowiak i in., 1993; Maćkowiak i in., 1998). Celowość prowadzenia takiego kierunku hodowli pszenżyta potwierdzają wyniki badań Anioła (1989). Polska ma bowiem dużo gleb średnich (40%) i lekkich (33%), które w większości są kwaśne i bardzo kwaśne. Według Janczyszyn (2002) udział gleb kwaśnych i bardzo kwaśnych wynosi w pięciu województwach: od 61–80%; w dziewięciu z nich od 41–60% i tylko w dwóch (Opolskie, Kujawsko-Pomorskie) od 21–40%. Na podstawie wyników badań stwierdzono wysoce różną reakcję na kwaśną glebę i wysokie stężenie jonów glinu odmian zarówno pszenżyta ozimego, jak i jarego badanych w warunkach laboratoryjnych (Burba i in., 1995; Maćkowiak i in., 1998). Według wyników podobnych badań wykonanych wcześniej (Maćkowiak i in., 1993) najmniej tolerancyjna na niskie pH, ale odznaczająca się wielu innymi korzystnymi cechami, okazała się odmiana Ugo i po latach jej uprawy można stwierdzić, że dlatego nie rozpowszechniła się w Polsce (najwyższy jej udział w repartycji w 1991 roku nie przekroczył 25% i w następnych latach szybko malał). Wrażliwość tej odmiany na zakwaszenie gleb jest podobna do pszenicy. Tymczasem zrejonizowana w Niemczech pod nazwą Modus, gdzie gleby są w wysokiej kulturze, przeważnie w wyższych klasach bonitacyjnych osiągnęła średnio jedną z największych powierzchni zasiewów spośród zarejestrowanych w tym kraju odmian pszenżyta ozimego (Schachschneider, 2000), a pod koniec lat 90. zajmowała ponad 50% zasiewów produkcyjnych (odmiana ta jest zarejestrowana jeszcze w innych krajach). Natomiast we wspomnianych badaniach odmiana Bogo wysoce tolerancyjna na niskie pH i wysokie stężenie jonów glinu (zbliżona do żyta), a przy tym odmiana o skróconej słomie i bardziej odporna na wyleganie od innych odmian badanych w rejestrze przekroczyła w Polsce w latach 1996–1997 ponad 40% udziału w repartycji nasiennej. Również odmiana Malno tolerancyjna na niskie pH, długosłoma, ale bardziej odporna na wyleganie od Almo, przez długie lata utrzymywała się na dość wysokim poziomie repartycji. Fakty te dowodzą, że w Polsce potrzebne są odmiany pszenżyta dobrze znoszące uprawę na średnich i słabszych glebach o dużym zakwaszeniu. Wyhodowanie odmian tolerancyjnych na niskie pH i słabsze gleby jest trudne. Według Budzianowskiego i wsp. (1997) wyhodowanie odmiany tolerancyjnej wymaga w procesie jej tworzenia stałej presji selekcyjnej (od najmłodszych pokoleń). Obecnie duże możliwości zwiększenia tolerancyjności na niskie pH i wysokie stężenie jonów glinu daje wprowadzenie do materiałów hodowlanych pszenżyta form substytucyjnych (Budzianowski i Woś, 2002). Zróżnicowanie najnowszych odmian pszenżyta ozimego jest stosunkowo nieduże. Niestety, żadna odmiana poza małyszynskimi: Marko i Janko, z odmian w rejestrze nie dorównuje w tolerancji na niskie pH starej odmianie Bogo (tab. 2).

Warunki klimatyczne w Polsce dla większości rejonów są również mało sprzyjające dla wegetacji zbóż, zwłaszcza na glebach średnich. Na rysunku 1 wykazano różną w porównaniu z żytem i pszenicą ozimą reakcję odmian pszenżyta ozimego na okresowe niedobory wody w latach suchych na kompleksie gleby żytnej dobrym. Wyniki doświadczenia dowodzą, że istnieją różnice pomiędzy odmianami w latach, dotyczące tolerancji gorszych warunków pogodowych. Odmiana Presto, odznaczająca się wcześniejszym rozwojem i przez to lepszym wykorzystaniem zapasów wilgoci zimowej oraz według badań w Małyszynie (Maćkowiak i in., 1993) wyróżniająca się dość wysoką tolerancją na niskie pH, zniosła lepiej okresowe niedobory wody. Stąd średnio za wielolecie 1990–1999 w doświadczeniu na glebie tylko o lekko kwaśnym odczynie, wykazała najmniejszy spadek plonów. Największy spadek wykazała pszenica ozima, a najmniejszy żyto (przy niższym średnim plonowaniu). Presto jako odmiana dosyć uniwersalna osiągnęła stosunkowo dużą powierzchnię zasiewów w Polsce, w Niemczech oraz innych krajach.

Odporność na wymarzenie, wyleganie i choroby

Systematyczne badanie materiałów na mrozoodporność sprawiło duży postęp w tej dziedzinie, choć jeszcze u niektórych cennych odmian nie w pełni jest ona zadawalająca (Banaszak i in., 1998; Szelański i in., 1998).

W Hodowli Roślin Danko wyhodowano odmiany pszenżyta półkarłowe (tab. 1), wykorzystując gen karłowatości z żyta EM-1 (Wolski i in., 2000). Jest to jeden z większych wkładów tej firmy w rozwój hodowli pszenżyta (poprawa indeksu późniwego) w Polsce. Odmiany półkarłowe są wyraźnie bardziej odporne na wyleganie od form długosłomowych (tab. 2) i przy tym stosunkowo odporne na choroby. Problemem tych odmian jeszcze jest zbyt mała tolerancja na jony glinu, co może w pewnej mierze ograniczać ich rozpowszechnienie na glebach lżejszych i o niższym pH. Oddział Małyszyn aktualnie ma 2 odmiany krótkosłome w badaniach rejestrowych, a Oddział Borowo jedną.

W zakresie poprawienia zdrowotności, obok wykorzystania form dzikich pszenic i żyta jako źródeł genów, warunkujących odporność na różne choroby, duże możliwości daje wykorzystanie inżynierii chromosomowej, o czym w posterze na Sympozjum w Zakopanem (2003) donieśli Woś i Strzembicka. Szczególny wysiłek pracownicy naukowcy, jak i hodowcy winni zwrócić uwagę na wszystkie gatunki rdzy i septoriozę liści i plew (tab. 2 i 3), gdyż niektóre z odmian odznaczające się cennymi parametrami, są coraz bardziej atakowane przez te choroby. W ostatnich latach, choroby te w niektórych rejonach przy sprzyjających dla nich warunkach pogodowych, powodują olbrzymie szkody w plonach. Szczególnie wrażliwe są niektóre odmiany pszenżyta jarego, które oprócz tego, porażane są jeszcze przez sporysz. O szkodliwości rdzy brunatnej i żółtej oraz septoriozy liści i plew dla pszenżyta ozimego w Niemczech donosi Schinkel (2002). Ważne prace naukowe dotyczące problematyki chorób w Polsce prowadzą w zakresie septoriozy: Arseniuk i Czembor (1993); Arseniuk i wsp. (1995) Arseniuk i Sodkiewicz (2002), Woś (1991), Woś i Maćkowiak (1995 a), a w zakresie rdzy: Woś i wsp. (1994), Woś i wsp. (1995 b), Zamorski (1995). Prace tych autorów zmierzają do wyodrębnienia form odpornych lub tolerancyjnych na te choroby. Prowadzone prace nad materiałami dotyczącymi septoriozy, wykorzystujące między innymi, metodę podwojonych haploidów,

umożliwiają szybkie udostępnianie materiałów wyjściowych do hodowli nowych odmian pszenżyta. Woś (1996) pracuje również nad groźną chorobą, jaką dla pszenżyta okazała się rychozporioza.

Trzeba jednak podkreślić, że chcąc mieć wysoką wierność plonowania, nie można lekceważyć pozostałych chorób (pleśni śniegowej, mączniaka, fuzarioz kłosów, chorób postawy źdźbła) występujących w różnym nasileniu w zależności od odporności genetycznej odmiany i warunków wegetacyjnych, choć niektórzy hodowcy (Marciniak i Banaszak, 2000) donoszą, że wystąpienie określonej choroby nie zawsze wpływa niekorzystnie na plonowanie danej odmiany ze względu na jej tolerancję na daną chorobę.

Przyspieszenie faz rozwojowych pszenżyta i zwiększenie zwarcia łanu

W rejestrze znajduje się zbyt wiele odmian pszenżyta o dość późnych fazach rozwoju, co przede wszystkim dotyczy form jarych. Wczesne formy pszenżyta wiosną lepiej wykorzystują zapasy wilgoci zimowej z gleby a wcześniejsze ich dojrzewanie pozwala uniknąć porażenia chorobami (np. rdzą brunatną) i porastania ziarna. Zdaniem Tarkowskiego (1997) na chromosomie 2D znajdują się geny *Ppd* niewrażliwości na fotoperiod. Geny te warunkują wczesność rozwoju roślin. Substytucja 2D (2R) stwarza dużą szansę przyspieszenia faz rozwojowych u pszenżyta. Zatem naukowcy w ramach umów winni jak najszybciej problem rozwiązać do końca i cenny materiał wyjściowy przekazać hodowcom.

Odpowiednia architektura łanu, o roślinach właściwie zagęszczonych i produktywnie rozkrzewionych jest ważnym zagadnieniem do otrzymania wysokich plonów. Wyniki badań Rozbickiego i Mądrego (1998) wskazują, że spośród składowych plonu największe znaczenie ma liczba kłosów z jednostki powierzchni, mniejsze liczba ziaren w kłosie a najmniejsze masa 1000 ziaren. Oczywiście wielkości i powiązanie każdego z wymienionych elementów z pozostałymi są wzajemnie uzależnione, w tym często skorelowane ujemnie. Uzyskanie odpowiedniego zagęszczenia roślin jest szczególnie trudnym do rozwiązania problemem u pszenżyta, zwłaszcza jarego. Wymaga to przede wszystkim rozwiązania zagadnienia doboru właściwych komponentów do krzyżowań (Maćkowiak, 1995) między innymi, z dobrze zagęszczającymi się odmianami pszenicy. Można mieć nadzieję, że inżynieria chromosomowa oraz wykorzystanie zjawiska heterozji w mieszańcach przyczynią się do poprawienia architektury łanu i struktury plonu.

Plenność

W celu dalszego zainteresowania rolników pszenżytem, obok wspomnianego wyżej poprawienia właściwości technologicznych i wartości żywieniowej dla zwierząt, zachodzi konieczność ewidentnego zwiększenia wysokości i wierności plonów ziarna, gdyż jest to w ocenie rolnika najważniejszy parametr przy podejmowaniu jego decyzji dotyczący uprawy tego zboża. W tym celu, przy poprawieniu omówionych wyżej głównych kierunków hodowli, należy przede wszystkim wykorzystać zjawisko efektu heterozji, jakie można uzyskać w odmianach mieszańcowych F_1 pszenżyta. Pierwsze badania nad komponentami do mieszańców F_1 pszenżyta wykonali w Polsce Spiss i Góral (1994) oraz Salak-Warzecha i wsp. (1994). W hodowli heterozyjnej pszenżyta proponuje się wykorzystanie cytoplazmatycznej męskiej sterylności indukowanej przez przeniesioną z pszenicy do pszenżyta cytoplazmę *T. timopheevi* (Nalepa, 1990; Spis i Góral, 1994;

Salach-Warzecha, 1994). Otrzymane pierwsze męskosterylne linie pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi* umożliwiają badania efektu heterozji mieszańców. Na razie wyniki badań i hodowla mieszańców potwierdzają różną wysokość efektów mieszańców F₁ w cechach użytkowo-rolniczych (Woś i in., 2002). W badaniach Góral (2001) niektóre mieszańce F₁ pszenżyta ozimego otrzymane z wykorzystaniem męskiej sterylności wykazały heterozję plonu ziarna w granicach 10–20%. Obecnie prace naukowe nad materiałami wyjściowymi wykonują w IHAR Warzecha i Salach-Warzecha (2002), a wysiłki hodowlane nad mieszańcami pszenżyta prowadzi Oddział Borowo Hodowli Roślin Strzelce (Woś i in., 2002). Prace nad mieszańcami pszenżyta prowadzi również Hodowla Roślin Danko. Uważam, że prace te dają duże szanse na stworzenie dla rolników zboża naprawdę atrakcyjnego pod względem potencjału plonowania.

WNIOSKI

1. Polska hodowla pszenżyta w minionym 30-leciu osiągnęła znaczący postęp w zwiększeniu plonowania i ulepszeniu większości cech użytkowo-rolniczych pszenżyta, dzięki czemu stało się ono konkurencyjne w stosunku do innych gatunków zbóż, zwłaszcza na glebach średnich.
2. Najnowsze odmiany pszenżyta, zwłaszcza ozimego, charakteryzują się nie tylko wysokim plonowaniem, ale także połączeniem szeregu pożądanых cech użytkowo-rolniczych, choć, jak dotychczas, każda z nich ma jeszcze również cechy niekorzystne, które w określonych warunkach mogą wpływać na zmniejszenie wierności plonowania.
3. Mankamentem hodowli polskiej jest nie wyhodowanie dotychczas odmian chlebowych i więcej form bardziej tolerancyjnych na średnie i słabsze warunki środowiskowo-uprawowe, odpornych na coraz większe nasilanie się groźnych chorób oraz zbyt małe krzewienie produkcyjne i późne dojrzewanie, zwłaszcza form jarych.
4. W celu dalszego udoskonalania genotypów przyszłych odmian trzeba zacieśnić współpracę nauki z hodowlą. Obok stosowania tradycyjnych metod, ostatnie wyniki badań z zakresu inżynierii chromosomowej i efektów heterozji, markerów molekularnych oraz podwojonych haploidów w hodowli pszenżyta stwarzają realną szansę na zrealizowanie strategicznych kierunków wymaganych, a dotychczas nie zrealizowanych w optymalnym modelu odmiany.

LITERATURA

- Anioł A. 1989. Podstawy hodowli zbóż tolerancyjnych na niskie pH gleby. Biul. IHAR 171/172: 215 — 221.
- Arseniuk E., Czembor H. J. 1993. Zakres specjalizacji pasożytniczej w populacjach *Septoria* spp. w stosunku do pszenżyta (*X Triticosecale* Wittmack) i pszenicy (*Triticum aestivum* L.). W: Biotyczne środowisko uprawne a zagrożenia chorobowe roślin. Materiały Sympozjum Olsztyn, 7–8 września, 1993: 67 — 78.
- Arseniuk A., Czembor H. J., Sowa W., Krysiak H., Zimny J. Arseniuk E., Czembor H. J. 1995. Genotypowa reakcja pszenżyta, pszenicy i żyta na inokulację *Stagonospora* (= *Septoria*) *nodorum* w warunkach polowych oraz *S. Nodorum* i *Septoria tritici* w warunkach kontrolowanych. Biul. IHAR 195/196: 209 — 246.

- Arseniuk E., Oleksiak T. 2002. Production and breeding of cereals in Poland. Eucarpia, Poland, Vol. I: 11 — 20.
- Arseniuk E., Sodkiewicz W. 2002. Study of phenotypic traits of partial resistance to *Stagonospora nodorum* in winter triticale introgressive lines, commercial cultivars and dihaploid lines. Eucarpia, Poland, Vol: 163 — 177.
- Banaszak Z., Marciniak K. 2002. Wide adaptation of Danko triticale varieties. Eucarpia, Poland, Vol. I: 217 — 222.
- Banaszak Z., Marciniak K., Brykczyńska L. 1998. Ocena metod badania mrozoodporności materiałów hodowlanych pszenżyta w Danko. Biul. IHAR 205/206: 213 — 218.
- Boros D. 2002. Physico-chemical quality indicators suitable in selection of triticale for high nutritive value. Eucarpia, Poland, Vol. I: 239 — 244.
- Budzianowski G., Maćkowiak W., Milewski G. 1997. Hodowla pszenżyta jarego w kierunku zwiększenia tolerancji na toksyczne działanie jonów glinu. Zesz. Nauk. AR Szczec. 175: 41 — 46.
- Budzianowski G., Woś H. 2002. The effect of single "D" genome substitutions on aluminium tolerance of winter and spring triticale. Eucarpia, Poland, Vol. II: 189 — 196.
- Burba U., Maćkowiak W., Paizert K., Budzianowski G. 1995. Tolerancja odmian i rodów na niskie pH i wysokie stężenie jonów glinu. Biul. IHAR 195/196: 131 — 136.
- Cichy H., Woś H., Budzianowski G. 2002. Program of winter and spring triticale breeding of Plant Breeding Company Strzelce. Eucarpia, Poland, Vol. II: 325 — 331.
- Gambuś H., Cygankiewicz A., Haber T., Nowotna A., Sabat R. 2000. Ocena wartości technologicznej pszenżyta ozimego z dwóch kolejnych lat uprawy. Folia Agric. Stet. 206. Agricultura 82: 62 — 66.
- Gil Z. 2001. Charakterystyka cech fizycznych, chemicznych i przemiałowych ziarna pszenżyta jarego i ozimego. Biul. IHAR 220: 139 — 146.
- Góral H. 2001. Mieszance F₁ pszenżyta ozimego z cytoplazmą *Triticum timopheevi*. Biul. IHAR 220: 81 — 90.
- Janczyszyn T. 2002. Top Agrar Polska 11: 46 — 48.
- Kociuba W., Kułpa D. 2001. Charakterystyka odmian pszenżyta ozimego pod względem cech związanych z porastaniem ziarna. Biul. IHAR 220: 102 — 117.
- Łukaszewski A. J. 1988. Chromosome constitution of hexaploid triticale lines in the recent international yield trials. Plant Breeding 100: 268 — 272.
- Maćkowiak W. 1995. Krzyżowanie międzyrodzajowe i ich znaczenie w hodowli pszenżyta w ZDHAR Małyszyn. Biul. IHAR 205/206: 33 — 47.
- Maćkowiak W., Budzianowski G., Cicha A., Cichy H., Mazurkiewicz L., Milewski G., Paizert K., Szeląg B., Szeląg J., Woś H. 1998. Hodowla pszenżyta w Zakładzie Doświadczalnym Hodowli i Aklimatyzacji Roślin „Małyszyn”. Biul. IHAR 205/206: 303 — 319.
- Maćkowiak W., Budzianowski G., Łukanko U. 1994. Charakterystyka odmian pszenżyta ozimego i jarego hodowli ZDHAR Małyszyn oraz ich reakcja na niektóre czynniki środowiska. Zesz. Nauk. AR Szczec. 162: 141 — 146.
- Maćkowiak W., Paizert K., Mazurkiewicz L., Woś H. 1993. Osiągnięcia i problemy hodowli pszenżyta w Polsce. Biul. IHAR 187: 143 — 165.
- Marciniak K., Banaszak Z. 2000. Hodowla pszenżyta w firmie Danko. Folia Univ. Agric. Stet. 206. Agricultura (82): 173 — 178.
- Rozbicki J., Mądry W. 1998. Uwarunkowanie plonu ziarna pszenżyta ozimego przez jego składowe wybrane cechy botaniczno-rolnicze łąnu w zmiennych warunkach uprawowych i pogodowych. Folia Univ. Stet. Agric. 206. Agricultura (82): 195 — 204.
- Nalepa S. 1990. Hybrid triticale: present and future. Proc. Second Intern. Triticale Symposium, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil, 1–5 October 1990: 402 — 407.
- Oleksiak T. 2000. Pszenżyto w produkcji — wykorzystanie efektów hodowli. Folia Univ. Agric. 206 Stet. 206. Agricultura 82: 199 — 204.
- Pokacka Z., Korbias M., Staniszevska H. 1987. Choroby występujące na pszenżycie i ich zwalczanie. Ochrona Roślin: 31 (2): 7 — 9.

- Salach-Warzech K., Staszewski Z., Warzecha R. 1994. Męska sterylność u pszenżyta heksaploidalnego. Zesz. Nauk. AR Szczec. 162:235 — 237.
- Sowa W., Krysiak H., Pena R., Cygankiewicz A.. 1999. Charakterystyka nowego źródła cech jakościowych ziarna pszenżyta (RAH-116). Biul. IHAR 211: 165 — 170.
- Szeląg J., Maćkowiak W., Szeląg B., Woś H. 1998. Mrozoodporność a zimotrwałość pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 205/206: 205 — 211.
- Schachschneider R. 2000. Ziele und Wirtschaftlichkeit der Züchtung von Wintertriticale in Deutschland. Vortr. Pflanzenzüchtung 49: 1 — 10.
- Schinkel B. 2002. Triticale — still a healthy crop? Eucarpia, Poland Vol. I: 157 — 162.
- Spiss L., Góral H. 1994. Hodowla form męskosterylnych i przywracających płodność pszenżyta. Zesz. Nauk. AR Szczec. 162: 243 — 246.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticale — prospects for research and breeding — part II: Development of male sterile lines. Eucarpia, Poland, Vol. I: 193 — 198.
- Tarkowski Cz. 1997. Hodowla roślin. Materiały z I Krajowej Konferencji. Poznań, 19–20 listopad 1997. IHAR: 85 — 86.
- Tarkowski Cz. 1998. Biologiczno-genetyczno właściwości pszenżyta. Biul. IHAR 205/206:133 — 134.
- Wolski T. 1989. Kierunki hodowli pszenżyta oraz metody oceny. Biologia pszenżyta. PWN, Warszawa: 172 — 215.
- Wolski T., Szolkowski A., Gryka M., Pojmaj M. S. 1998. Obecny stan hodowli pszenżyta ozimego w Danko. Biul. IHAR 205/206: 289 — 297.
- Wolski T., Pojmaj M.S., Banaszak Z., Czerwińska E., Bogacki J., Marciniak K., Szolkowski A. 2000. Poprawienie wartości użytkowych pszenżyta ozimego w 30-letniej hodowli w Danko. Biul. IHAR 214: 95 — 104.
- Woś H. 1991. Odporność liści siewek i roślin dorosłych pszenżyta na *Leptosphaeria nodorum* Mull. Roczn. Nauk Rol., Ser. E, 21 (1/2): 25 — 30.
- Woś H. 1996. Wstępne wyniki badań nad odpornością pszenżyta ozimego na *Rhynchosporium secalis*. Zesz. Nauk. AR Szczec. 175: 495 — 501.
- Woś H., Maćkowiak W. 1995 a. Odporność polskich odmian pszenżyta ozimego na *Stagonospora nodorum* Biul. IHAR 195/196: 183 — 189.
- Woś H., Maćkowiak W., Apolinarska B. 1995 b. Wstępne wyniki nowej metody określania odporności pszenżyta ozimego na *Puccinia recondita*. Biul. IHAR 195/196: 191 — 196.
- Woś H., Góral H., Woś B., Spiss L. 2002. Heterosis in winter triticale with *T. timopheevi* cytoplasm. Eucarpia, Poland Vol. II: 311 — 315.
- Woś H., Maćkowiak W., Mazurkiewicz L., Milewski G., Budzianowski G. 1994. Podatność pszenżyta jarego na rdzę brunatną (*Puccinia recondita*). Zesz. Nauk AR Szczec. 162: 277 — 280.
- Woś H., Metzger R. J., Łukaszewski A. J., Cygankiewicz A. 2002. The effect of the D — genome chromosome substitutions and of translocations of chromosome 1 D on some quality and agronomic parameters of winter triticale. Eucarpia, Poland, Vol. II: 59 — 69.
- Woś H., Strzembicka A. 2002. Resistance to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *Tritici*) at the seedling stage among single D genome substitution lines of triticale Presto. Eucarpia, Poland, Vol. II: 71 — 74.
- Zamorski Cz., Schollenberger. M. 1995. Występowanie chorób pszenżyta w Polsce. Biul. IHAR 195/196: 197 — 207.
- Zamorski Cz. 1995. Rozwój diagnostyka rdzy żółtej (*Puccinia striiformis* Westend) pszenic i pszenżyta. Biul. IHAR 195/196: 247 — 250.

STANISŁAW NALEPA

Resource Seeds Inc. Gilroy, Kalifornia, USA

Perspektywy hodowli pszenżyta w Resource Seeds Inc. w USA

Triticale breeding perspective at Resource Seeds Inc. in USA

Hodowla pszenżyta w Resource Seeds, Inc jest kontynuacją prac hodowlanych prowadzonych przez C. Jenkinsa. Wykonywane są prace hodowlane z pszenżytem ozimym i jarym o kierunku zielonkowym i ziarnowym. Krzyżowania wykonywane są w Gilroy i Woodland, (Kalifornia) a testowanie mieszańców i selekcja form ozimych odbywa się w Teksasie, Waszyngton, Ohio, i Północnej Karolinie. Odmiany jare testowane są głównie w Kalifornii, a także w północno zachodnich stanach. Ogólna powierzchnia uprawy pszenżyta w USA obejmuje tylko 400000 hektarów i są to głównie odmiany zielonkowe. Jednym z głównych kierunków prac badawczych jest hodowla heterozyjna. W latach 1983–1987 wprowadzono do pszenżyta pięć różnych cytoplazm. Najlepsze okazały się odmiany z cytoplazmą *T. timopheevi* i *Ae. sharonensis*. Do chwili obecnej zidentyfikowano trzy linie przywracające płodność cytoplazmy *Ae. sharonensis* i jedną dla cytoplazmy *Ae. juvenalis*. W oparciu o te materiały genetyczne prowadzi się testowanie mieszańców heterozyjnych.

Słowa kluczowe: *Aegilops juvenalis*, *Aegilops sharonensis*, cytoplazma, hodowla roślin, odmiany zielonkawe, pszenżyto

At Resource Seeds, Inc. the triticale breeding program's basic objective is improving the forage and grain yield in both the winter and spring varieties. New crosses are made and genetic stocks are built up at two primary research sites in California. The initial screening for winter types is done mainly in Texas, Washington, Ohio, and North Carolina. The spring varieties are evaluated mainly in California, Washington and the northeast. Fifteen varieties have been placed into productions from 1996 to 2003. It is estimated that only 400.000 ha of triticale are grown in the USA. Along in varieties, the continuing plant breeding program is aimed at developing commercially acceptable hybrid triticale. Since 1983, five cytoplasm have been transferred to triticale. The best male sterile system is in two cytoplasm; *T. timopheevi* and *Ae. sharonensis*. Since 1988, three restorers were identified for the *Ae. sharonensis* cytoplasm, and one for the *Ae. juvenalis* cytoplasm.

Key words: *Aegilops juvenalis*, *Aegilops sharonensis*, cytoplasm, plant breeding, triticale

W ostatnich latach zaznaczył się duży postęp w hodowli pszenżyta, przede wszystkim nastąpiła znaczna poprawa plenności i jakości ziarna. Jednak, aby pszenżyto mogło być zaadaptowane do szerokiej uprawy, muszą być poprawione, takie cechy jak odporność na

wyleganie, wcześniejsze dojrzewanie, zimotrwałość i lepsze plonowanie w warunkach stresowych (susza, wysokie temp.) W Stanach Zjednoczonych hodowla pszenżyta jest skoncentrowana głównie w ośrodkach uniwersyteckich Oregonu, Florydy, Nebraski, Kansas oraz w nielicznych firmach prywatnych.

Hodowla pszenżyta w USA została zapoczątkowana przez prof. Jenkinsa, który w latach siedemdziesiątych założył prywatne przedsiębiorstwo Jenkins Foundation for Research. Posługując się dostępnymi metodami hodowli (mutacje, krzyżowania międzygatunkowe i międzyrodzajowe, zmienność somaklonalna) wytworzył bardzo bogaty materiał genetyczny, który został udostępniony ośrodkom uniwersyteckim w USA i innym przedsiębiorstwom hodowlanym w świecie.

Od 1981 roku hodowla pszenżyta była prowadzona w Desert Seed Company, a następnie w Arco i Sunseeds Seeds Company. W roku 1991 dr Goldsmith z Goldsmith Seed Company założył nową firmę Resource Seeds Inc. z siedzibą w Gilroy w Kalifornii, a placówki doświadczalne umieścił w stanach Teksas, Ohio i Waszyngton. W tym przedsiębiorstwie prowadzone są prace badawcze z pszenżytem ozimym i jarym oraz pszenicą jarą. Zakład zatrudnia 12 osób, w tym trzech hodowców. Dogodne warunki klimatyczne Kalifornii pozwalają prowadzić w warunkach polowych dwa pokolenia w roku, stąd jest znaczny postęp w hodowli nowych odmian.

Powierzchnia uprawy pszenżyta w USA jest stosunkowo niewielka, bo obejmuje tylko 400000 ha i uprawiane są głównie odmiany pastewne zielonkowe. Nie ma jeszcze dużego zapotrzebowania na ziarno pszenżyta.

Formy zielonkowe mają duże znaczenie ekonomiczne, gdyż w wielu stanach (Teksas, Alabama, Oklahoma, Kansas, Mississippi) w okresie jesienno-zimowym prowadzi się na nich wypas bydła, a następnie po zakończeniu użytkowania pastwiskowego w lutym i marcu zbiera się zboże na ziarno. Dla przykładu tylko w Teksasie prawie 3 mln ha pszenicy jest wypasane przez pewien okres w roku. Taka praktyka wypasu bydła, którą stosują farmerzy, wymaga testowania w warunkach naturalnych bardzo dużego materiału hodowlanego pszenżyta, z uwagi na dużą reakcję odmian na przygryzanie i związany z tym spadek plonu ziarna.

Na podstawie wieloletnich doświadczeń stwierdziliśmy, że najlepsze wyniki dały odmiany pszenżyta wyprowadzone z krzyżowań z żytem tetraploidalnym i lokalnymi pszenicami. Około 30% odmian pszenżyta traci zimotrwałość po przygryzaniu. Występuje także duża zmienność pod względem zdolności do regeneracji odrostów.

W roku 1999 wyhodowaliśmy bezostne formy pszenżyta (z dominującymi genami bezostności), co będzie miało wielki wpływ na zwiększenie sprzedaży nasion dla celów pastewnych.

Jednym z głównych kierunków naszej hodowli jest hodowla heterozyjna, którą rozpoczęto w 1983 roku. W latach 1983–1992 wprowadzono do pszenżyta pięć różnych cytoplazm: *Aegilops orata*, *Ae. juvenalis*, *Ae. sharonensis*, *Triticum timopheevii* i *Ae. heldreichii*. Już wstępne obserwacje wykazały, że w hodowli heterozyjnej największe znaczenie będą miały dwie cytoplazmy *timopheevi* i *sharonensis*. W następnych latach ograniczono prace hodowlane pszenżyta z cytoplazmą *timopheevi*, z powodu braku

stabilności sterility w różnych warunkach klimatycznych. Po wyhodowaniu dobrego dopełniacza RSI 335 dla tej cytoplazmy wznowiliśmy ostatnio testowanie mieszańców.

Odmiany z cytoplazmą *sharonensis* charakteryzują się wcześniejszym dojrzewaniem ziarna. (około 5–7 dni). Rozmnażanie form męskosterylnych w hodowli heterozyjnej nie wydaje się narażać na kłopoty. Wieloletnie obserwacje zapylania form *cms sharonensis* wykazały, że przy stosunku 3:1 (*cms* do zapylacza) zawiązywanie ziarna kształtowało się w granicach 82% (Kalifornia i Waszyngton) Niższy procent zapylenia obserwowano w Teksasie — 55%, co prawdopodobnie spowodowane było często występującą wysoką temperaturą powietrza w okresie kwitnienia. Najlepszą naszą odmianą na bazie formy męskosterylnej jest *cms* 154, która jest rozmnażana w stanie Waszyngton na powierzchni około 300 ha.

W latach 1995–1999 wyselekcjonowaliśmy trzy rody pszenżyta przywracające płodność cytoplazmie *sharonensis*. Przywracanie płodności w mieszańcach F_1 jest na poziomie 70–75%. Stwierdziliśmy, że 98% populacji pszenżyta ma geny przywracające męską bezpłodność w F_1 , a tylko 1–2% odmian posiada właściwości przywracania płodności w F_1 . Sytuacja jest odmienna niż w przypadku cytoplazmy *T. timopheevi*. Badania genetyczne wykazały, że obecność 2 genów jest konieczna do przywrócenia płodności w F_1 .

Nie znaleziono form przywracających płodność dla cytoplazmy *Ae. ovata* i *Ae. heldreichii*. Ostatnio wyodrębniliśmy odmianę pszenżyta Juv 236 przywracającą płodność cytoplazmie *Ae. juvenalis*.

Badania nad efektami heterozji mieszańców F_1 prowadzimy od roku 1995, a doświadczenia umiejscowione są w różnych stanach. Największe efekty heterozji obserwuje się w stanie Waszyngton, a najmniejsze w stanie Teksas. Najlepsze mieszańce dają efekty heterozji rzędu 30–45%. Ekonomicznie opłacalnym mieszańcem w produkcji jest mieszaniec, dający co najmniej 25% efektu heterozji w porównaniu do najlepszych odmian wzorcowych (uwzględniając także pszenice) i to po wypasaniu. Obecny rok, a może i następny, wykażą czy sprostamy tym wymaganiom. Powstaje pytanie, jak stabilny będzie plon mieszańców w różnych latach i miejscowościach? Dotychczasowe wyniki wskazują, że tylko nieliczne mieszańce (1–2) charakteryzują się względną stabilnością plonowania.

Należy również odpowiedzieć na pytanie, czy uzyska się wystarczające efekty heterozji mieszańców na polach farmerskich i jak stabilny będzie mechanizm genetyczny przywracania płodności?

Nowością w naszym programie hodowli heterozyjnej jest próba badania zróżnicowania genetycznego odmian pszenżyta drogą prowadzenia doświadczeń F_1 metodą siewnikową. W tym celu testuje się odmiany w kulturach piaskowych pozbawionych pierwiastka boru. Przy braku lub bardzo niskim poziomie boru większość genotypów jest męskosterylna i można je wykorzystać do produkcji nasion mieszańcowych. Poziom boru w kulturach piaskowych nie może być wyższy niż 0,02 μMB . Zawartość boru o koncentracji 1 μMB powoduje całkowitą płodność. Tą metodą można uzyskać dużą liczbę mieszańców o sporej ilości nasion, które następnie można wykorzystać do doświadczeń prowadzonych na większych polach.

W ostatnich latach zaznaczył się duży postęp w hodowli form krótkosłomych. Wytworzony w latach 1985–1994 krótkosłomy materiał wyjściowy pochodzący z mutacji chemicznych posłużył do krzyżowań z odmianami pszenżyta posiadającymi geny karłowatości *rht1* i *rht21*, a także do licznych krzyżowań pomiędzy mutantami krótkosłomymi i karłowymi.

W wyniku tych prac wyprowadziliśmy odmiany krótkosłome, a także karłowe, które testowane są w różnych warunkach klimatycznych.

W roku 2003 w uprawie produkcyjnej znajdowało się 15 odmian pszenżyta. Największy areal uprawy znajduje się w Teksasie.

W ostatnich kilku latach rozpoczęto badanie przydatności niektórych polskich odmian pszenżyta do uprawy w warunkach klimatu amerykańskiego. Brane są pod uwagę takie odmiany jak: Alzo, Bogo, Kitaro, Krakowiak, Mah3800, Lamberto, Eldorado, Pinokio. W bieżącym roku w stanach Kalifornii, Oregonu i Waszyngtonu obserwowano epidemiczne porażenie pszenicy i triticale rdzą pasiastą (Stripe rust). Porażeniu uległy również kłosa, co spowodowało obniżenie płodności i znaczne pomarszczenie ziarna. Pszenżyto Mah 3800, Presto i Kitaro uległo najmniejszemu porażeniu.

WIESŁAW MĄDRY¹
ZBIGNIEW LAUDAŃSKI²
MARCIN KOZAK¹
JAN ROZBICKI³

¹Katedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa SGGW, Warszawa

²Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

³Katedra Agronomii SGGW, Warszawa

Empiryczne porównanie sekwencyjnej analizy składowych plonu i analizy ścieżek pojedynczych dla plonu ziarna pszenżyta ozimego i jego składowych

An empirical comparison of sequential yield component analysis and single path analysis for winter triticale grain yield and its components

Celem tej pracy jest przedstawienie wyników badań porównawczych nad oceną uwarunkowania plonu ziarna z jednostki powierzchni pszenżyta ozimego przez jego składowe iloczynowe, tj. liczbę kłosów na jednostce powierzchni, średnią liczbę ziaren w kłosie oraz średnią masę ziarniaka, przy użyciu sekwencyjnej analizy składowych plonu i analizy ścieżek pojedynczych. W badaniach wykorzystano dane z obserwacji wymienionych cech w uprawowym doświadczeniu czynnikowym typu 2⁸. Uzyskane wyniki analizy danych eksperymentalnych ilustrują i potwierdzają coraz większą zgodność ocen współczynników ścieżek w obu metodach, jako mierników wpływu składowych na plon, dla coraz później kształtujących się w ontogenezie cech plonotwórczych. Stwierdzone empirycznie, duże podobieństwo ocen wpływu składowych plonu na plon przy użyciu porównywanych metod może nie sprawdzić się w przypadkach, kiedy cechy plonotwórcze są silniej skorelowane. W rozpatrywanym, bowiem przykładzie doświadczalnym składowe plonu były dość słabo skorelowane.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek pojedynczych, plon ziarna, pszenżyto ozime, sekwencyjna analiza składowych plonu, sekwencyjne kształtowanie składowych plonu, składowe plonu

The aim of the paper was to present results of comparative studies on evaluation of grain yield determination of winter triticale by its multiplicative components (number of ears per unit area, average number of grains per ear and average grain weight) when using sequential yield components analysis (SYCA) and single path analysis. In the studies, data were used from a 2⁸ factorial experiment. The results of the investigation confirm and illustrate a better agreement between estimates of path coefficients, as measures of influence of the yield-related traits on yield, for the components forming in more advanced stages of ontogenesis. Such an empirically confirmed, close agreement of effects of

yield components on yield, found when using the both methods, may not repeat in cases when the yield-related traits are stronger correlated. In the presented example the yield components were weakly correlated.

Key words: grain yield, single path analysis, sequential development of yield components, sequential yield component analysis (SYCA), winter triticale, yield components

WSTĘP

Plon rolniczy z pojedynczej rośliny lub roślin na jednostce powierzchni (dalej zwany plonem) jest cechą ilościową, określającą najważniejszy ze względów praktycznych, końcowy rezultat skomplikowanego procesu ontogenezy roślin. Jest on uwarunkowany przez znaczną liczbę różnorodnych przyczyn. Zależnie od kierunku i celu badań można rozpatrywać jego uwarunkowanie przez czynniki środowiskowe (siedliskowe i uprawowe) i genetyczne (geny i genotypy), procesy fizjologiczne lub inne przyczyny. Wszystkie te czynniki wpływają zarówno na plon, jak i na te cechy ilościowe roślin i łanu, które mają określone znaczenie plonotwórcze. Najważniejszymi cechami plonotwórczymi są składowe plonu (Fraser i Eaton, 1983; Kozak, 2002). Analiza zależności między plonem a cechami plonotwórczymi, zwłaszcza składowymi plonu, umożliwia dokonanie opisu uwarunkowania plonu przez te cechy roślin, dostarczając wiedzy o ich ilościowej roli w kształtowaniu plonu. Może więc stanowić cenny przedmiot badań nad mechanizmem plonowania roślin oraz kryteriami selekcji na plon w programie hodowlanym (Rasmusson i Cannell, 1970; Fraser i Eaton, 1983; Mohammadi i in., 2003) i biologicznymi podstawami uprawy roślin (Rozbicki, 1997).

Cechy plonotwórcze roślin i łanu mogą kształtować się jednocześnie w trakcie ontogenezy roślin, albo też sekwencyjnie, czyli w określonej kolejności, częściowo w tych samych oraz różnych okresach ontogenezy. W wyniku działania wspólnych czynników na plonotwórcze procesy rozwoju i wzrostu roślin w kolejnych okresach oraz działania mechanizmu fizjologicznego wzajemnej kompensacji cech produktywności roślin w łanie, cechy plonotwórcze w populacji genotypów lub warunków środowiskowych są zazwyczaj w różnym stopniu i kierunku skorelowane (Ranga Rao i Ramachandram 1977; Campbell i Kondra, 1978; Mohammadi i in., 2003).

W analizie zależności plonu od cech plonotwórczych stosuje się różne metody statystyczne. Najczęściej wykorzystuje się analizę liniowej regresji wielokrotnej, a zwłaszcza jej modyfikację — analizę ścieżek (Fraser i Eaton, 1983; Gierdziewicz i Zajac, 1999; Gołaszewski i in., 2000; Guler i in., 2001; Mohammadi i in., 2003). Mimo, że jest ona metodą konwencjonalną, to ma pewne wady w zastosowaniu do cech plonotwórczych kształtujących się sekwencyjnie (Eaton i in., 1986; Gołaszewski, 1996; Kozak, 2002). Zgodnie z interpretacją cząstkowych współczynników regresji (Elandt, 1964; Draper i Smith, 1973; Wójcik i Laudański, 1989; Zieliński, 1998) ocenia ona wpływ każdej takiej cechy plonotwórczej na plon przy założeniu, że pozostałe cechy plonotwórcze są ukształtowane na dowolnym poziomie. Jednak, przy znanej kolejności kształtowania się sekwencyjnych cech plonotwórczych, tak zdefiniowane w analizie ścieżek ich efekty na plon są tym bardziej miarodajne (zgodne z mechanizmem biologicznym), im cecha

plonotwórcza kształtuje się później w ontogenezie. Cenne są więc propozycje takich metod statystycznych, w których można rozpatrywać względne efekty cech plonotwórczych na plon, zgodnie z kolejnością ich kształtowania się. Wartościową propozycją takiej metody jest sekwencyjna analiza składowych plonu.

Sekwencyjna analiza składowych plonu (ang. sequential yield component analysis — w skrócie SYCA) została zaproponowana przez Eatona i Kyte (1978), Eatona i MacPhersona (1978) oraz Jolliffe i wsp. (1982) dla logarytmowanej skali multiplikatywnych składowych plonu kształtujących się sekwencyjnie. Gołaszewski (1996) dostosował ją do skali oryginalnej dowolnych cech plonotwórczych i plonu i w takiej postaci jest ona rozpatrywana w niniejszej pracy. Opis podstaw teoretycznych sekwencyjnej analizy składowych plonu w wersji Gołaszewskiego przedstawili Mądry i Kozak (2000) oraz Kozak (2002), zaś jej zastosowanie dla różnych cech plonotwórczych (między innymi składowych plonu) pszenżyta ozimego podali Mądry i wsp. (2000).

Sekwencyjna analiza składowych plonu pozwala analizować uwarunkowanie plonu (Y) przez takie ilościowe cechy plonotwórcze roślin i ładu $X = [X_1, \dots, X_k]'$, które kształtują się sekwencyjnie (kolejność zapisu cech plonotwórczych X_i ($i = 1, \dots, k$) jest zgodna z kolejnością ich kształtowania w ontogenezie).

Autorzy niniejszej pracy podjęli badania nad przydatnością i promocją tej, wartościowej ich zdaniem, metody w badaniach agronomicznych. Celem tej pracy jest przedstawienie wyników badań porównawczych nad oceną uwarunkowania plonu ziarna z jednostki powierzchni pszenżyta ozimego przez jego składowe iloczynowe, tj. liczbę kłosów na jednostce powierzchni, średnią liczbę ziaren w kłosie oraz średnią masę ziarniaka (Kozak, 2002), przy użyciu sekwencyjnej analizy składowych plonu i analizy ścieżek pojedynczych. W badaniach wykorzystano dane z obserwacji wymienionych cech w uprawowym doświadczeniu czynnikowym typu 2⁸.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie wieloczynnikowe 2⁸ z pszenżytem ozimym odmiany Presto przeprowadzono w roku 1993 na Polu Doświadczalnym w Chylicach k. Warszawy, należącym do byłej Katedry Szczegółowej Uprawy Roślin (obecnej Katedry Agronomii) SGGW. Badano następujące czynniki: termin siewu, dawka N, podział dawki N i termin jej stosowania, stosowanie dokarmiania dolistnego, retardanta, fungicydu i insektycydu (Rozbicki, 1997). Doświadczenie zaplanowano w układzie bloków niekompletnych w jednym powtórzeniu (Mądry i in., 1995). Liczba poletek wynosiła 256. Kombinacje uprawowe na tych poletkach traktujemy jako próbę reprezentatywną (w przybliżeniu losową) w stosunku do nieskończonej licznej populacji potencjalnie możliwych kombinacji uprawowych, zgodnych z zalecanymi obecnie metodami uprawy pszenżyta ozimego w badanym siedlisku, tj. miejscowości i roku. Przyjmujemy także, że wartości obserwowanych cech, tj. plonu ziarna i jego składowych w rozpatrywanej populacji kombinacji uprawowych mają rozkład normalny lub zbliżony do niego. Do przyjęcia tych założeń uprawnia nas stosowanie w doświadczeniu wielu czynników i ich wszystkich możliwych kombinacji,

z których żadna nie stwarza ekstremalnych warunków uprawy, np. bardzo dużej obsady, decydującej o kształtowaniu się innych składowych.

Powierzchnia poszczególnych poletków wynosiła 30 m². Na każdym poletku (po odcięciu pasów ochronnych) wydzielono 6 m² do badań prowadzonych w okresie wegetacji oraz 18 m² do zbioru ziarna. Po zbiorze obserwowano plon ziarna z jednostki powierzchni (Y) oraz jego trzy składowe, tj. liczbę kłosów na jednostce powierzchni (X₁), średnią liczbę ziaren w kłosie (X₂) oraz średnią masę ziarniaka (X₃). Plon ziarna oraz jego składowe obserwowano na powierzchniach próbnych 1 m², wyciętych z części 6 m² poletków doświadczalnych. Plon ziarna przeliczano na wilgotność normatywną, tzn. 15% zawartości wody. Kłosa z powierzchni próbnych wymłacano oraz ważono ziarna. Wyznaczano masę losowej próbki 500 ziaren, dzięki czemu uzyskiwano średnią masę ziarniaka. Średnią liczbę ziaren w kłosie obliczano na podstawie ilorazu masy ziarna na 1 m² oraz liczby kłosów na 1 m² i średniej masy ziarniaka (Rozbicki, 1997).

Na podstawie danych doświadczalnych dla 256 poletków obliczono średnie oraz współczynniki zmienności obserwowanych cech. Wykonano także analizy korelacji prostych tych cech oraz analizę ścieżek i sekwencyjną analizę składowych plonu według algorytmu Mądrego i Kozaka (2000).

WYNIKI I DYSKUSJA

Zmienność cech, analiza korelacji prostych i analiza ścieżek

Największą zmiennością wśród badanych cech wyróżniały się plon ziarna na 1 m², zaś wśród jego składowych najbardziej zmienna była liczba kłosów na 1 m², natomiast zdecydowanie małą zmiennością odznaczała się średnia masa ziarniaka (tab. 1).

Tabela 1

Średnie i charakterystyki zmienności cech pszenżyta ozimego (n = 256 obserwacji z doświadczenia czynnikowego 2⁸)
Means and variability characteristics of winter triticale traits (n = 256 observations from a factorial experiment 2⁸)

Cecha Trait	Średnia Mean	Współczynnik zmienności % Coefficient of variation %
X ₁ — liczba kłosów na 1 m ² X ₁ — number of ears per 1 m ²	450,7	17,6
X ₂ — średnia liczba ziaren w kłosie X ₂ — average number of grains per ear	28,9	13,4
X ₃ — średnia masa ziarniaka w g X ₃ — average grain weight in g 10 ⁻³	51,1	5,9
Y — plon ziarna w g/1 m ² Y — grain yield in g/1m ²	670,4	24,7

Z racji na uwarunkowanie zmienności analizowanych cech pszenżyta ozimego odmiany Presto przez czynniki uprawowe w badanej populacji jednostek doświadczalnych, przeprowadzone oceny zależności plonu ziarna z jednostki powierzchni od jego trzech składowych mają charakter zależności całkowicie środowiskowych.

Analiza korelacji prostych (tab. 2) wykazała, że najsilniej dodatnio skorelowana z plonem była liczba kłosów na 1 m² oraz średnia liczba ziaren w kłosie. Obie korelacje były istotne. Nie stwierdzono natomiast istotnej korelacji między średnią masą ziarniaka a plonem. Analiza ta wykazała również istotne, dodatnie lub ujemne, dość słabe współzależności między składowymi plonu. Dodatnią korelację ($r = 0,37^{**}$) stwierdzono pomiędzy liczbą kłosów na 1 m², a średnią liczbą ziaren w kłosie. Świadczy to o dużym potencjale plonowania tej odmiany pszenżyta ozimego, ponieważ lepsze warunki wegetacji roślin, powodujące wzrost obsady kłosów (przy stałej normie wysiewu nasion), mogą zwiększać jednocześnie drugą składową, tj. średnią liczbę ziarniaków w kłosie. Pozostałe słabe korelacje pomiędzy składowymi plonu były istotnie ujemne.

Tabela 2

Macierz ocen współczynników korelacji dla plonu ziarna pszenżyta ozimego i jego składowych
Correlation matrix for winter triticale grain yield and its components

	X ₁ (liczba kłosów na 1m ² number of ears per 1m ²)	X ₂	X ₃
X ₂ — średnia liczba ziaren w kłosie X ₂ — average number of grains per ear	0,37**	1,00	×
X ₃ — średnia masa ziarniaka X ₃ — average grain weight in g10 ⁻³)	-0,24**	-0,13*	1,00
Y — plon ziarna w g/1 m ² Y — grain yield in g/1m ²	0,86**	0,73**	0,00
* Istotne przy $\alpha = 0,05$	0,01 < P ≤ 0,05		
* Significant at the level $\alpha = 0.05$	0.01 < P ≤ 0.05		
** Istotne przy $\alpha = 0,01$	P ≤ 0,01		
**Significant at the level $\alpha = 0.01$	P ≤ 0.01		

Uzyskano następującą ocenę liniowej funkcji regresji wielokrotnej dla plonu ziarna względem jego składowych:

$$\hat{E}(Y|X_1, X_2, X_3) = 1,52X_1 + 20,91X_2 + 12,77X_3 - 1273,91 \quad (1)$$

natomiast dla zmiennych standaryzowanych postać ta jest następująca:

$$\hat{E}(y|x_1, x_2, x_3) = 0,73x_1 + 0,49x_2 + 0,23x_3 \quad (2)$$

Duża wartość współczynnika determinacji liniowej ($R^2 = 98,8\%$) wskazuje na dużą dokładność opisu uwarunkowania zmienności plonu przez jego składowe za pomocą liniowej funkcji regresji wielokrotnej.

Z funkcji regresji (1) wnioskujemy, że wpływ bezpośredni każdej składowej na plon był dodatni. Z testowania hipotez o zerowych wartościach cząstkowych współczynników regresji wynika, że wszystkie one były istotne. Zatem oznacza to, że współczynniki ścieżek w równaniu (2) są istotne. Współczynniki ścieżek w równaniu (2) wskazują, że największy bezpośredni wpływ na plon wywierała liczba kłosów na 1m², znacznie mniejszy średnia liczba ziaren w kłosie, natomiast zdecydowanie najmniejszy średnia masa ziarniaka.

Analiza współczynników korelacji prostej (tab. 3), przeprowadzona w ramach analizy ścieżek, wykazała, że duża dodatnia wartość współczynnika korelacji ($r = 0,86$) między plonem a liczbą kłosów na 1 m² wynikała głównie z dużego dodatniego efektu bezpo-

średniego tej składowej na plon, jak również, w mniejszym stopniu, z dodatniego efektu pośredniego tej składowej poprzez średnią liczbę ziaren w kłosie.

Natomiast dość duża wartość dodatnia współczynnika korelacji pomiędzy plonem a średnią liczbą ziaren w kłosie ($r = 0,73$) wynikała przede wszystkim z dodatniego efektu bezpośredniego tej składowej oraz z dodatniego efektu pośredniego poprzez liczbę kłosów na 1 m^2 .

Interesujący jest charakter związku plonu i średniej masy ziarniaka. Otóż, zerowy współczynnik korelacji między tymi cechami wynikał z kompensacji istotnego dodatniego wpływu bezpośredniego średniej masy ziarniaka na plon oraz ujemnych efektów pośrednich tej składowej poprzez liczbę kłosów na 1 m^2 oraz średnią liczbę ziaren w kłosie.

Tabela 3

Analiza współczynników korelacji prostej w analizie ścieżek dla plonu ziarna pszenżyta ozimego i jego składowych

Analysis of simple correlation coefficients for winter triticale grain yield and its components			
	X_1	X_2	X_3
X_1 — liczba kłosów na 1 m^2 X_1 — number of ears per 1 m^2	<u>0,73</u>	0,27	-0,17
X_2 — średnia liczba ziaren w kłosie X_2 — average number of grains per ear	0,18	<u>0,49</u>	-0,06
X_3 — średnia masa ziarniaka w mg X_3 — average grain weight in $\text{g } 10^{-3}$	-0,06	-0,03	<u>0,23</u>
Y — plon ziarna w $\text{g}/1 \text{ m}^2$ Y — grain yield in $\text{g}/1 \text{ m}^2$	0,86	0,73	0,00

Czcionką podkreśloną oznaczone są efekty bezpośrednie danej składowej na plon

Underlined numbers denote direct effects of a yield component

Czcionką pogrubioną oznaczone są współczynniki korelacji prostej między plonem a daną składową

Bolded numbers denote simple correlation coefficient between grain yield and its component

Czcionką normalną oznaczone są efekty pośrednie składowej z danej kolumny na plon przez składową z danego wiersza;

Normal numbers denote indirect effect of a yield component via another yield component

Sekwencyjna analiza składowych plonu

Ocena liniowej funkcji regresji wielokrotnej plonu względem jego ortogonalnych składowych przyjęła postać:

$$\hat{E}(Y|Z_1, Z_2, Z_3) = 1,79Z_1 + 20,49Z_2 + 12,77Z_3 - 135,05 \quad (3)$$

natomiast dla zmiennych standaryzowanych ma ona postać:

$$\hat{E}(y|z_1, z_2, z_3) = 0,860z_1 + 0,445z_2 + 0,225z_3 \quad (4)$$

Wyniki uzyskane tą metodą przedstawiono w tabeli 4. Oceniając względny wpływ każdej składowej na plon za pomocą ocen współczynników ścieżek $\hat{p}_{yz_i}$ stwierdzono, że ich efekty były dodatnie i istotne. Stwierdzono, że największy względny wpływ na plon wywierała liczba kłosów na 1 m^2 ($\hat{p}_{yz_1} = 0,86$) warunkując około 74% jego zmienności.

Średnia liczba ziaren w kłosie w dużo mniejszym stopniu ($\hat{p}_{yz_2} = 0,45$) determinowała zmienność plonu, warunkując około 20% tej zmienności. Natomiast w najmniejszym stopniu wpływała na plon średnia masa ziarniaka ($\hat{p}_{yz_3} = 0,23$), która wyjaśniała około 5%

zmienności plonu. Różnice wielkości wpływów składowych plonu okazały się istotne (Kozak, 2002).

Tabela 4

Sekwencyjna analiza składowych plonu ziarna pszenżyta ozimego
Sequential yield component analysis for grain yield of winter triticale

Składowe plonu Yield components	X ₁	X ₂	X ₃	Reszta Residual
$\hat{p}_{yz_i}$	0,860 c+	0,445 b	0,225 a	×
Udział w zmienności plonu (%) Contribution in yield variation (%)	73,96	19,80	5,06	1,18

(+) Różne litery *a*, *b* i *c* oznaczają istotne różnice współczynników ścieżek dla $\hat{p}_{yz_i}$; The letters *a*, *b* and *c* indicate significant differences between path coefficients for $\hat{p}_{yz_i}$

Zauważmy, że w rozpatrywanych badaniach doświadczalnych, ze względu na opisany sposób obserwacji wszystkich trzech składowych plonu, reszty (odchylenia regresyjne) są spowodowane tylko niedopasowaniem modelu liniowego do multiplikatywnej zależności empirycznej między plonem, a jego składowymi (Eaton i Kyte, 1978; Eaton i MacPherson, 1978; Kozak, 2002). Udział tych reszt w zmienności plonu wyniósł tylko około 1%, co świadczy o dobrym przybliżeniu funkcyjnej multiplikatywnej zależności plonu od jego składowych przez liniowy model regresji wielokrotnej.

Porównanie wnioskowania przy użyciu sekwencyjnej analizy składowych plonu i analizy ścieżek

Określając przydatność sekwencyjnej analizy składowych plonu do oceny uwarunkowania zmienności plonu przez kolejno kształtujące się w ontogenezie cechy plonotwórcze (w tym przypadku składowe plonu), porównamy wyniki i wnioski w rozpatrywanym przykładzie uzyskane za pomocą nowej proponowanej metody oraz analizy ścieżek, która jest standardową metodą, stosowaną do rozpatrywanych badań. Z podstaw matematycznych obu tych metod wynika, że w każdej z nich efekt kolejno rozwijającej się cechy plonotwórczej na plon jest zdefiniowany za pomocą współczynnika ścieżki w modelu regresji wielokrotnej plonu względem przyczynowych zmiennych standaryzowanych (Wright, 1934, 1960; Kang i Seneta, 1980; Mądry i in., 1995; Gołaszewski, 1996; Mądry i Kozak, 2002). W analizie ścieżek tymi zmiennymi przyczynowymi są oryginalne standaryzowane cechy plonotwórcze, zaś w sekwencyjnej analizie plonu są nimi standaryzowane ortogonalne cechy plonotwórcze. Wobec tego, analizę porównawczą wniosków statystycznych wyprowadzonych za pomocą tych dwóch metod, możemy przeprowadzić na podstawie ocen współczynników ścieżek $\hat{p}_{yz_i}$ (Mądry i Kozak, 2000) w sekwencyjnej analizie składowych plonu i współczynników ścieżek $\hat{p}_{yx_i}$ w analizie ścieżek (Mądry i Kozak, 2000). W każdej z tych metod odpowiednie współczynniki ścieżek, odnoszące się do poszczególnych cech plonotwórczych są porównywalną miarą ich wpływu na plon.

Oceny współczynników ścieżek $\hat{p}_{yz_i}$ i $\hat{p}_{yx_i}$ (Mądry i Kozak, 2000) podano w tabeli 5.

Tabela 5

Porównanie ocen współczynników ścieżek otrzymanych w sekwencyjnej analizie plonu i analizie ścieżek dla sekwencyjnych cech składowych plonu ziarna pszenżyta ozimego
Comparison of estimates for path coefficients obtained in sequential yield component analysis and single path analysis of winter triticale grain yield and its components

Składowe plonu Yield components	X_1	X_2	X_3
$\hat{p}_{yz_i}$	0,86	0,45	0,23
$\hat{p}_{yx_i}$	0,73	0,49	0,23

Stwierdzono generalnie duże podobieństwo ocen tych współczynników ścieżek dla wszystkich składowych plonu w porównywanych metodach. Ich podobieństwo było coraz większe dla składowych plonu rozwijających się coraz później. Oceny współczynników ścieżek dla średniej masy ziarniaka jako trzeciej, ostatniej w ontogenezie kształtującej się składowej plonu, były jednakowe w obu metodach.

Uzyskane wyniki analizy danych eksperymentalnych ilustrują i potwierdzają coraz większą zgodność ocen współczynników ścieżek $\hat{p}_{yz_i}$ i $\hat{p}_{yx_i}$ dla coraz później kształtujących się w ontogenezie cech plonotwórczych. Ta własność obu metod jest dostrzegalna na podstawie teorii matematycznych tych metod. Stwierdzone duże podobieństwo ocen wpływu składowych plonu na plon przy użyciu porównywanych metod może nie sprawdzić się w przypadkach, kiedy cechy plonotwórcze są silniej skorelowane. W rozpatrywanym, bowiem przykładzie doświadczalnym składowe plonu były dość słabo skorelowane (tab. 2).

PODSUMOWANIE

Rozważania teoretyczne nad interpretacją parametrów, wyrażających efekty kolejnych cech plonotwórczych w sekwencyjnej analizie składowych plonu i analizie ścieżek oraz uzyskane wyniki wnioskowania statystycznego w rozpatrywanym przykładzie wskazują, że sekwencyjna analiza składowych plonu jest metodą odpowiednią do oceny uwarunkowania plonu przez cechy plonotwórcze kształtujące się sekwencyjnie w okresach ontogenezy. W przykładzie doświadczalnym przy użyciu obu metod uzyskano podobne oceny wpływu słabo skorelowanych składowych na plon. Z teorii liniowej regresji wielokrotnej wynika, że takiego podobieństwa wniosków nie uzyska się dla silniej skorelowanych składowych plonu lub innych cech plonotwórczych. Jednak empiryczne sprawdzenie tego przypuszczenia i ilustracja wyników wymaga dalszych badań statystycznych na danych doświadczalnych dla wielu gatunków roślin uprawnych oraz różnych, nie tylko składowych plonu, cech plonotwórczych.

Z własności matematycznych sekwencyjnej analizy składowych plonu wynika, że oceny wpływu silniej skorelowanych cech plonotwórczych na plon uzyskane przy użyciu

tej metody lepiej przystają do rzeczywistości badanego zjawiska i są bardziej miarodajne, niż w analizie ścieżek, ponieważ odpowiadają one naturze ontogenetycznego, sekwencyjnego kształtowania się cech plonotwórczych.

Dodatkowym walorem sekwencyjnej analizy składowych plonu jest możliwość, poprawnego statystycznie i miarodajnego merytorycznie (Draper i Smith, 1973; Wójcik i Laudański, 1989; Neter i in., 1990), określenia struktury wielkości wpływu (udziału) cech plonotwórczych rozwijających się sekwencyjnie na zmienność plonu. Możliwość tę stwarzają kwadraty współczynników ścieżek $\hat{p}_{yz_i}^2$.

Warto na koniec zaznaczyć, że składowe plonu do badań nad uwarunkowaniem przez nie plonu rolniczego w analizie SYCA i analizie ścieżek pojedynczych powinny być tak wybrane, aby ich zbiór nie zawierał składowych zastępujących się i przez to silnie skorelowanych (Mohammadi i wsp., 2003). Przykładem takiego podzbioru składowych plonu dla zbóż może być liczba kłosek w kłosie, średnia liczba ziaren w kłosku i uwarunkowana przez te dwie cechy liczba ziaren w kłosie. Jakkolwiek w przypadku zbioru składowych plonu zawierających cechy zastępujące się, wyniki oceny wielkości wpływu każdej z nich za pomocą metody SYCA mają sens formalny, to jednak ocena struktury ich wkładu w uwarunkowanie zmienności plonu jest niezgodna z rzeczywistością. W podanym przykładzie zastępujących się składowych plonu, badacz powinien zdecydować, czy zależy mu bardziej na ocenie wpływu dwóch wcześniej kształtujących się składowych (liczby kłosek w kłosie i średniej liczby ziaren w kłosku), czy też uwarunkowanej przez nie (wynikowej składowej plonu) liczby ziaren w kłosie. Przy pierwszej decyzji powinny być wprowadzone do modelu regresyjnego SYCA tylko liczba kłosek w kłosie i średnia liczba ziaren w kłosku (obok innych składowych plonu), przy drugiej zaś decyzji w modelu regresyjnym, obok innych niezastępujących się składowych plonu, powinna znaleźć się tylko liczba ziaren w kłosie.

LITERATURA

- Campbell D. C., Kondra Z. P. 1978. Relationships among growth patterns, yield components and yield in rapeseed. *Can. J. Plant Sci.* 58: 87 — 93.
- Draper N. R., Smith H. 1973. *Analiza regresji stosowana*. PWN, Warszawa.
- Eaton G. W., Bowen P. A., Jolliffe P. A. 1986. Two-dimensional partitioning of yield variation. *HortScience*, 21: 1052 — 1053.
- Eaton G. W., Kyte T. R. 1978. Yield component analysis in strawberry. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 103: 578 — 583.
- Eaton G. W., MacPherson E. A. 1978. Morphological components of yield in cranberry. *Hort. Res.* 17: 73 — 82.
- Elandt R. 1964. *Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczeń rolniczych*. PWN, Warszawa.
- Fraser J., Eaton G. W. 1983. Applications of yield component analysis to crop research. *Field Crop Abstracts*, 36: 787 — 796.
- Gierdziewicz M., Zajac T. 1999. Porównanie metod szacowania siły związku między plonem ziarna pszenżyta ozimego a jego elementami strukturalnymi. *Pamiętnik Puławski. Materiały Konferencji*, 114: 111 — 118.
- Gołaszewski J. 1996. A method of yield component analysis. *Listy Biometryczne* 33: 79 — 88.
- Gołaszewski J., Idzkowska M., Milewska J., Koczowska I., Kosiorek A. 2000. Analiza komponentów plonowania roślin uprawnych. *Fragm. Agron.* 68: 15 — 27.
- Guler M., Adak M. S., Ulukan H. 2001. Determining relationships among yield and some yield components using path analysis in chickpea. *Europ. J. Agron.* 14: 161 — 166.

- Jolliffe P. A., Eaton G. W., Lovett Doust J. 1982. Sequential analysis of plant growth. *New Phytologist* 92: 287 — 296.
- Kang K. M., Seneta E. 1980. Path analysis: An exposition. *Developments in statistics*, (ed.) Krishnaiah P. R., Amsterdam: 217 — 245.
- Kozak M. 2002. Statystyczna analiza uwarunkowania zmienności plonu roślin przez jego składowe. Praca doktorska, SGGW, Warszawa.
- Mądry W., Rozbicki J., Wyszynski Z. 1995. Planowanie doświadczeń czynnikowych $2k$ w 2^k blokach niekompletnych oraz analiza statystyczna wyników. *Rocz. Nauk Rol. Seria A*, 111: 57 — 71.
- Mądry W., Kozak M. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności plonu od cech ładu. Cz. I. Opis metod. *Rocz. Nauk Rol., Seria A*, 115: 143 — 157.
- Mądry W., Kozak M., Rozbicki J. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności plonu od cech ładu. Część II. Zastosowanie metod i porównanie wyników dla pszenżyta ozimego. *Rocz. Nauk. Rol., Seria A*, 115: 159 — 172.
- Mądry W., Pietrzykowski R., Rozbicki J. 1995. Analiza współczynników ścieżek dla cech rozwijających się w trakcie ontogenezy oraz plonu ziarna pszenżyta ozimego. *Rocz. Nauk Rol., Seria A*, 111: 9 — 21.
- Mohammadi S. A., Prasanna S. A., Singh N. N. 2003. Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. *Crop Sci.* 43: 1690 — 1697.
- Neter J., Wasserman W., Kutner M. H. 1990. *Applied linear statistical models. Regression, analysis of variance, and experimental designs.* IRWIN, New York.
- Ranga Rao V., Ramachandram M. 1977. An analysis of association of components of yield and oil in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Theor. Appl. Gen.* 50: 185 — 191.
- Rasmusson D. C., Cannell R. Q. 1970. Selection for grain yield and components of yield in barley. *Crop Sci.*, 10: 51 — 54.
- Rozbicki J. 1997. Agrotechniczne uwarunkowania wzrostu, rozwoju i plonowania pszenżyta ozimego. Rozprawa habilitacyjna. Fundacja Rozwój SGGW, Warszawa.
- Wójcik A. R., Laudanski Z. 1989. Planowanie i wnioskowanie statystyczne w doświadczałnictwie. PWN, Warszawa.
- Wright S. 1934. The method of path coefficients. *Annals of Math. Stat.* 5: 161 — 215.
- Wright S. 1960. Path coefficients and path regressions: alternative or complementary concepts? *Biometrics*, 16: 423 — 445.
- Zieliński W. 1998. Analiza regresji. Fundacja „Rozwój SGGW”, Warszawa.

JACEK WAGA**HELENA GRZESIK**

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Analiza elektroforetyczna białek zapasowych kilku rodów pszenżyta ozimego odpornych na porastanie

Electrophoretic analysis of storage proteins in some winter triticale strains resistant to preharvest sprouting

Analizowano polimorfizm białek zapasowych wybranych rodów pszenżyta ozimego, odpornych na przedźniwne porastanie ziarna, w porównaniu z odmianą wzorcową Bogo wykazującą dużą skłonność do porastania. Zaobserwowano różnice w składzie podjednostek białek zapasowych zarówno gliadyn, jak i glutenin pomiędzy odpornymi na porastanie rodami i porastającą odmianą Bogo. Różnice te mogą być genetycznie powiązane ze zmiennością badanej cechy, co sugeruje możliwość wykorzystania ich jako biochemicznych markerów porastania.

Słowa kluczowe: analiza elektroforetyczna, białka zapasowe, przedźniwne porastanie, pszenżyto

The polymorphism of storage proteins was analyzed in some strains of winter triticale resistant to preharvest sprouting, in comparison with susceptible to sprouting variety Bogo. Based on the electrophoretic analysis differences in subunits composition of storage proteins were observed between the resistant to sprouting strains and the Bogo variety with regard to both gliadins and glutenins. These differences may be genetically associated with variability of the studied trait. It suggests a possibility of using them as biochemical markers of preharvest sprouting.

Key words: electrophoretic analysis, preharvest sprouting, storage proteins, triticale

WSTĘP

W warunkach klimatycznych Polski odporność na porastanie zbóż ma bardzo duże znaczenie. Według Tarkowskiego (1978), Węgrzyna i wsp. (1991), Weidner (1992) przeciętnie w roku porastanie występuje na 5–10% plantacji (dane szacunkowe). Straty wywołane porastaniem przedźniwnym w kłosach są bardzo duże i choć trudno je dokładniej ocenić ogólnie można powiedzieć, że są to zarówno straty ilościowe, jak i jakościowe — obniża się wartość siewna i technologiczna ziarniaków (Wahl i Rourke, 1992; Moś, 2003; Moś i Wójtowicz, 2002).

Odporność na porastanie jest cechą złożoną, zależną od genotypu rośliny (odmiany) i w dużym stopniu od interakcji genotypu ze środowiskiem, zwłaszcza od przebiegu pogody w okresie dojrzwania ziarna i zbioru roślin. Zwracają na to uwagę również Doliński (1995) oraz Derycke i wsp. (2002). Wpływ czynników abiotycznych (światła, wody i temperatury) na przedźniwne porastanie pszenżyta opisują również Shishlova i Shishlova (2002).

Pomimo bardzo licznych badań odporności na porastanie mechanizm powstawania tej cechy, do tej pory, nie został wyjaśniony. Jak podaje Moś (1994) wielu autorów podkreśla znaczną rolę stanu spoczynkowego ziarniaków oraz podwyższonej aktywności alfa amylazy w występowaniu tego zjawiska. Według Flinthan i Gale (1982) oraz Gale i wsp. (1988) odporność na porastanie wiąże się z genami karłowatości *Rht₃*, które wpływają hamująco na aktywność alfa amylazy. Geny te zlokalizowane są na chromosomie 4B — dawny 4A (Morris i in., 1972). Geny warunkujące odporność na porastanie znajdują się na wielu chromosomach, a według Zanettiego i wsp. (2000) głównie na chromosomach 2A, 5A, 6A i 7B. Rybka i Małuszyńska (2002), oceniając porastanie substytucyjnych linii pszenżyta odmiany Presto, sugerują, że geny warunkujące odporność na porastanie mogą być zlokalizowane na chromosomie 3R. Obecnie podejmowane są próby rozwiązania problemu odporności na porastanie z wykorzystaniem technik biologii molekularnej: poszukiwanie markerów molekularnych, mapowanie genów, QTL, poszukiwanie powiązania genów warunkujących zawartość białka z genami warunkującymi odporność na porastanie (między innymi Varshney i in., 2001).

W niniejszej pracy analizowano polimorfizm białek zapasowych wybranych rodów pszenżyta ozimego w porównaniu z wzorcową odmianą Bogo. Celem badań było stwierdzenie, które spośród zidentyfikowanych frakcji białkowych mogą być wykorzystane w charakterze biochemicznych markerów porastania.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły rody pszenżyta ozimego odporne na porastanie (powyżej 6 w skali 9-stopniowej) oraz porastająca odmiana Bogo. Wspomniane rody pszenżyta uzyskano w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Grzesik, 2002).

Odporność na porastanie oznaczano metodą Schmidta (cyt. za Ruebenbauer i Brej, 1957) z wykorzystaniem skali bonitacyjnej od 9 do 1, (9 — oznacza całkowitą odporność, 1 — całkowite porośnięcie). Bonitację prowadzono po 3, 6 i 9 dniach, a uzyskane wyniki sprowadzano do jednej wartości (Węgrzyn i in., 1991). Liczbę sedymentacji oznaczano metodą Zeleny'ego-Greenwaya (1960), a zawartość białka metodą spektrofotometryczną w bliskiej podczerwieni (NIR — near infra-red spectroscopy).

Gliadyny analizowano metodą elektroforezy kwaśnej (A PAGE) w środowisku buforu mleczanowo-glinowego pH = 3,1, natomiast gluteniny elektroforezą w środowisku zasadowym z dodatkiem soli sodowej siarczanu dodecyłu (SDS PAGE) (Laemmli, 1970; Bushuk i Zilmann, 1978). Analizowano po 20 ziarniaków każdej badanej formy.

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie wartości oceny porastania, liczby sedymentacji i zawartości białka, zakres oraz współczynniki zmienności tych cech dla badanych rodów pszenżyta, a także odmiany Bogo zestawiono w tabeli 1.

Tabela 1

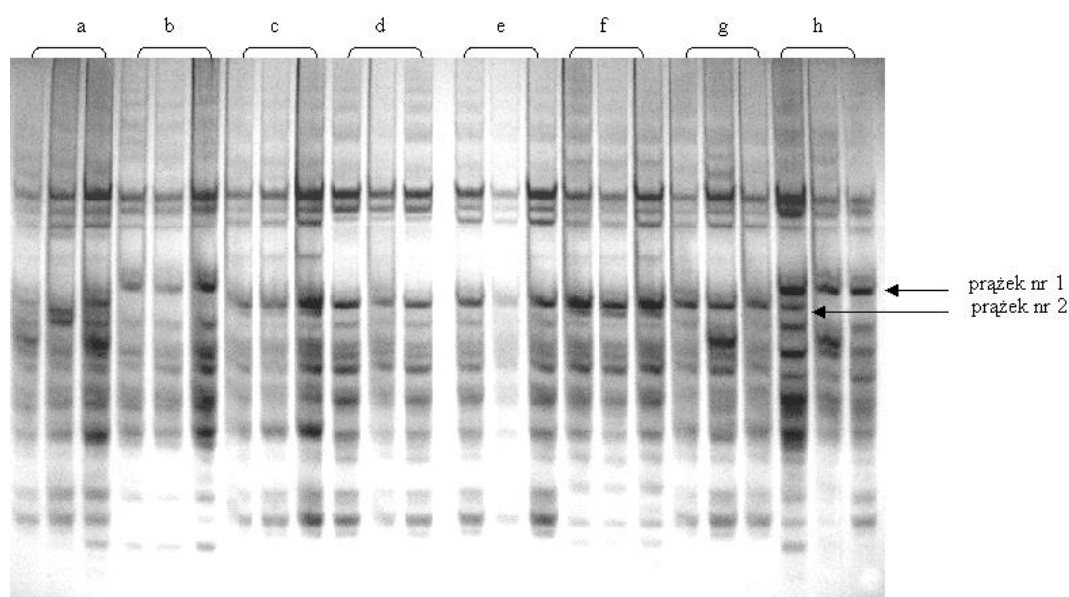
Średnie, zakresy i współczynniki zmienności (CV%) porastania, liczby sedymentacji i białka kilku rodów pszenżyta ozimego w latach 1994–2000
Mean values, range of variability and coefficients of variability (CV%) of preharvest sprouting, sedimentation value and protein content of some winter triticale strains in 1994–2000

Ród Strain	Porastanie Preharvest sprouting			Liczba sedymentacji Sedimentation value			Białko Protein content		
	średnia mean	zakres range	CV%	średnia mean	zakres range	CV%	średnia mean	zakres range	CV%
Tm 103/2000	6,3	5,0–7,3	13,4	18,2	15–22	17,1	11,6	8,8–14,0	17,0
Tm 107/2000	6,9	4,0–8,2	25,3	18,6	15–23	15,5	11,6	10,7–13,0	7,0
Tm 108/3/2000	6,2	3,0–8,2	31,9	14,9	8–19	24,1	11,2	7,7–13,7	20,1
Tm 109/1/2000	7,3	5,6–8,2	14,8	17,9	13–21	15,0	11,1	8,6–14,2	16,2
Tm 109/3/2000	6,7	5,4–7,7	13,0	14,3	9–19	26,1	10,8	8,6–13,1	14,6
Tm 111/2000	7,4	5,9–8,2	11,5	17,7	13–20	14,1	11,0	8,6–13,7	15,1
Bogo	2,7	1,5–3,5	17,1	17,0	13–20	15,0	11,6	10,0–13,7	13,3

Analizując wyniki oznaczeń wykonanych w latach 1994 do 2000 można zauważyć, że w przypadku porastania największą zmienność w latach wykazywał ród Tm 108/3/2000 — współczynnik zmienności (CV%) wynosił 31,9, a następnie Tm 107/2000 (CV% — 25,3), najmniejszą zaś, ród Tm 111/2000 (CV% — 11,5). Ocena liczby sedymentacji najbardziej różniła się w przypadku rodów Tm 109/3/2000 i Tm 108/3/2000 — współczynniki zmienności CV% wynosiły odpowiednio 26,1 i 24,1. Największą zmienność zawartości białka wykazywał ród Tm 108/3/2000 (CV% — 20,1), a najmniejszą ród Tm 107/2000 (CV% — 7,0). Wyniki te są zbliżone do wyników opisanych we wcześniejszych pracach (Węgrzyn i in., 1998; Grzesik i in., 2001; Grzesik i in., 2003). Zmienność tych cech w latach wydaje się zrozumiała, gdyż omawiane cechy są silnie modyfikowane przez warunki środowiska, a zwłaszcza przez warunki pogodowe.

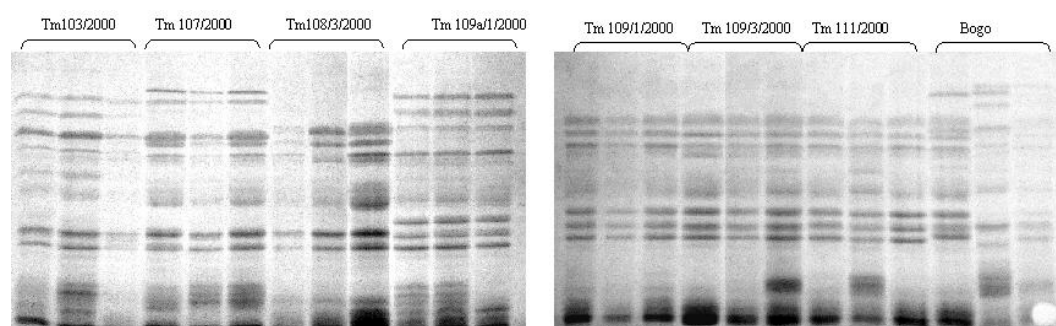
Analiza elektroforetyczna białek zapasowych wykazała zróżnicowanie badanych form pszenżyta ozimego zarówno pod względem gliadyn, jak i glutenin wysokocząsteczkowych. Wyraźne różnice obserwowano pomiędzy odmianą Bogo, a odpornymi na porastanie rodami pszenżyta (rys. 1 i 2). Uwagę zwraca fakt, iż Bogo stanowi formę wieloliniową — składa się ona z trzech biotypów. Na obrazach przedstawiono charakterystyczne dla nich kombinacje prążków elektroforetycznych.

W przypadku białek gliadynowych obserwowano polimorfizm wewnątrzliniowy (zróżnicowanie obrazów elektroforetycznych pojedynczych ziarniaków w obrębie jednego genotypu) dla rodów Tm 103/2000 oraz Tm 111/2000. Pozostałe rody były liniami czystymi pod względem genów kodujących gliadyny.



Rys. 1. Obraz prolamin monomerycznych wybranych rodów pszenżyta ozimego odpornych na porastanie oraz porastającej odmiany Bogo (a. Tm 103/2000, b. Tm 107/2000, c. Tm 108/3/2000, d. Tm 109a/1/2000, e. Tm109/1/2000, f. Tm 109/3/2000, g. Tm 111/2000, h. Bogo)

Fig. 1. Electrophoregrams of monomeric prolamins of some winter triticale strains resistant to sprouting and variety Bogo susceptible to sprouting



Rys. 2. Obraz glutenin wysokocząsteczkowych wybranych rodów pszenżyta ozimego odpornych na porastanie oraz porastającej odmiany Bogo

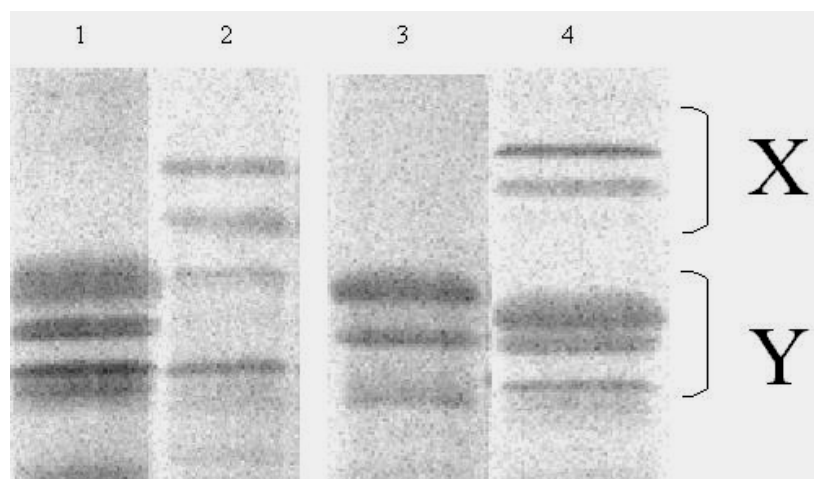
Fig. 2. Electrophoregrams of high molecular glutenin subunits of some winter triticale strains resistant to sprouting and variety Bogo susceptible to sprouting

Różnice między odmianą Bogo, a rodami odpornymi na porastanie obserwowano w środkowej strefie obrazu elektroforetycznego, w której zlokalizowane są prążki należące do grupy γ -gliadyn. Dwa spośród trzech zidentyfikowanych biotypów odmiany Bogo nie zawierały prążka oznaczonego numerem 2, który występował we wszystkich rodach z wyjątkiem rodu Tm 107/2000. Ród ten podobnie jak dwa wspomniane biotypy odmiany

Bogo zawierał prążek oznaczony jako 1. Z kolei trzeci biotyp tej odmiany zawierał kombinację obu rozpatrywanych gliadyn: 1 + 2. Polimorficzny ród Tm 103/2000 zawierał odmienne od opisanych kombinacje gliadyn w tej strefie obrazu elektroforetycznego. W przypadku pszenicy Varshney i wsp. (2001) zidentyfikowali loci molekularnych markerów: jeden (Xwmc41) związany z zawartością białka w ziarnie był zlokalizowany na chromosomie 2DL i dwa (Xwmc104 i Xmst101) związane z przedźniwnym porastaniem były zlokalizowane odpowiednio na chromosomach 6BS i 7DL. Biorąc pod uwagę, że loci niektórych γ -gliadyn są zlokalizowane na chromosomie 6BS (Payne, 1984) obserwowane zróżnicowanie mogłoby sugerować powiązanie białek zapasowych typu γ -gliadyn z porastaniem.

W nieco niżej położonej strefie obrazu elektroforetycznego zajmowanej przez białka z grupy β -gliadyn również obserwowano różnice pomiędzy badanymi formami triticales. Rody Tm 108/3/200, Tm 109a/1/2000, Tm 109/1/2000, Tm 109/3/2000 zawierają charakterystyczną kombinację trzech prążków, której nie obserwowano w żadnej z pozostałych badanych form.

W przypadku glutenin wysokocząsteczkowych polimorfizm wewnątrz linii obserwowano tylko w odmianie Bogo. Pozostałe rody były jednolite. Wyraźne różnice można obserwować między wzorcami elektroforetycznymi Bogo, a rodami odpornymi na porastanie. Charakterystycznym elementem różnicującym badane formy pszenżyta jest obecność lub brak podjednostek typu "X", co może wiązać się z właściwościami technologicznymi badanych genotypów (rys. 3).



Rys. 3. Podjednostki typu „X” oraz „Y” glutenin wysokocząsteczkowych obserwowane w wybranych formach pszenżyta ozimego (1. Tm108/3/2000, 2. Tm 109a/1/2000, 3. Tm 109/1/2000, 4. Tm 107/2000)
Fig. 3. The „X” and „Y” type high molecular weight glutenin subunits observed in some winter triticales forms

Gluteniny wysokocząsteczkowe są kodowane genami zlokalizowanymi na chromosomach 1A, 1B i 1D. Każdy z tych genów tworzy serie alleli wielokrotnych. W przypadku odmian

i rodów pszenicy większość allelicznych wariantów z grupy chromosomu 1B i 1D koduje po dwie podjednostki białkowe różniące się ciężarem cząsteczkowym. Cięższe określane są literą "X", natomiast lżejsze — "Y". Stwierdzono, że gluteniny typu "X" w większym stopniu decydują o korzystnych cechach jakościowych genotypu niż "Y". Cechą charakterystyczną pszenicy jest obecność podjednostek "X" i "Y", z kolei obraz elektroforetyczny żyta składa się tylko z podjednostek "Y". Ten fakt decyduje, między innymi, o unikalnych właściwościach technologicznych pszenicy (Kączkowski, 2002). Można więc przypuszczać, że zróżnicowanie badanych rodów pszenżyta pod względem obecności lub braku glutenin typu "X" może mieć wpływ na ich właściwości wypiekowe mąki. Częściowo przemawiają za tym wstępne wyniki analiz technologicznych (tab. 1).

PODSUMOWANIE

1. Zaobserwowano różnice w składzie podjednostek białek zapasowych zarówno gliadyn, jak i glutenin między rodami odpornymi na porastanie (Tm108/3/2000, Tm 109a/1/2000, Tm 109/1/2000, Tm 109/3/2000 oraz Tm111/2000), a porastającą odmianą Bogo. Różnice te są warunkowane genetycznie i mogą być powiązane ze zmiennością badanej cechy, co sugeruje możliwość wykorzystania ich jako biochemicznych markerów porastania.
2. Badane rody są zróżnicowane pod względem obecności lub braku cięższych frakcji glutenin typu "X", co może wiązać się z ich wartością technologiczną.

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.
- Derycke V., Haesaert G., Latre J., Struik P. C. 2002. Relation between laboratory sprouting resistance test and field observations in triticale (*X Triticosecale* Wittmack) genotypes. Proc. of 5th International Triticale Symposium, Radzików, Poland, vol. I: 123 — 133.
- Doliński R. 1995. Ocena polskich odmian uprawnych i rodów hodowlanych heksaploidalnego ozimego pszenżyta pod względem odporności na porastanie. Biul. IHAR 195/196: 147 — 158.
- Flintham I. E., Gale M. D. 1982. The Tom Thumb dwarfing gene *Rht3* in wheat. I Reduced preharvest sprouting damage to bread making quality. Theor Appl. Genet. 62: 121 — 126.
- Gale M. D., Salter A. M., Curtis F. C., Angus W. J. 1988. The exploitation of the Tom Thumb dwarfing gene, *Rht3*, in F₁ hybrid wheats. IAEA-TECDOC — 455. Semi-dwarf cereal mutants and their use in cross-breeding III: 57 — 68.
- Grzesik H. 2002. Charakterystyka rodów pszenżyta ozimego odpornych na porastanie. Biul. IHAR 223/224: 145 — 150.
- Grzesik H., Gut M., Węgrzyn S., Cygankiewicz A. 2001. Związek porastania z innymi cechami heksaploidalnego pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Witt.). Biul. IHAR 218/219: 269 — 275.
- Grzesik H., Gut M., Węgrzyn S., Cygankiewicz A. 2003. Genetyczne uwarunkowania niektórych cech pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 226/227: 227 — 231.
- Kączkowski J. 2002. Struktura i znaczenie jakościowe składników glutenu pszenicy — metody badawcze. Biul. IHAR 223/224: 3 — 31.
- Laemmli V. K. 1970. Cleavage of structural proteins during assembly of the head of bacteriophage T4. Nature, 227: 680 — 685.
- Morris R., Schmidt J. W., Jonson V. A. 1972. Chromosomal location of a dwarfing gene in "Tom Thumb" wheat derivative by monosomic analysis. Crop Sci. 12: 247 — 249.

- Moś M. 1994. Porastanie pszenżyta ozimego. Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej w Krakowie, Rozprawy nr 195.
- Moś M. 2003. Changes in the germinability and vigour of winter triticale seeds with sprouting damage. *Plant Soil Environ.* 49, 3: 126 — 130.
- Moś M., Wójtowicz T. 2002. Variability of field emergence of winter triticale seeds with sprouting damage. *Cereal Res. Commun.* 30, 3/ 4: 391 — 396.
- 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.
- Ruebenbauer T., Brej S. 1957. Hodowla roślin zbożowych. PWRiL, Warszawa.
- Rybka K., Małuszyńska E. 2002. Is the major pre-harvest sprouting resistance locus in triticale localized on the third rye chromosome? *Proc. of 5th International Triticale Symposium, Radzików, Poland, vol. II*: 219 — 222.
- Shishlova N. P., Shishlova A. M. 2002. Influence of abiotic factors on the resistance of winter triticale to pre-harvest sprouting in the conditions of Belarus. *Proc. of 5th International Triticale Symposium, Radzików, Poland, vol. II*: 223 — 228.
- Tarkowski C. 1978. Czynniki warunkujące produktywność roślin. PWN, Warszawa.
- Varshney R. K., Prasad M., Roy J. K., Roder M. S., Balyan H. S., Gupta P. K. 2001. Integrated physical maps of 2DL, 6BS and 7DL carrying loci for grain protein content and pre-harvest sprouting tolerance in bread wheat. *Cereal Res. Commun.* 29, 1/ 2: 33 — 40.
- Wahl T. I., O'Rourke A. D. 1992. The economics of sprout damage in wheat. In: Walker-Simmons M. K., Ried J. L. (eds.). *Pre-harvest sprouting in cereals. USA*: 3 — 7.
- Weidner S. 1992. Przedsprzętne porastanie ziarniaków zbóż i jego regulacja. *Post. Nauk Rol.* 5/ 6: 89 — 104.
- Węgrzyn S., Gut M., Cygankiewicz A., Ptak B. 1991. Odporność rodów i odmian pszenicy (*Triticum aestivum* L.) na porastanie. Część I. Pszenica ozima. *Biul. IHAR* 180: 121 — 129.
- Węgrzyn S., Gut M., Grzesik H., Bichoński A., Struś M. 1998. Resistance to pre-harvest sprouting and other traits of winter triticale. *Proc. of 4th International Triticale Symposium, Red Deer, Alberta, Canada, vol. 2*: 354—356.
- Zanetti S., Winzeler M., Keller M., Keller B., Messmer M. 2000. Genetic analysis of pre-harvest sprouting resistance in a wheat x spelt cross. *Crop Sci.* 40: 1406 — 1417.
- Zeleny L., Greenway W. T., Georgia M., Fifield C. C., Lelsbach K. L. 1960. Sedimentation values an index of dough mixing characteristics in early generation wheat selection. *Cereal Chem.* 37: 673 — 676.

MARIAN GÓRSKIKrajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

Reakcja odmian pszenżyta ozimego na długoterminowe przechowywanie w banku genów

Reaction of winter triticale cultivars to long-term storage in gene bank

Długoterminowe przechowywanie pszenżyta ozimego rozpoczęto w 1983 roku. Obecnie w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR w Radzikowie jest 1130 genotypów pszenżyta ozimego. W latach 1987, 1999 i 2002 wykonano kontrolne badania zdolności kiełkowania. Na podstawie uzyskanych wyników określono reakcje 20 odmian pszenżyta ozimego na warunki przechowywania. Po 15 latach przechowywania zdolność kiełkowania powyżej 90% zachowały następujące odmiany: 6A-964; BF-64R; Bòkolò, C — 97,7. Dla 20 badanych odmian średnia zdolność kiełkowania wynosiła w roku 1987 — 87,6%; 1999 — 80,4%; 2002 — 85,0%.

Słowa kluczowe: odmiany, długoterminowe przechowywanie, pszenżyto ozime, żywotność

The long-term storage of winter triticale seeds in the National Centre for Plant Genetic Resources of the Plant Breeding and Acclimatization Institute at Radzików started in 1983. Currently, 1130 accessions of this plant are stored. The reaction to long-term storage conditions was determined for a control set of 20 cultivars in the years 1997, 1999 and 2002. The average germination capacity changed from 87.6% in 1987, through 80.4% in 1999, to 85.0% in 2002. After 15 years of storage the following cultivars maintained seed germination capacity over 90%: 6A-964; Bf-64R; Bòkolò, C — 97.7.

Key words: cultivars, long-term storage, seed viability, winter triticale

WSTĘP

W Polsce idea wyhodowania pszenżyta zrodziła się na przełomie lat 20 i 30 ubiegłego wieku (Róžański, 1937). W 1978 roku wpisano do księgi zgłoszeń pierwsze rody pszenżyta. Natomiast w 1982r. do rejestru odmian wpisano pierwszą odmianę pszenżyta ozimego Lasko ze SHR Danków (Lista COBORU, 1982). Obecnie do uprawy polecane są 24 odmiany pszenżyta ozimego (Lista COBORU, 2002).

Zasoby genowe krajowych i zagranicznych odmian pszenżyta są przechowywane w bankach genów. Zachowane genotypy są źródłem zmienności w rezerwie (Podlaski

2002) i stanowią materiał wyjściowy dla hodowli (Ruebebauer i Muller, 1985). O wartości hodowlanej tych materiałów decyduje między innymi ich żywotność (Grzesiuk, 1967). Do podstawowych czynników kształtujących żywotność nasion należą: zawartość wody w nasionach oraz czynniki środowiska, takie jak: wilgotność powietrza, temperatura i ciśnienie parcjale tlenu (Górecki i in., 1998). Ponadto ważny jest skład chemiczny atmosfery, stopień zakażenia nasion mikroflorą i fauną oraz uszkodzenia mechaniczne nasion (Zalewski i in., 1997). Długość życia przechowywanych nasion zależy także w dużym stopniu od wyjściowej zdolności kiełkowania (Wiłkojć, 1978).

Korzystny wpływ zmniejszonej zawartości wody w ziarniakach pszenicy ozimej i jarej, żyta ozimego, jęczmienia ozimego i kostrzewy czerwonej, jak również wpływ obniżonej temperatury przechowywania na długotrwałość przechowywanych nasion stwierdził autor (1993, 1995, 1999, 2000, 2001).

Celem pracy jest ocena zdolności kiełkowania 20 rodów i odmian pszenżyta ozimego w długoterminowym przechowywaniu.

MATERIAŁ I METODY

W przechowalni Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR w Radzikowie jest 1130 genotypów pszenżyta ozimego i 920 pszenżyta jarego, które pochodzą z krajowych i zagranicznych ośrodków hodowli roślin. Waloryzację tych genotypów wykonano w Instytucie Genetyki i Hodowli Roślin AR w Lublinie. Pierwsze genotypy przekazano do przechowalni w 1983 roku. Ziarniaki do długoterminowego przechowywania wsypywano do woreczków z rzadkiego płótna i w strumieniu odwodnionego powietrza, w temperaturze 30°C, dosuszano do około 7% zawartości wody. Po oznaczeniu zdolności kiełkowania ziarniaki wsypywano do pojemników szklanych typu „Twist”, które zamykano za pomocą pompy próżniowej. Tak przygotowane pojemniki z ziarnem pszenżyta umieszczono w komorze mroźni w temperaturze około -15°C.

Zmiany zdolności kiełkowania po 12 i 15 latach przechowywania określano za pomocą indeksu zachowania zdolności kiełkowania (Górski, 2001).

Obliczono średnie wartości zdolności kiełkowania dla rodów, odmian i lat przechowywania oraz określono współczynniki zmienności dla analizowanych genotypów.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wyjściowa zdolność kiełkowania przekazanych do przechowalni w 1987 roku 20 badanych rodów i odmian wahała się od 67% u rodu AD-236 do 99% u rodu H-75-M-1, przy średniej dla wszystkich badanych odmian 87,6% i współczynnika zmienności $V = 10\%$ (tab. 1).

Po 12 latach przechowywania w klimatyzowanych warunkach (omówionych w metodyce) zdolność kiełkowania tej samej grupy odmian i rodów wahała się od 52% u rodu 8A-210 do 95% u odmiany Bòkolò. Średnia zdolność kiełkowania dla wszystkich badanych form była niższa i wynosiła 80,4%, a zróżnicowanie odmian było większe, o czym świadczy wyższy współczynnik zmienności ($V = 14\%$).

Tabela 1

Zdolność kiełkowania odmian pszenżyta ozimego i ich podział na grupy według współczynnika zmienności w latach 1987–2000
Seed germination capacity of winter triticale varieties and their grouping according to variability coefficient (V) in the years 1987–2000

Odmiana Variety	Lata Years			X	V	Stopień stabilności Stability degree
	1987	1999	2002			
AD-1	86	73	89	82,7	10	S
AD-236	67	60	85	70,7	18	L
6A-964	95	92	90	92,3	2	S
8A-120	78	65	89	77,3	15	L
8A-210	67	52	93	70,7	29	BL
8A-314	90	80	82	84,0	6	S
B-858	87	77	67	77,0	12	L
BF-64R	95	92	91	92,7	2	S
Bòkolò	96	95	93	94,7	1	S
C-053	98	94	95	95,7	2	S
CB-52/78	97	87	83	89,0	8	S
H-77-8	90	82	87	86,3	4	S
H-176-313	93	89	87	89,7	3	S
H-75-M-1	99	80	95	91,3	10	S
H-75-M-64	91	84	74	83,0	10	S
H-75-M-144	93	86	91	90,0	4	S
HT-77-605	81	72	76	76,3	5	S
Kiskun	88	87	85	86,7	1	S
KK-A12BC	77	74	59	70,0	13	L
KT-77	84	87	89	86,7	2	S
Średnia Mean	87,6	80,4	85,0	84,3	7,1	
Współczynnik zmienności V% Variability coefficient	10	14	11	9,0	98	
S — Stabilne S — Stable	L — Labilne L — Labile			BL — Bardzo labilne BL — Very labile		

Natomiast po 15 latach przechowywania dla tej grupy odmian zakres zdolności kiełkowania wahał się od 59% u rodu KK-A12BC do 95% u rodu C-053 i H-75-M-1 przy średniej 85% i współczynniku zmienności V = 11%.

Średnia zdolność kiełkowania za lata 1987–2002 dla tej grupy odmian była od 70,0% u rodu KK-A12BC do 95,7% u rodu C-053 przy średniej 84,3% i współczynniku zmienności V = 9%.

Po 15 latach przechowywania najwyższą zdolność kiełkowania powyżej 90% zachowały następujące rody i odmiany: BF-64R; H-75-M-144; 8A-210; Bòkolò; C-053; H-75-M-1.

Na podstawie współczynników zmienności obliczonych ze średniej zdolności kiełkowania w latach 1987, 1999 i 2002 wydzielono trzy grupy odmian o różnej reakcji na warunki przechowywania. W grupie o małej różnicy zdolności kiełkowania w latach było 15 odmian. Najmniejsze zróżnicowanie stwierdzono dla rodów i odmian: 6A-964, BF-64R, Bòkolò, C-053, Kiskun i KT-77. Dla tych obiektów współczynnik zmienności V wynosił od 1 do 2%. W grupie odmian o większej reakcji na warunki przechowywania wartość współczynnika zmienności wahała się V = od 11% do 20%, były to 4 odmiany.

Natomiast największe zróżnicowanie w zdolności kiełkowania stwierdzono u rodu 8A-210, a wartość współczynnika zmienności $V = 29\%$.

Po 12 i 15 latach przechowywania wzrost zdolności kiełkowania stwierdzono u rodu KT-77 (tab. 2).

Tabela 2

Indeksy zachowania zdolności kiełkowania i kierunki zmian u odmian pszenżyta ozimego w długoterminowym przechowywaniu
The germination index and the trends of changes in germination capacity of winter triticale in long-term storage

Odmiana Variety	Lata przechowywania Years of preservation			
	12		15	
	Indeks Index	Kierunek Trend	Indeks Index	Kierunek Trend
AD-1	84	-	103	+
AD-236	89	-	126	+
6A-964	96	-	94	-
8A-120	83	-	114	+
8A-210	77	-	138	+
8A-314	88	-	91	-
B-858	88	-	77	-
BF-64 R	96	-	95	-
Bòkolò	98	-	96	-
C-053	95	-	96	-
CB-52/78	89	-	85	-
H-77-8	91	-	96	-
H-176-313	95	-	93	-
H-75-M-1	80	-	95	-
H-75-M-64	92	-	81	-
H-75-M-144	92	-	97	-
HT-77-605	88	-	93	-
Kiskun	98	-	96	-
KK-A12BC	96	-	76	-
KT- 77	103	+	105	+
Średnia Mean	90,9		97,3	
Współczynnik zmienności V% Variability coefficient	7		15	

Kierunek zmian; Trend of changes:

- Malejący; - Decreasing

+ Wzrastający; + Increasing

Reakcja odmian pszenżyta ozimego przechowywanego przez 12 i 15 lat w Banku Genów IHAR w Radzikowie jest podobna do reakcji odmian pszenicy ozimej i jarej, żyta ozimego, jęczmienia ozimego i kostrzewy łąkowej.

WNIOSKI

1. Średnia zdolność kiełkowania rodów i odmian pszenżyta przekazanych do przechowywania wynosiła 87,6%. Po 12 latach przechowywania zdolność kiełkowania wynosiła 80,4%, a po 15 latach 85%.

2. Badane genotypy wykazały różną reakcję na warunki przechowywania, większość z nich (15) odznacza się niewielką obniżką zdolności kiełkowania ziarniaków w porównaniu do próby wyjściowej.

LITERATURA

- Brewbaker J. L. 1970. Genetyka rolnicza. PWRiL, Warszawa: 20 — 23.
- Górski M. 1993. Zdolność kiełkowania ziarniaków pszenicy jarej w długoterminowym przechowywaniu. Biul. IHAR 188: 255 — 260.
- Górski M. 1995. Żywotność ziarniaków pszenicy ozimej w długoterminowym przechowywaniu. Biul. IHAR 193: 95 — 101.
- Górski M. 1999. Zdolność kiełkowania ziarniaków żyta ozimego w długoterminowym przechowywaniu. Biul. IHAR 212: 109 — 114.
- Górski M. 2000. Żywotność ziarniaków jęczmienia ozimego w długoterminowym przechowywaniu. Biul. IHAR 215: 195 — 199.
- Górski M. 2001. Zdolność kiełkowania ziarniaków kostrzewy łąkowej (*Festuca pratensis* Huds.) po 5-letnim przechowywaniu. Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol. 474: 301 — 306.
- Lista odmian roślin rolniczych. 1979. COBORU, Słupia Wielka.
- Lista odmian roślin rolniczych. 1982. COBORU, Słupia Wielka.
- Lista odmian roślin rolniczych. 2002. COBORU, Słupia Wielka.
- Podlaski S. 2002. Zmiany w światowej gospodarce wpływającej na przemysł nasienny. Post. Nauk Rol. 1: 77 — 88.
- Rożański M. 1937. Aktualne zagadnienia rolnictwa praktycznego w dziedzinie nasiennictwa. Pamiętnik VII Ogólno- Polskiego Zjazdu Fachowo-Rolniczego w dniach 2 i 3 marca 1937 r. Warszawa, 1937: 74 — 80.
- Ruebenbauer T., Muller H. 1985. Ogólna hodowla roślin, PWN, Warszawa: 21.
- Zalewski K., Górecki R., Górski M., Witkowski J. 1997. Metabolizm starych nasion. Zmiany fizjologiczne w nasionach roślin strączkowych podczas przechowywania. Biul. IHAR 201: 199 — 210.
- Wiłkojć A. 1978. Uwagi na temat opracowywania prognozy okresu przechowywania nasion. Biul. IHAR 133: 229 — 236.

HELENA GRZESIK**ANNA STRZEMBICKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż w Krakowie

Odporność wybranych odmian pszenżyta ozimego na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*)

Resistance of some winter triticales varieties to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*)

Celem sprawdzenia tożsamości genów odporności na rdzę brunatną wykonano krzyżowania odmian odpornych Presto × Vero, Vero × Ugo i Presto × Ugo. Badania prowadzono w latach 1999–2001. Mieszańce te oraz formy rodzicielskie inokulowano izolatem 65a/95 rdzy brunatnej w stadium siewki w szklarni oraz w stadium kłoszenia w warunkach polowych. Uzyskane wyniki wskazują, że zarówno w badaniach szklarniowych, jak i polowych wszystkie rośliny były odporne podobnie jak formy rodzicielskie. W szklarni w stopniu 0, 1 i 2, a w warunkach polowych w stopniu 9 i 8. Wskazuje to, że odporność odmian Presto, Vero i Ugo na izolat 65a/95 rdzy brunatnej jest warunkowana genami o takim samym działaniu.

Słowa kluczowe: odporność, pszenżyto, rdza brunatna

With a view to determine whether the resistance to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) of the winter triticales varieties Presto, Vero and Ugo is controlled by the same genes, crossing of these varieties was performed. The parental forms, F₁ and F₂ generations were tested at the seedling stage in a greenhouse and at the adult plant stage under field conditions using the isolate 65a/95 of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. The infection in a greenhouse was scored after 14 days and under field conditions it was estimated 2 and 4 weeks following inoculation. The results of testing parental forms and F₁ and F₂ generations, both at the stage of seedling in a greenhouse and in adult plant in the field, indicated that the F₁ and F₂ generations showed resistance similar to that of resistant parents. It can be inferred that resistance of Presto, Vero and Ugo varieties to leaf rust isolate 65a/95 is controlled by the genes of the same action.

Key words: leaf rust, resistance, winter triticales

WSTĘP

Rdza brunatna powodowana przez grzyb *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* występuje na pszenżycie corocznie w mniejszym lub większym nasileniu, tak w Polsce jak i wielu innych krajach (Arseniuk i in., 2000; Arzani i Darvey, 1998; Kociuba, 1994; Mc Intosh

i Singh, 1986; Saari i in., 1986; Strzembicka i in., 1998; 1999; Węgrzyn i in., 1996; Woś i in, 1994 a, 1994 b; Zamorski i Schollenberger, 1995).

W warunkach sprzyjających rozwojowi grzyba nasilenie choroby może być znaczne i w następstwie prowadzić do strat gospodarczych. Jak podaje Udachim i Tarankov cyt. za Schevchenko i Karpachev (1985) każde 10% porażenia liści pszenżyta przez rdzę brunatną powoduje obniżenie plonu ziarna o 3%. Znaczne obniżenie plonu ziarna pszenżyta jarego porażonego przez rdzę brunatną zaobserwowali również Woś i wsp. (1994 a, 1994 b). Sayre i wsp. (1998) badając straty w plonie ziarna powodowane przez rdzę brunatną stosowali inokulację tym patogenem. Autorzy stwierdzili, że straty w plonie ziarna wynikały głównie z redukcji ciężaru ziaren na metr kwadratowy oraz wypełnienia ziaren i w zależności od odmiany wahały się od 6,6 do 62,7%. Były one wysoce skorelowane z wielkością porażenia i powierzchnią pod krzywą rozwoju choroby. Roelfs i wsp. (1992) podają, że straty w plonie ziarna związane są przede wszystkim z redukcją zawiązania ziarniaków, a w czasie silnego porażenia w warunkach suszy występuje również pomarszczenie ziarna. Autorzy uważają, że straty plonu wynikające z porażenia rdzą są zwykle niewielkie (poniżej 10%), ale w warunkach epifitozy mogą być znaczne (nawet do 30% i więcej).

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły trzy odmiany pszenżyta ozimego Presto, Vero i Ugo odporne na rdzę brunatną oraz ich mieszańce w pokoleniu F₁ i F₂, a także, wrażliwa na rdzę brunatną, odmiana pszenicy ozimej — Michigan Amber — jako kontrola. Badania prowadzono w latach 1999–2001. Odporność roślin na *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* oceniano w stadium siewki w warunkach szklarniowych i w stadium rośliny dorosłej w polu przy zastosowaniu inokulacji izolatem 65a/95. Izolat ten charakteryzował się wysoką częstotliwością występowania w krajowej populacji patogena i wykazywał znaczną wirulencję wobec linii monogenicznych pszenicy ze znanymi genami odporności (*Lr*) będąc awirulentny tylko wobec linii *Lr* 9, *Lr* 19 i *Lr* 24 (Strzembicka, 1997; Strzembicka i Gruszecka, 1997).

W szklarni siewki inokulowano w stadium drugiego liścia. Porażenie roślin oceniano po 14 dniach w skali pięciostopniowej: 0; — odporne, 4 — podatne. W polu rośliny inokulowano przez opryskiwanie zawiesiną uredospor *Puccinia recondita* (z dodatkiem Tween 20) w stadium 8–9 w skali Feekesa. Ocenę stopnia porażenia przeprowadzano po 2 i 4 tygodniach po inokulacji w skali 9 — stopniowej (1 — podatny, 9 — odporny).

WYNIKI I DYSKUSJA

W wyniku uprzednio prowadzonych badań nad odpornością pszenżyta na rdzę brunatną stwierdzono, że odmiany Presto, Vero i Ugo są odporne na izolat 65a/95 i 81c/95 rdzy brunatnej zarówno w stadium siewki w szklarni, jak i w fazie rośliny dorosłej w warunkach polowych (tab. 1; Grzesik, Strzembicka, 1999). Celem sprawdzenia tożsamości genów odporności na rdzę brunatną wykonano krzyżowania odmian odpornych Presto × Vero,

Vero × Ugo i Presto × Ugo. Mieszańce te oraz formy rodzicielskie inokulowano izolatami 65a/95 *Puccinia recondita* w stadium siewki w szklarni oraz w stadium kłoszenia w warunkach polowych. Badania prowadzono w latach 1999–2001.

Tabela 1

Wyniki inokulacji kilku odmian pszenżyta ozimego izolatami 65a/95 i 81c/95 *Puccinia recondita* w stadium siewki w szklarni oraz roślin dorosłych w polu
Leaf rust tests with *Puccinia recondita* isolates 65a/95 and 81c/95 on some winter triticale varieties at the seedling and adult plant stages of growth

Odmiany Varieties	Stadium siewki w szklarni Seedling stage in greenhouse		Stadium rośliny dorosłej w polu Adult plant stage in field	
	izolaty — isolates		mieszanina izolatów — mixtures of isolates	
	65a/95	81c/95	65a/95 + 81c/95	
Almo	4	0;–1	6	5
Bogo	0;–1	0;	9	8
Tornado	4	0;	6	5
Presto	0;	0;	9	9
Ugo	0;	0;	9	9
Vero	0;–1	0;	9	9
Pszenica ozima — Winter wheat Michigan Amber	4	4	3	3

Skala: w szklarni: 0; — Odporne, 4 — Podatne, w polu: 9 — Odporne, 1 — Podatne

Score: in greenhouse: 0; — Resistant, 4 — Susceptible, in field: 9 — Resistant, 1 — Susceptible

Wyniki przeprowadzonych badań pokolenia F₁ i F₂ mieszańców Presto × Vero, Vero × Ugo i Presto × Ugo (tab. 2.) wykazały, że zarówno w badaniach szklarniowych, jak i polowych wszystkie rośliny były odporne, podobnie jak formy rodzicielskie. W szklarni w stopniu 0; 1 i 2, a w warunkach polowych w stopniu 9 i 8. Odmiana kontrolna — pszenica ozima Michigan Amber — była porażona w warunkach szklarniowych w stopniu 4, a w warunkach polowych w stopniu 2, 3 (tab. 1).

Otrzymane wyniki świadczą, że odporność odmian Presto, Vero i Ugo na izolat 65a/95 *Puccinia recondita* jest warunkowana genami o takim samym działaniu. Sugeruje to jednakowy system odporności w tych odmianach. Jest to uzasadnione tym, że pochodzenie odmian: Presto (Wolski, 1986) i Vero (Banaszak, 2002 inf. ustna) jest podobne. Wywodzą się one z materiałów węgierskich — Kissa opartych na plazmie zarodkowej *Triticum turgidum* i materiałów amerykańskich — Jenkinsa opartych na plazmie zarodkowej *Triticum durum*. Odmiana Ugo (Cichy, 2003 inf. ustna) w pochodzeniu ma również materiały amerykańskie oparte na cytoplazmie *Triticum durum*.

Jak podaje wielu autorów, między innymi Casulli i wsp. (1983), Roelfs i wsp. (1992), Singh i wsp. (1992), Strzembicka i wsp. (2001), Szwed-Urbaś (1988), pszenica twarda (*Triticum durum*) należy do gatunków na ogół odpornych na rdzę brunatną. Odporność wielu form *Triticum durum* warunkowana jest genem *Lr 23*, a w niektórych przypadkach także genem *Lr 3*, *Lr 10* i *Lr 13* (Saini i in., 1988; Singh i in., 1992; Sharma i in., 1996).

Tabela 2

Wyniki inokulacji pszenżyta pokolenia F₁ i F₂ izolatem 65a/95 *Puccinia recondita* w stadium siewki w szklarni oraz roślin dorosłych w polu
Leaf rust tests with *P. recondita* isolate 65a/95 at the seedling and adult plant stages of growth in F₁ and F₂ generations

Rodzice i mieszańce Parents and crosses	Liczba roślin — Number of plants														Ogółem Total
	w szklarni — in greenhouse					w polu — in field									
	odporne — resistant					odporne — resistant				podatne — susceptible					
	0;	1	2	x	Σ*	9	8	7	Σ*	6	5	4	3	Σ*	
F ₁															
Presto	198	3	4	—	205	200	4	—	204	—	—	—	—	—	204
Vero	184	8	6	—	198	288	—	—	288	—	—	—	—	—	288
Presto × Vero	244	8	3	—	255	218	—	—	218	—	—	—	—	—	218
Vero	182	21	3	—	206	195	—	—	195	—	—	—	—	—	195
Ugo	155	45	3	10	213	161	—	—	161	—	—	—	—	—	161
Vero × Ugo	326	40	6	3	375	357	—	—	357	—	—	—	—	—	357
Presto	154	15	12	10	191	173	1	—	174	—	—	—	—	—	174
Ugo	140	36	8	—	184	161	—	—	161	—	—	—	—	—	161
Presto × Ugo	234	27	5	1	267	258	—	—	258	—	—	—	—	—	258
F ₂															
Presto	90	5	4	—	99	68	—	—	68	—	—	—	—	—	68
Vero	94	5	1	—	100	57	—	—	57	—	—	—	—	—	57
Presto × Vero	301	26	10	—	337	223	—	—	223	—	—	—	—	—	223
Vero	58	7	1	—	66	42	—	—	42	—	—	—	—	—	42
Ugo	50	17	1	—	68	47	—	—	47	—	—	—	—	—	47
Vero × Ugo	425	138	17	7	587	225	2	—	227	—	—	—	—	—	227
Presto	61	5	4	—	70	34	—	—	34	—	—	—	—	—	34
Ugo	47	15	3	—	65	43	—	—	43	—	—	—	—	—	43
Presto × Ugo	639	100	18	5	762	259	—	—	259	—	—	—	—	—	259

Σ* — Suma badanych roślin; Sum of tested plants

Skala: w szklarni: 0; — Odporne, 4 — Podatne, w polu: 9 — Odporne, 1 — Podatne

Score: in greenhouse: 0; — Resistant, 4 — Susceptible, in field: 9 — Resistant, 1 — Susceptible

Z poprzednich naszych badań (Grzesik i Strzembicka, 1999) wynika, że odporność na izolat 65a/95 *Puccinia recondita* w stadium siewki odmian Presto i Ugo warunkowana jest dwoma genami, a odmiany Vero jednym genem dominującym. W stadium rośliny dorosłej odporność badanych odmian warunkowana była jednym do trzech genów. Identyfikacja genów odporności będzie możliwa drogą krzyżowania odmian odpornych z liniami prawie izogenicznymi z genami odporności *Lr* na *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*.

PODSUMOWANIE

Odporność odmian Presto, Vero i Ugo na izolat 65a/95 rdzy brunatnej jest warunkowana genami o takim samym działaniu. Sugeruje to jednakowy system odporności w tych odmianach, a więc w hodowli odpornościowej może być wykorzystana ta z nich, która charakteryzuje się najlepszymi cechami użytkowymi.

LITERATURA

- Arseniuk E., Woś H., Woźniak-Strzembicka A. 2000. Aspects of triticale disease research in Poland. Vortr. Pflanzenzüchtg. 49. 63 — 72.
- Arzani A., Darvey N. L. 1998. Assessment of double haploids and mid- generation populations of forage and dual purpose triticale for rust resistance under Australian conditions. Proc. of the 4th International Triticale Symposium, Canada, vol. 1: 164 — 172.
- Casulli F., Siniscalco A., Tommasi F. 1983. Reaction of durum and bread wheat to some physiological races of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. Phytopathologia Mediterranea 22, 3: 147 — 151.
- Grzesik H., Strzembicka A. 1999. Studies on inheritance of the resistance to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) of winter triticale varieties at the seedling and adult plant stages. Plant Breed. Seed Sci. 43, 1: 85 — 89.
- Kociuba W. 1994. Field estimation of resistance to fungal diseases in collection of spring triticale (X *Triticosecale* Wittmack). Genet. Pol. 35B: 187 — 191.
- Mc Intosh A. R., Singh S. J. 1986. Rusts-real and potential problems for triticale. Proc. International Triticale Symposium, Sydney: 199 — 207.
- Roelfs A. P., Singh R. P., Saari E. E. 1992. Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management. Mexico, D. F.: CIMMYT: 81 pp.
- Saini R. G., Gupta A. K., Gupta S. 1988. Diverse genes for leaf resistance for some durum wheats. Plant Dis. Res. 3: 96 (Abst.).
- Saari E., Varughese G., Abdalla O. A. 1986. Triticale diseases: distribution and importance. Proc. International Triticale Symposium, Sydney: 208 — 231.
- Sayre K. D., Singh R. P., Huerta-Espino J., Rajaram S. 1998. Genetic progress in reducing losses to leaf rust in CIMMYT — derived Mexican spring wheat cultivars. Crop Sci. 38: 654 — 659.
- Schevchenko V. E., Karpachev V. V. 1985. Genetic resistance to fungus diseases in all triticale varieties. Genetics and Breeding of Triticale. Eucarpia Meeting, Clermont-Ferrand, 2–5 July 1984: 565 — 571.
- Sharma S. C., Saini R. G., Goel R. K. 1996. Diversity for new leaf rust resistance genes in some macaroni wheat accessions. Cereal Rust and Powdery Mildews Bulletin, 24, 1/2: 35 — 38.
- Singh H., Dhalival H. S., Gill K. S. 1992. Diversity for leaf rust resistance in *Triticum durum* germplasm. Cereal Rust and Powdery Mildews Bulletin, 20, 1/2: 62 — 67.
- Strzembicka A. 1997. Virulence of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Poland. J. Appl. Gen. 38B: 101 — 105.
- Strzembicka A., Gruszecka D. 1997. Characteristics of X *Triticosecale* Wittmack with *Aegilops* sp. hybrids with respect to their reaction to leaf rust. J. Appl. Gen. 38 B: 129 — 134.
- Strzembicka A., Grzesik H., Węgrzyn S., Gajda Z. 1999. Charakterystyka rodów pszenżyta ozimego pod względem odporności na rdzę brunatną i rdzę żółtą. Biul. IHAR 211: 191 — 197.
- Strzembicka A., Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2001. Charakterystyka wybranych odmian i linii *Triticum durum* pod względem odporności na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*). Biul. IHAR 220: 53 — 58.
- Strzembicka A., Węgrzyn S., Grzesik H. 1998. Ocena rodów hodowlanych pszenżyta pod względem odporności na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*). Biul. IHAR 205: 273 — 277.
- Szwed-Urbaś K. 1988. Polowa ocena odporności na choroby grzybowe w kolekcji *Triticum durum* Desf. Biul. IHAR 168: 13 — 20.
- Węgrzyn S., Strzembicka A., Grzesik H., Gajda Z. 1996. Evaluation of the triticale breeding materials with respect to their reaction to fungal diseases. Triticale today and tomorrow. H. Guedes-Pinto et al. (eds.), Kluwer Academic Publisher, Dordrecht: 315 — 320.
- Wolski T. 1986. Charakterystyka odmian pszenżyta i perspektywy ich uprawy. Hodowla i Uprawa Pszenżyta. Materiały Konferencyjne AR Lublin, SITR Lublin: 12 — 18.
- Woś H., Maćkowiak W., Cichy H., Paizert K. 1994 a. Susceptibility of winter triticale to glume blotch, leaf rust and scald. Hod. Rośl. Aklim. T. 38. Z. 3/4: 223 — 227.
- Woś H., Maćkowiak W., Mazurkiewicz L., Milewski G. 1994 b. Podatność pszenżyta jarego na rdzę brunatną (*Puccinia recondita*). Zeszyty Nauk. AR Szczecin. Nr 162, Rolnictwo LVIII: 277 — 280.
- Zamorski Cz., Schollenberger M. 1995. Występowanie chorób pszenżyta w Polsce. Biul. IHAR 195/196: 197 — 208.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**JAROSŁAW BOJARCZUK**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu² Hodowla Roślin Smolice

Ocena interakcji rodów pszenżyta jarego i żyta jarego ze środowiskiem

Komunikat

Estimation of environmental interactions of breeding strains of spring tritcale and spring rye

Short communication

Zmienne warunki naszego klimatu powodują, że w strukturze zasiewów potrzebne są jare gatunki zbóż. Celem pracy była ocena rodów pszenżyta jarego i żyta jarego oraz ich interakcji z miejscowościami. Doświadczenia polowe z pszenżytem jarym założono z 42 obiektami w tym dwa wzorce, w trzech powtórzeniach, w czterech miejscowościach, w układzie kraty prostokątnej. Wielkość poletek do zbioru wynosiła 10 m². Wzorcami były dwie odmiany Wanad i Kargo. W doświadczeniu z żytem jarym porównywano ród SMH 301 z odmianą wzorcową Abago, w trzech powtórzeniach, w czterech miejscowościach, w układzie kompletnej randomizacji. Badania wykonano w środowiskach zróżnicowanych pod względem glebowym i klimatycznym. Pierwsze doświadczenie założono w Smolicach na kompleksie glebowym żytni dobry, drugie w Przebędowie k. Poznania (żytni, dobry), trzecie w Grodkowicach k. Krakowa (pszenny dobry), czwarte w Kondratowicach k. Wrocławia (pszenny dobry). Oznaczono aktywność alfa-amylazy w ziarnie metodą pomiaru liczby opadania wg Hagberga-Pertena. Kłoszenie oznacza liczbę dni od 1 maja do wykłoszenia się rodu. Ród żyta jarego SMH 301 był wcześniejszy o 7 dni i wyżej plonował od odmiany wzorcowej Abago oraz charakteryzował się wysoką liczbą opadania w różnych miejscowościach. Wysoka plenność rodu pszenżyta jarego SMH 334 powiązana z wysoką liczbą opadania świadczą o jego dużych możliwościach potencjalnych. Ród SMH 385 jako komponent krzyżowań może przekazywać potomstwu wysoką liczbę opadania. Przeprowadzone doświadczenia wskazują na duży postęp hodowlany oraz świadczą o potencjale plonowania żyta i pszenżyta jarego.

Słowa kluczowe: cechy użytkowe, pszenżyto jare, żyto jare

The aim of the study was evaluation of strains of spring tritcale and spring rye, considering their interaction with environment. A field experiment was carried out in four locations (Smolice, Przebędów, Grodkowice, Kondratowice) using rectangular lattice with three replications of 10 m² plots. The material consisted of 42 new strains and two standards (Kargo, Wanad). An experiment with the SMH 301 spring rye was carried out in the same locations, using the complete randomized blocks design with three replications. Alpha-amylase activity was investigated with the use of Hagberg-Perten method. The spring rye cultivar SMH 301 was seven days earlier than the Abago spring rye standard,

gave higher yield and had high falling number in all locations. High yielding ability of the spring triticale strain SMH 334, together with high falling number, makes the form much prospective. Another strain, SMH 385 showed relatively high and stable level of falling number (200 s).

Key words: agronomic traits, spring rye, spring triticale

WSTĘP

Zmienne warunki naszego klimatu powodują, że w strukturze zasiewów potrzebne są jare gatunki zbóż. Żyto jare i pszenżyto jare dobrze znoszą uprawę na glebach lekkich i zakwaszonych. Ziarno tych gatunków jest cennym komponentem pasz ze względu na korzystny skład aminokwasowy (Grochowski i Galek, 1998). W badaniach agrotechnicznych nad pszenżytem jarym wykazano, że odmiany mają podobne wymagania dotyczące obsady roślin na jednostce powierzchni, wynoszącej około 400 roślin/m² (Mazurek i in., 2000; Nieróbca, 2001). Na podstawie własnych doświadczeń jak i cytowanych badań, przyjęto dla pszenżyta jarego i żyta jarego jednakową normę wysiewu (450 ziarniaków/m²). Błażej i wsp. (1993) stwierdzili wyższe plonowanie pszenżyta jarego od innych zbóż jarych. W wyniku intensywnych prac hodowlanych wytworzono w HR Smolice rody obu gatunków o wysokiej zdrowotności i dużym potencjale plonowania. Dzięki ocenie interakcji rodów ze środowiskiem można wybrać najbardziej plastyczne genotypy.

Celem pracy była ocena rodów pszenżyta jarego i żyta jarego oraz ich interakcja z miejscowościami.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia polowe z pszenżytem jarym i żytem jarym założono wiosną 2002 roku. Badano 42 obiekty pszenżyta jarego w tym dwa wzorce, w trzech powtórzeniach, w czterech miejscowościach (Grodkowice, Kondratowice, Przebędowo, Smolice), w układzie kraty prostokątnej. Wzorcami były odmiany Wanad i Kargo. W doświadczeniu z żytem jarym porównywano ród SMH 301 z odmianą wzorcową Abago, w trzech powtórzeniach, w tych samych miejscowościach, w układzie kompletnej randomizacji. Wielkość poletek do zbioru wynosiła 10 m². Zastosowano normę wysiewu 450 ziarniaków/m². Doświadczenia założono w jednym bloku, oddzielone od siebie jedynie obsiewami zgodnie ze swoim gatunkiem. Badania wykonano w środowiskach zróżnicowanych pod względem glebowym i klimatycznym (tab. 1). Pierwsze doświadczenie założono w Kondratowicach k. Wrocławia na kompleksie pszennym dobrym, drugie w Grodkowicach k. Krakowa (pszenny dobry), trzecie w Przebędowie k. Poznania (żytni, dobry), a czwarte w Smolicach na kompleksie glebowym żytnim dobrym. Oznaczenie aktywności alfa-amylazy w ziarnie dokonano na podstawie liczby opadania oznaczonej wg Hagberga-Pertena w laboratorium HR Smolice. Wartość liczbowa cechy „kłoszenie” oznacza liczbę dni od 1 maja do wykłoszenia się rodu. Liczbę opadania i kłoszenie oznaczono w jednym powtórzeniu dla trzech miejscowości (Grodkowice, Przebędowo i Smolice). Otrzymane wyniki kłoszenia i liczby opadania opracowano statystycznie wykonując analizę wariancji w układzie krzyżowym z jedną obserwacją w podklasie, natomiast dla

plonu ziarna wykonano analizy wariancji wg metody kompletnej randomizacji (żyto jare) i kraty prostokątnej (pszenżyto jare).

Tabela 1

Warunki agrotechniczne doświadczeń z rodami pszenżyta i żyta jarego
Agrotechnics conditions of the preliminary trial with spring triticale and spring rye

Lp. No.	Miejscowość Locality	Kompleks glebowy Soil	Przedplon Forecrop	Dawka nawożenia (kg/ha cz. skł.) Fertilization doses (kg/ha)	
				N	NPK
1	Lochow-Petkus Kondratowice woj. dolnośląskie	pszenny dobry wheat type, good	rzepak ozimy winter rapeseed	69	219
2	ZDHiAR Grodkowice, woj. małopolskie			88	265
3	HR Smolice, oddział Przebędowo woj. wielkopolskie	żytni, dobry rye type, good	rzepak ozimy winter rapeseed	90	230
4	HR Smolice, woj. wielkopolskie			79 dolistnie oat dressing	P — 67 K — 102

WYNIKI

Żyto jare

Kłoszenie było cechą różnicującą ród SMH 301 od odmiany wzorcowej Abago (tab. 2).

Tabela 2

Średnie kwadraty dla kłoszenia i liczby opadania żyta jarego i pszenżyta jarego
The mean squares for heading and falling number of spring rye and spring triticale

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom		Średnie kwadraty Mean squares			
	żyto jare spring rye	pszenżyto jare spring triticale	żyto jare spring rye	pszenżyto jare spring triticale		
			liczba opadania falling number	kłoszenie heading days of 1 st May	liczba opadania falling number	kłoszenie heading days after 1 st May
Miejscowości Localities	2	2	8391,5	36,5**	17928,25**	1191,77**
Odmiany Cultivars	1	41	15913,5	73,5**	3304,31**	18,68**
Błąd Error	2	82	1737,5	1,5	1721,29	0,76

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

Badane obiekty żyta jarego nie różniły się pod względem liczby opadania i plonowania (tab. 2 i 3). Stwierdzono istotne różnice w uzyskanych plonach w poszczególnych miejscowościach (tab. 3). Odmiana Abago i ród SMH 301 charakteryzowały się liczbą opadania na zadowalającym poziomie (tab. 6) równocześnie SMH 301 był wcześniejszy w terminie kłoszenia od Abago o 7 dni. Pod względem plonowania oba obiekty podobnie reagowały w różnych środowiskach na warunki glebowo-klimatycznych (tab. 3). Długotrwała susza i późny termin siewu spowodowały wyraźne obniżenie plonowania w Przebędowie (tab. 4). Dobra gleba w Grodkowicach i Kondratowicach (tab. 1) ujawniła duży potencjał plonowania

żyta jarego około 60 dt/ha (tab. 4) mimo skrajnie różnych warunków klimatycznych. SMH 301 plonował (53,0 dt/ha) w każdym środowisku na poziomie odmiany wzorcowej Abago.

Tabela 3

Średnie kwadraty zmienności plonu żyta jarego
The mean squares of variation of yield of spring rye

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares
Miejscowości Localities	3	309,46**
Obiekty Objects	1	5,49
Obiekty × miejscowości Objects × localities	3	5,31
Błąd Error	16	2,80

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 4

Średnie arytmetyczne badanych cech żyta jarego i pszenżyta jarego w miejscowościach
Mean values of the investigated traits of spring rye and spring triticale in the localities

Miejscowości Localities	Żyto jare Spring rye			Pszenżyto jare Spring triticale		
	plon yield dt/ha	kłoszenie heading days after May 1 st	liczba opadania filling number	plon yield dt/ha	kłoszenie heading days after May 1 st	liczba opadania filling number
Kondratowice	59,9	—	—	80,31	—	—
Smolice	50,7	23,5	172	65,49	31	96
Przebędowo	35,2	27	289	32,34	36	136
Grodkowice	62,8	25,5	183	73,14	41	106
NIR	2,9	3,3	—	0,79	0,2	9,0
LSD						

Tabela 5

Średnie kwadraty zmienności dla plonu pszenżyta jarego
The mean squares of variability of yield of spring triticale

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares
Powtórzenia Replications	8	274,98
Bloki niekompletne Incomplete blocks	72	27,82 **
Miejscowości Localities	3	56636,29**
Obiekty Objects	41	96,75**
Obiekty × miejscowości Objects × localities	123	48,06**
Błąd Error	256	10,13

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Pszennyto jare

W doświadczeniu z pszenżytem jarym oceniano 42 obiekty. Wielość genotypów pozwoliła na zobrazowanie dużej różnorodności reakcji na środowiska (tab.6).

Tabela 6

Średnie arytmetyczne cech żyta jarego i pszenżyta jarego
Mean values of the traits of spring rye and spring triticale

Lp No	Odmiana Cultivar	Liczba opadania Falling number	Kłoszenie Liczba dni od 1 maja Heading days after May 1 st	Plon (dt/ha) Yield
Żyto jare — Spring rye				
1	SMH 301	266,0	24,0	53,00
2	Abago — wz	163,0	31,0	51,30
Pszennyto jare — Spring triticale				
1	SMH 219	85,0	37,0	62,79
2	SMH 222	105,0	37,0	59,96
3	SMH 223	90,7	35,0	66,62
4	SMH 224	126,3	35,3	66,81
5	SMH 225	92,0	37,7	63,07
6	SMH 334	153,3	34,0	68,52
7	SMH 381	156,0	38,3	59,01
8	SMH 385	200,0	40,0	54,72
9	SMH 390	156,0	39,0	61,17
10	SMH 391	96,7	39,7	61,38
11	SMH 392	101,7	38,3	60,28
12	SMH 393	145,7	39,7	59,43
13	SMH 414	111,7	40,0	60,59
14	SMH 415	120,3	39,7	63,30
15	SMH 416	107,3	38,7	62,27
16	SMH 418	151,7	39,0	59,40
17	SMH 424	99,7	38,0	59,77
18	SMH 484	116,3	40,0	59,75
19	SMH 514	154,3	36,0	66,11
20	SMH 578	68,7	35,0	59,25
21	SMH 599	128,3	33,0	64,65
22	SMH 601	66,0	34,7	63,85
23	SMH 697	85,3	35,0	64,71
24	SMH 703	84,7	34,0	67,31
25	SMH 722	90,3	33,3	67,39
26	SMH 756	97,7	33,7	64,43
27	SMH 875	70,3	35,0	66,92
28	SMH 877	138,7	33,7	63,05
29	SMH 881	113,7	34,0	64,35
30	SMH 891	139,0	34,7	62,85
31	SMH 961	98,0	39,0	65,53
32	SMH 1017	63,7	33,0	63,41
33	SMH 1043	108,7	33,7	64,59
34	SMH 1051	85,7	37,0	58,24
35	SMH 1057	147,0	34,7	62,90
36	SMH 1066	175,3	33,3	61,27
37	SMH 1067	68,3	37,7	58,72
38	SMH 1068	69,0	34,0	63,66
39	SMH 1069	92,0	34,7	61,84
40	SMH 1077	116,0	32,7	66,26
41	Kargo wz	160,7	32,7	65,27
42	Wanad wz	94,0	32,7	63,00
NIR — LSD		1,03	62,04	2,84

Tabela 7

Średnie wartości plonu ziarna pszenżyta jarego w miejscowościach
The mean values of yield of spring triticale in localities

Lp. No	Nazwa rodu Name of strain	Grodkowice	Kondratowice	Przebędowo	Smolice	Średnia Mean value
1	SMH 219	68,21	83,07	37,51	62,38	62,79
2	SMH 222	68,00	82,97	30,66	58,22	59,96
3	SMH 223	77,87	87,58	34,92	66,09	66,62
4	SMH 224	77,46	89,72	35,99	64,07	66,81
5	SMH 225	71,48	84,73	33,94	62,14	63,07
6	SMH 334	82,36	93,58	29,67	68,51	68,53
7	SMH 381	67,64	75,43	31,65	61,31	59,01
8	SMH 385	66,48	67,10	24,38	60,92	54,72
9	SMH 390	73,56	70,45	29,80	70,89	61,18
10	SMH 391	69,05	76,81	27,38	72,26	61,38
11	SMH 392	72,97	72,71	29,19	66,26	60,28
12	SMH 393	69,18	79,77	26,48	62,29	59,43
13	SMH 414	67,92	76,36	27,55	70,52	60,59
14	SMH 415	73,46	80,18	30,24	69,31	63,30
15	SMH 416	71,30	77,77	32,60	67,40	62,27
16	SMH 418	70,64	78,65	21,73	66,58	59,40
17	SMH 424	74,48	73,78	26,79	64,04	59,77
18	SMH 484	65,64	77,99	31,45	63,91	59,75
19	SMH 514	74,24	84,58	31,28	74,35	66,11
20	SMH 578	64,85	72,33	36,87	62,94	59,25
21	SMH 599	73,72	83,99	35,92	64,98	64,65
22	SMH 601	72,70	83,24	33,57	65,89	63,85
23	SMH 697	74,34	80,80	35,57	68,13	64,71
24	SMH 703	74,44	85,83	35,54	73,45	67,32
25	SMH 722	76,57	80,44	33,73	78,81	67,39
26	SMH 756	71,53	85,33	33,92	66,94	64,43
27	SMH 875	77,22	88,21	31,28	70,96	66,92
28	SMH 877	76,34	80,20	36,65	59,00	63,05
29	SMH 881	79,49	77,66	34,79	65,48	64,36
30	SMH 891	76,93	82,59	29,05	62,85	62,86
31	SMH 961	65,91	88,51	30,58	77,12	65,53
32	SMH 1017	74,71	79,63	34,86	64,44	63,41
33	SMH 1043	70,02	76,64	40,25	71,43	64,59
34	SMH 1051	71,06	76,00	30,67	55,23	58,24
35	SMH 1057	78,44	79,02	36,19	57,97	62,91
36	SMH 1066	73,42	77,56	33,20	60,88	61,27
37	SMH 1067	71,53	73,49	31,88	57,96	58,72
38	SMH 1068	78,52	82,29	35,21	58,62	63,66
39	SMH 1069	77,76	80,81	27,93	60,84	61,84
40	SMH 1077	77,07	79,07	40,47	68,44	66,26
41	*Kargo	76,77	86,80	33,51	64,01	65,27
42	*Wanad	76,59	79,18	33,39	62,81	62,99
NIR — LSD		2,56				

Stwierdzono istotne zróżnicowanie miejscowości jak również badanych obiektów pod względem wszystkich cech (tab. 2 i 5). Dla plonu ziarna ponadto wykazano istotną interakcję rodów z miejscowościami (tab. 5). Rody różnie reagowały na warunki środowiskowe (tab. 7). Wyraźnie wyżej plonowały na kompleksie pszennym dobrym, chociaż część z nich plonowała na wysokim poziomie na obu kompleksach glebowych (ród SMH 703, SMH 722). Ród SMH 385 miał najwyższą średnią wartość liczby opadania (200

s) (tab. 6). Cecha ta była bardzo stabilna u tego genotypu w każdym z zastosowanych środowisk. Niestety ród był niskoplenny (85% wzorca) i późny w terminie kłoszenia (40 dni). Ród SMH 1066 charakteryzował się również wysoką stabilną liczbą opadania i terminem kłoszenia porównywalnym z wzorcami, ale plonował na poziomie 95,5% wzorca. Zadawalająca liczba opadania (153,3 s) i kłoszenie tylko dzień później od wzorców charakteryzował ród SMH 334. Posiadał on również najważniejszą cechę w pszenżycie — wysoką plenność (106,9% wzorca — 68,5 dt/ha). SMH 703 i SMH 722 były wysokopienne, ale miały niską liczbę opadania (85 i 90 s.). SMH 875 był reprezentantem innej grupy genotypów. Charakteryzował się wysoką plennością i stabilną liczbą opadania, ale o bardzo niskiej wartości (70,3 s).

WNIOSKI

1. Ród żyta jarego SMH 301 był wcześniejszy o 7 dni i plonował na poziomie odmiany wzorcowej Abago oraz charakteryzował się wysoką liczbą opadania.
2. Wysoka plenność rodu pszenżyta jarego SMH 334 powiązana z wysoką liczbą opadania świadczy o jego dużych potencjalnych możliwościach.
3. Ród SMH 385 użyty jako komponent krzyżowań może przekazywać potomstwu wysoką liczbę opadania.
4. Stwierdzono stabilność plonowania żyta jarego w różnych środowiskach oraz istotną interakcję rodów pszenżyta jarego z miejscowościami, co świadczy o ich różnej reakcji na zmienne warunki środowiskowe.
5. Przeprowadzone doświadczenia wskazują na duży postęp hodowlany oraz świadczą o sporym potencjale plonowania nowych rodów żyta jarego (średnio ~ 50 dt/ha) i pszenżyta jarego (średnio ~ 60 dt/ha).

LITERATURA

- Błażej J., Kubit P. 1993. Porównanie produktywności pszenżyta jarego z innymi zbożami jarymi w rejonie południowo-wschodniej Polski. *Fragm. Agron.* 4: 67 — 68.
- Grochowski L., Galek R. 1998. Zróżnicowanie cech plonu i jakości w kolekcji żyta jarego. *Biul. IHAR* 205/206: 45 — 50.
- Mazurek J., Nieróbca P. 2000. Wpływ nawożenia azotowego, terminu siewu i ilości wysiewu na plon i elementy struktury plonu pszenżyta jarego. *Biul. IHAR* 214: 111 — 114.
- Nieróbca P. 2001. Wpływ nawożenia azotowego, terminu siewu i ilości wysiewu na plon i elementy struktury plonu pszenżyta jarego. *Biul. IHAR* 220: 147 — 151.

BARBARA APOLINARSKA

Instytut Genetyki Roślin, PAN w Poznaniu

Substytucyjne, addycyjne i translokacyjne chromosomy pszenicy w życie diploidalnym

Substitutions, additions and translocations of wheat chromosomes in diploid rye

Celem badań była introgresja chromosomów pszenicy do diploidalnego żyta. W tym celu analizowano metodą C-prążkową pokolenie F₄ krzyżówek żyta diploidalnego z substytucyjno-translokacyjnym żytem tetraploidalnym oraz pokolenie F₁ z tego samego typu krzyżowań. W potomstwie substytucyjno-translokacyjnego żyta diploidalnego stwierdzono eliminację chromosomów pszenicy w 23,4% analizowanego materiału. W pozostałych roślinach wystąpił materiał genetyczny pszenicy w postaci monosomicznych, disomicznych substytucji, nielicznych addycji, a także translokacji. Liczba chromosomów pszenicy wahała się od jednej do trzech na roślinę. Najczęściej w substytucjach występował chromosom 5A, a następnie w malejącej kolejności 7A, 2A, 1A, 4A. Chromosom 6A występował tylko w roślinach addycyjnych. W jednej tylko roślinie odnotowano substytucyjny chromosom pszenicy genomu B — 7B. W translokacjach najczęściej brało udział krótkie ramię chromosomu pszenicy 7A, a następnie w malejącej ilości 2AS, 2AL, 1AS, 1AL, 4AL, 6AL, 3AL. Chromosomy pszenicy w życie diploidalnym przekazywane były przez gamety żeńskie, rzadziej przez pyłek. Analiza samopłodności z udziałem różnych i w różnej liczbie chromosomów pszenicy w życie diploidalnym wykazała, że materiał genetyczny pszenicy nie powodował przełamania genów samoniezgodności żyta. Samopłodność żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy była uzależniona wyłącznie od wykorzystanego w krzyżowaniach samozgodnych i męskosterylnych form żyta diploidalnego.

Słowa kluczowe: addycja, chromosom pszenicy, samozgodność, *Secale cereale* L., substytucja, translokacja, *Triticum aestivum* L

The aim of this study was introgression of wheat chromosomes into diploid rye. For this purpose the F₄ and F₁ generations of the hybrids between 2x rye and substitution-translocation 4x rye were analyzed with the C-banding method. Elimination of wheat chromosomes was observed in 23.4% of substitution-translocation diploid rye progeny analyzed. The remaining plants carried monosomic and disomic substitutions, some additions and also translocations of wheat genetic material. Wheat chromosome number ranged from one to three per plant. The frequency of chromosome 5A was the highest, followed by 7A, 2A, 1A and 4A. Chromosome 6A occurred only in addition plants. Substitution wheat chromosome of the genome B — 7B was noted only in one plant. Translocations occurred most frequently in the short arm of 7A wheat chromosome followed in the diminishing number by 2AS, 2AL, 1AS, 1AL, 4AL, 6AL, 3AL. The wheat chromosomes in diploid rye were transmitted through the female gametes, rarely through the pollen. Self-fertility analysis in the diploid rye with the participation of different wheat chromosomes occurring in various numbers showed, that the wheat genetic material did not cause inactivation of rye self-incompatibility genes. The self-fertility of diploid

rye with wheat chromosomes was conditioned exclusively by the self-fertile genes introduced by male sterile diploid rye forms used in the crosses.

Key words: addition, *Secale cereale* L., self-compatibility, substitution, translocation, *Triticum aestivum* L., wheat chromosome

WSTĘP

Żyto jest jednym z ważniejszych zbóż uprawianych w Europie. W latach 90. XX wieku żyto było najbardziej popularnym zbożem hodowanym w Polsce (Wolski, 1994). W 2000 roku żyto uprawiane było na 2,13 miliona hektarów, co stanowiło jeszcze 25,8% areалу wszystkich zbóż w Polsce (Arseniuk i Oleksiak, 2001). Żyto ze względu na specyfikę klimatu i warunki glebowe, a także na korzystne cechy takie jak mała wrażliwość na deficyt wody, wysoka tolerancyjność na zakwaszenie i zasolenie gleb, odporność na choroby i niskie temperatury oraz mrozoodporność nie będzie nigdy prawdopodobnie wyeliminowane z hodowli. Ponadto w literaturze odnotowano doniesienia o korzystnym wpływie diety żytniej na zdrowie człowieka (Boros, 2001; Graham i Aman, 1991; Roehring, 1988). W porównaniu z pszenicą wartość paszowa żyta jest jednak niższa. Ziarno żyta zawiera bowiem substancje antyżywnościowe, które hamują wzrost młodych zwierząt (Rakowska, 1994). Prace nad hodowlą żyta powinny zmierzać w kierunku ulepszenia cech jakościowych. Poprawę cech agronomicznych, a szczególnie jakościowych coraz częściej uzyskuje się poprzez transfer genów z gatunków pokrewnych. Przykładem mogą być liczne odmiany pszenic, do których wprowadzono chromatynę żyta. Geny żyta najczęściej zostały wprowadzone do pszenic w wyniku substytucji (Zeller i Fischbeck, 1971; Zeller i Baier, 1973) i translokacji chromosomów (Zeller i Koller 1981, Friebe i wsp. 1990, Łukaszewski 1990, Tarkowski i Apolinarska, 1992). Pierwsze prace nad wprowadzaniem genów pszenicy do żyta podjął Schlegel w 1982 roku, otrzymał rośliny addycyjne żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy. W następnych latach Schlegel i wsp. (1986), Schlegel i Kynast (1988), Thiele i wsp. (1988), Melz i wsp. (1991), Baum (1991) z różnych typów krzyżowań uzyskali również addycyjne rośliny żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy. Addycyjne rośliny żyta diploidalnego (Schlegel i in., 1986; Bum, 1991) charakteryzowały się słabą żywotnością, niską płodnością oraz niestabilnością cytologiczną. Analizy cytologiczne (Schlegel i in., 1991) oraz cytogenetyczno-biochemiczne (Thiele i in., 1988; Melz i Thiele, 1990, Łukaszewski i in., 2000) wykazały obecność materiału genetycznego pszenicy w życie diploidalnym. Apolinarska (1996 a, b, 1998) otrzymała tetraploidalne żyto z substytucyjnymi, addycyjnymi i translokacyjnymi chromosomami pszenicy, które następnie zostało wykorzystane do wprowadzania materiału genetycznego pszenicy na poziom diploidalny (Apolinarska, 2003 a).

Celem obecnej pracy była introgresja chromosomów pszenicy *Triticum aestivum* L. do genomu żyta diploidalnego, *Secale cereale* L. oraz zbadanie ich stabilności mitotycznej. Badania nad introgresją materiału genetycznego pszenicy są prowadzone w kierunku poprawienia cech jakościowych żyta.

MATERIAŁ I METODY

Analizowano cytologicznie metodą C-prążkową opisaną przez Łukaszewskiego i Gustafsona (1983) pokolenie F_4 krzyżówek żyta diploidalnego z substytucyjno-translokacyjnym żytem tetraploidalnym oraz pokolenie F_1 z tego samego typu krzyżowań. Do krzyżowań, których potomstwo analizowano w pokoleniu F_4 wykorzystano substytucyjne rośliny żyta tetraploidalnego z udziałem chromosomów pszenicy genomu A — 1A, 2A, 4A, 5A, 6A, 7A oraz z genomu B — 3B, 5B, 7B i pszeniczno-żytnich translokacji, żyto diploidalne stanowiły trzy odmiany — Otello, Muro, Amilo oraz cztery linie samozgodne — WS66N/85, WS79N/85, WS149N/86, WS267N/88 i trzy linie męskosterylne WS66P/85, WS149P/86, WS267P/96. Do otrzymania pokolenia F_1 wykorzystano substytucyjne żyto 4x z udziałem chromosomów pszenicy tylko genomu B — 3B, 5B, 7B oraz dwie odmiany żyta diploidalnego — Otello i Muro. Linie samozgodne i męskosterylne otrzymano z Poznańskiej Hodowli Roślin w Tulcach.

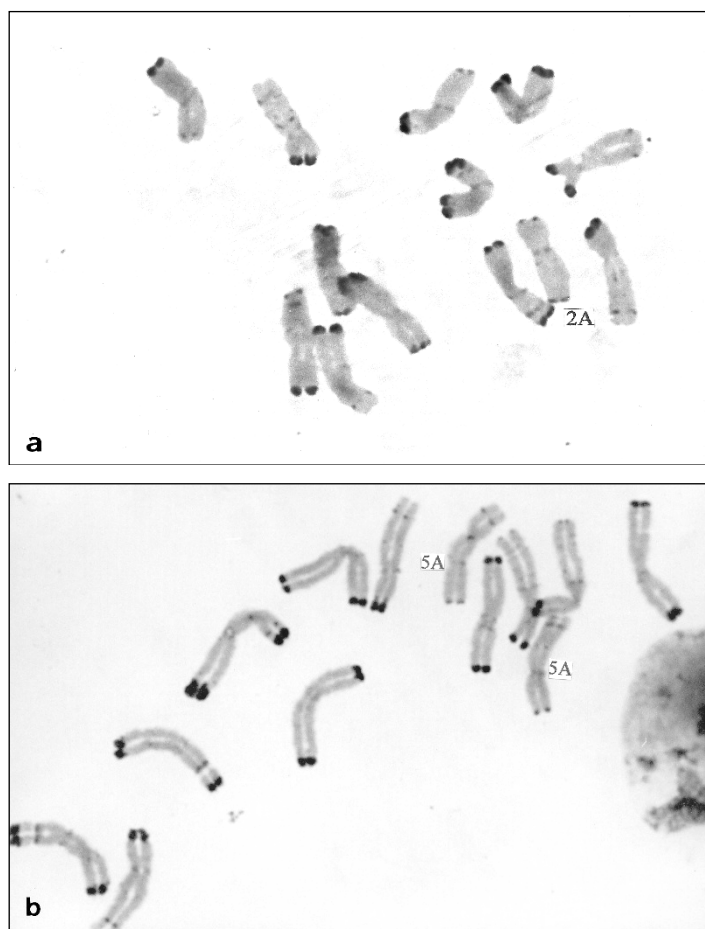
Izolowano jeden, główny kłos każdej rośliny z materiałem genetycznym pszenicy pokolenia F_4 . Analizowano liczbą ziarniaków z kłosa, zarówno w kłosach izolowanych jak i nieizolowanych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Z krzyżówek różnych form żyta diploidalnego z substytucyjno-translokacyjnym żytem tetraploidalnym z udziałem materiału genetycznego pszenicy (Apolinarska, 2003 a) otrzymano już w pokoleniu F_1 kilkanaście roślin żyta diploidalnego z substytucyjnymi, addycyjnymi i traslokacyjnymi chromosomami pszenicy genomu A, w analizowanym materiale brak natomiast było chromosomów genomu B.

W celu pozyskania większej liczby roślin żyta diploidalnego z materiałem genetycznym pszenicy pokolenie F_2 i F_3 żyta diploidalnego z substytucyjnym żytem tetraploidalnym poddano wolnemu i siostrzanemu (w izolatorze) przepyleniu. W pokoleniu F_4 przeprowadzono analizę kariotypów 303 roślin - było to potomstwo żyta diploidalnego z substytucyjnymi i addycyjnymi chromosomami pszenicy. Eliminację chromosomów pszenicy stwierdzono u 71 roślin, co stanowiło 23,4% analizowanego materiału. W pozostałych roślinach wystąpił materiał genetyczny pszenicy w postaci substytucji, addycji i translokacji. Otrzymano 103 rośliny z jednym monosomicznym chromosomem pszenicy (rys. 1 a), 43 rośliny z dwoma, 18 roślin z trzema monosomicznymi chromosomami pszenicy (2A, 5A, 7A) oraz 3 rośliny z jednym disomicznym i jednym monosomicznym chromosomem pszenicy ($2 \times 2A, 7A$; $2 \times 5A, 7A$; $2 \times 7A, 5A$). Ponadto w 10 roślinach stwierdzono disomiczny chromosom 2A, w 8 roślinach disomiczny chromosom 5A (rys. 1 b) oraz w 5 roślinach disomiczny chromosom 7A. Najczęściej w substytucjach występował chromosom 5A — 81 razy, a następnie w malejącej kolejności 7A — 77 razy, 2A — 77, 1A — 4, 4A — 3 razy. Chromosom 6A (rys. 2 a) występował 4 razy tylko w addycjach, 15 chromosomowych roślinach. W analizowanych roślinach żyta diploidalnego występowały translokacje między homeologicznymi chromosomami pszenicy i żyta. Najczęściej w translokacjach brało udział krótkie ramię

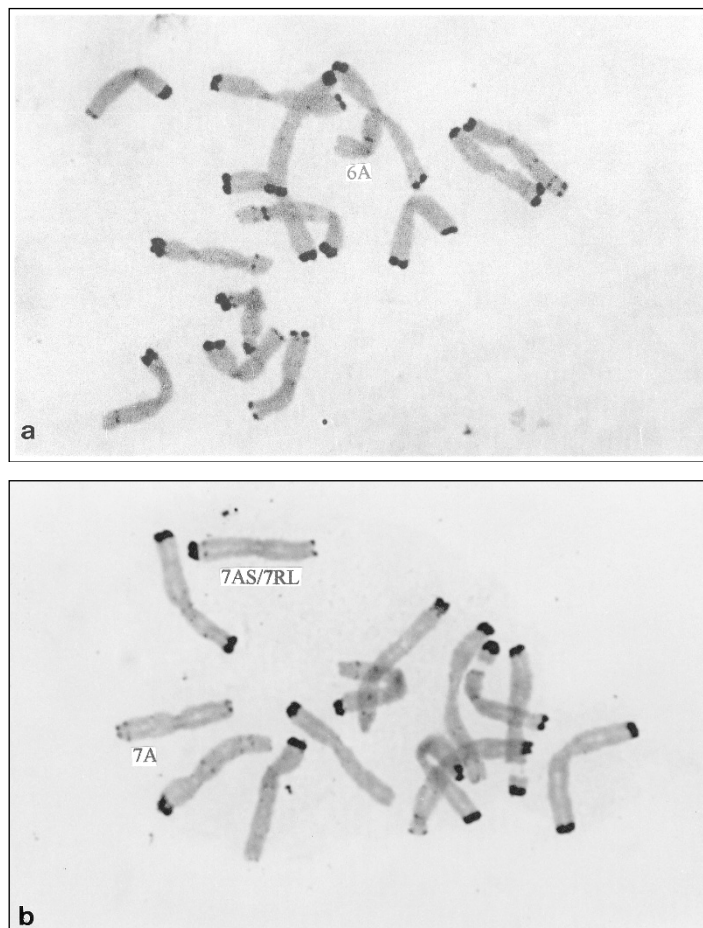
chromosomu 7A (21x) (rys. 2 b), a następnie w malejącej ilości 2AS (16x), 2AL (13x), 1AS (6x), 1AL (5x), 4AL (4x), 6AL (3x).



Rys. 1. Chromosomy mitotyczne żyta diploidalnego z substytucyjnymi chromosomami pszenicy (a) z monosomicznym, (b) z disomicznym (oznaczono na zdjęciu)
Fig. 1. Mitotic chromosome of diploid rye with wheat chromosome substitution: (a) monosomic, (b) disomic (designated in the picture)

W substytucyjnym i addycyjnym życie diploidalnym chromosomy pszenicy przekazywane były przez gamety żeńskie, znacznie rzadziej przez pyłek. Najczęściej przekazywany przez gamety żeńskie był chromosom 7A (69,1%), a następnie w malejącej częstotliwości 5A (58,6%), 2A (55,4%), 4A (16,7%), 1A (15,4%), 6A (10,0%) (tab. 1). W 26 roślinach stwierdzono przekazywanie przez pyłek chromosomu 7A, w 15 roślinach chromosomu 5A, w 6 roślinach 2A, w 2 roślinach 1A, w 2 różnych roślinach chromosomu 4A i chromosomu 6A (tab. 1). Przenoszenie chromosomów pszenicy przez gamety męskie — pyłek zostało stwierdzone w substytucyjnym i substytucyjno-translokacyjnym życie

tetraploidalnym (Apolinarska, 1996 b) oraz addycyjnym życie diploidalnym (Schlegel i Kynast, 1988; Schlegel i in., 1991), natomiast Schlegel (1982) i Melz i wsp. (1991) stwierdzili, że chromosomy pszenicy są przekazywane tylko przez komórkę jajową. Apolinarska (2003 a) stwierdziła, że gamety męskie substytucyjnego żyta tetraploidalnego także o niższej i wyższej liczbie chromosomów niż 14 były zdolne do przenoszenia chromosomów pszenicy.



Rys. 2. Chromosomy mitotyczne żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy (b) z substytucyjnym i translokacyjnym (a) z addycyjnym (oznaczone na zdjęciu)

Fig. 2. Mitotic chromosomes of diploid rye with wheat chromosome (b) substitution and translocation (a) addition (designated in the picture)

Wszystkie chromosomy pszenicy genomu A, które występowały w substytucyjnym życie tetraploidalnym wykorzystanym do krzyżowań z żytem diploidalnym jako zapylacz wystąpiły w krzyżówkach pokolenia F_1 i następnych, natomiast nie stwierdzono chromosomów genomu B (Apolinarska, 2003 a). W związku z brakiem chromosomów genomu B

pszenicy w dotychczas opracowywanym materiale (Apolinarska, 2003 a) wykonano dodatkowe krzyżowanie żyta 2x odmiany Otello i Muro z substytucyjnym żytem tetraploidalnym z chromosomami 3B, 5B i 7B. Z zapyłonych 8062 kwiatków uzyskano 679 nasion ziarniaków, co stanowiło 8,42% osadzenia ziarniaków, a skiełkowało zaledwie 7,36%. Analiza kariotypów 50 roślin pokolenia F₁ żyta diploidalnego z substytucyjnym żytem tetraploidalnym wykazała, że tylko w jednej z nich stwierdzono chromosom 7B, w pozostałych krzyżówkach nastąpiła eliminacja chromosomów pszenicy. Roślina żyta diploidalnego z substytucyjnym chromosomem 7B miała zdegenerowane zarówno słupki, jak i pylniki, nie zawiązała żadnego ziarniaka. Otrzymanie jednej sterylnej rośliny z substytucyjnym chromosomem genomu B pszenicy na kilka tysięcy zapyłonych kwiatków w omawianych powyżej krzyżówkach, jak również w materiale otrzymanym w latach ubiegłych (Apolinarska, 2003 a) wskazuje, że żyto diploidalne znacznie słabiej toleruje chromosomy genomu B pszenicy niż żyto tetraploidalne (Apolinarska, 1996 a, b, 1998). Prawdopodobnie ze względu na znacznie słabszą homeologię między genomem B pszenicy a genomem żyta (Apolinarska, 2003 b) występują zaburzenia w rozwoju ziarniaka i/lub zarodka. Z liczby uzyskanych substytucyjnych i addycyjnych roślin żyta diploidalnego z udziałem chromosomów genomu A pszenicy można sugerować, że genom A jest bardziej spokrewniony z genomem żyta niż genom B. Na bliższe pokrewieństwo genomu A pszenicy z żytem wskazuje również fakt, że w życiu tetraploidalnym stosunek substytucyjnych chromosomów pszenicy genomu A do chromosomów genomu B wynosił w przybliżeniu 3:1, jak również znacznie częściej chromosomy genomu A brały udział w translokacjach z chromosomami genomu żyta (Apolinarska, 1996, 1998). Jednakże w liniach addycyjnych żyta 2x otrzymanych przez Schlegela (1982) oraz Melza i wsp. (1991) występowały zarówno chromosomy genomu A i B, a w liniach żyta 2x, które zostały otrzymane przez Thiela i wsp. (1988) tylko 6B.

Tabela 1

Przenoszenie chromosomów pszenicy przez gamety żeńskie i pyłek w diploidalnym życiu
Transfer of wheat chromosomes through female and male gametes in diploid rye

Chromosom Chromosome	Częstotliwość przenoszenia chromosomów pszenicy przez gamety żeńskie w% Percent of wheat chromosomes transferred through female gametes	Liczba roślin żyta 2x z chromosomem pszenicy przeniesionym przez pyłek No. of plants with wheat chromosome transferred through pollen
1A	15,4	2
2A	55,4	6
4A	16,7	1
5A	58,6	15
6A	10,0	1
7A	69,1	26

Rośliny żyta diploidalnego z substytucyjnym chromosomem pszenicy 7A w kłosach izolowanych zawiązały średnio najwięcej ziarniaków/kłos — 7,4, a następnie z chromosomem 2A — 2,6, z 5A — 1,8, a z 6A — 0,7 ziarniaka/kłos. Rośliny z substytucyjnym chromosomem 1A i 4A w kłosach izolowanych nie zawiązały nasion. Liczba substytucyjnych chromosomów pszenicy w życiu diploidalnym nie wpłynęła na

wzrost samopłodności roślin. Analiza zawiązywania ziarniaków w kłosach izolowanych i równocześnie rodowodu roślin wykazuje, że na samopłodność żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy miały wpływ głównie formy wyjściowe żyta diploidalnego, które zostały wykorzystane do otrzymania pokolenia F₁. Najwięcej średnio ziarniaków/kłos zawiązały substytucyjne rośliny żyta 2x — 52,7, które miały w rodowodzie dwie formy żyta diploidalnego — formę samozgodną WS79N/85 oraz odmianę Otello. Stosunkowo wysoką samopłodność odnotowano w dwóch różnych liniach, jedna z nich miała w rodowodzie samozgodną formę WS267N/88, a druga męskosterylną WS66P/85, zawiązały odpowiednio 33,3 i 19,7 ziarniaków/kłos. Rośliny substytucyjne żyta diploidalnego, które miały w rodowodzie odmianę Otello zawiązały w kłosach izolowanych średnio 7,0 ziarniaków/kłos, a w przypadku Muro 0,3 ziarniaka/kłos. Wszystkie rośliny, które w rodowodzie miały odmianę Amilo charakteryzowały się całkowitą samoniezgodnością, nie zawiązały żadnego ziarniaka w kłosach izolowanych (tab. 2).

Tabela 2

Wpływ form wyjściowych żyta 2x na liczbę ziarniaków/kłos żyta diploidalnego z chromosomami pszenicy
Influence of 2x rye initial forms on kernel numbers/spike in 2x rye with wheat chromosomes

Formy wyjściowe Initial forms	Liczba ziarniaków/kłos No. of kernels per spike	
	W izolowanych In isolated	Wolne zapylanie Open pollinated
Otello	7,0	33,5
Muro	0,3	24,6
Amilo	0	0,5
WS66P/85	19,7	28,6
WS66N/85	1,5	33,9
WS79N/88	16,5	23,2
WS149N/86	0,2	22,9
WS267N/88	33,3	27,5
Otello, Amilo	0	32,6
Otello, Muro	1,4	34,0
Otello, WS66P/85	0,7	22,6
Otello, WS66N/85	0,4	27,3
Otello, WS79N/88	52,7	41,3
Otello, WS267P/88	0,4	33,0
Amilo, WS267P/88	0	19,8
Otello, WS66P/85, WS79N/88, WS267P/88	3,5	39,1

P — Męskosterylny N — Samozgodne
P — Male sterile N — Self-compatibility

Rośliny żyta diploidalnego z substytucyjnym chromosomem 7A charakteryzowały się średnio najwyższą samopłodnością, gdyż najwięcej roślin z tym chromosomem miało w rodowodzie formy powodujące samozgodność — WS79N/85 oraz WS267N/88, natomiast rośliny z 7A, które miały w rodowodzie Muro i Amilo charakteryzowały się sterylnością. Podobnie było w roślinach z innymi substytucyjnymi chromosomami

pszenicy. Z przedstawionych wyników można wnioskować, że substytucyjne i addycyjne chromosomy pszenicy genomu A nie przyczyniły się do pokonania genów samoniezgodności w życie diploidalnym.

WNIOSKI

1. Do żyta diploidalnego został włączony materiał genetyczny pszenicy w postaci substytucji, addycji i translokacji.
2. Chromosomy genomu A pszenicy przekazywane były przez gamety żeńskie i pyłek.
3. Substytucyjne i addycyjne chromosomy pszenicy nie przyczyniły się do pokonania genów samoniezgodności w życie diploidalnym.
4. Samozgodność substytucyjno-translokacyjnego żyta była uzależniona wyłącznie od form wyjściowych żyta 2x wykorzystanych w krzyżowaniach.

LITERATURA

- Apolinaraska B. 1996 a. Additions, substitutions and translocations of wheat chromosomes in tetraploid rye. Inter. Symp. Rye Breed. Genet. 27–29 June, Stuttgart, Germany. Vortr. Pflanzenzüchtung 35: 304 — 305.
- Apolinaraska B. 1996 b. Transfer of chromosomes of the A and B genomes of wheat to tetraploid rye. J. Appl. Genet. 37: 345 — 356.
- Apolinaraska B. 1998. Tetraploid rye with wheat genetic material. In: Plant Cytogenetics. Maluszyńska J. (ed.). Spring Symp., Cieszyn 19–22 May 1997, Silesian Univ. Katowice, Poland: 206 — 209.
- Apolinaraska B. 2003 a. Production of diploid rye/wheat chromosome additions and translocations. Cereal Res. Com. 31: 73 — 79.
- Apolinaraska B. 2003b. Chromosome pairing in tetraploid rye with monosomic-substitution wheat chromosomes. J. Appl. Genet. 44: 119 — 128.
- Arseniuk E., Oleksiak T. 2001. Rye production and breeding in Poland. Proc. Eucarpia Rye Meeting, July 4–7, Radzików, Poland: 11 — 18.
- Baum M. 1991. Rye-wheat hybrids: the production of wheat chromosome additions to rye. Genome 34: 840 — 844.
- Boros D. 2001. Prospects of greater utilization of rye in animal feeding and human consumption. Proc. Eucarpia Rye Meet., July 4–7, 2001, Radzików, Poland: 285.
- Friebe B., Hatchett J. H., Sears R. G., Gill B. S. 1990. Transfer of Hessian fly resistance from “Chappon” rye to hexaploid wheat via a 2BS/2RL wheat-rye chromosome translocation. Theor. Appl. Genet. 79: 385 — 389.
- Graham H., Aman P. 1991. Nutritional aspects of dietary fibres. Anim. Feed Sci. Technol. 32: 143 — 158.
- Lukaszewski A. J. 1990. Frequency of 1RS.1AL and 1RS.1BL translocations in United States wheats. Crop. Sci. 30: 1151 — 1153.
- Lukaszewski A. J., W. Brzeziński, E. Klockiewicz-Kamińska. 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., Gustafson P. J. 1983. Translocations and modifications of chromosomes in tritcale × wheat hybrids. Theor. Appl. Genet. 64: 239 — 248.
- Melz G., Thiele V. 1990. Spontaneous somatic transfer of a segment from a wheat addition chromosome into the rye genome. Genome 33: 794 — 797.
- Melz G., Thiele V., Seidel A., Buschbeck R. 1991. Rye-cytoplasmic rye-wheat additions — a new material for breeding. Genet. Pol. 32: 89 — 93.
- Rakowska M. 1994. Antinutritive compounds in rye grain. Hod. Rośl. Aklim. 38: 21 — 42.
- Roehring K. L. 1988. The physiological effects of dietary fiber — a review. Food Hydrocolloids 1, 2: 1 — 18.
- Schlegel R. 1982. First evidence for rye — wheat additions. Biol. Zbl. 101: 641 — 646.

- Schlegel R., Boerner A., Thiele V., Melz G. 1991. The effect of the *Ph1* gene in diploid rye, *Secale cereale* L. Genome 34: 913 — 917.
- Schlegel R., Kynast R. 1988. Wheat chromosome 6B compensates genetical information of diploid rye, *Secale cereale* L. 7th Inter. Wheat Genetics Symp. Cambridge: 421 — 426.
- Schlegel R., Melz G., Mettin D. 1986. Rye cytology, cytogenetics and genetics — Current status. Theor. Appl. Genet. 72: 721 — 734.
- Tarkowski Cz., Apolinarska B. 1992. The use of chromosome substitutions and translocations in the breeding triticale, wheat and rye. Hereditas 116: 281 — 283.
- Thiele V., Buschbeck R., Seidel A., Melz G. 1988. Identification of the first rye-cytoplasmic rye-wheat-addition using LAP-isozymes. Plant. Breed. 101: 250 — 252.
- Zeller F. J., Baier A. C. 1973. Substitution des Weizenchromosomenpaares 4A durch das Roggenchromosomenpaar 5R in den Weihenstephaner Weizenstamm W 70a 86 (Blaukorn): Zeit. Pflanzenzücht. 70: 1 — 10.
- Zeller F. J., Fischbeck G. 1971. Cytologische Untersuchungen zur Identifizierung des Fremdchromosoms in der Weizensorte Zorba (W 565) Zeit. Pflanzenzücht. 66: 260 — 265.
- Zeller F. J., O. I. Koller. 1981. Identification of a 4A/7R and 7B/4R wheat and rye chromosome. Theor. Appl. Genet. 59: 33 — 37.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI

STANISŁAW WĘGRZYN¹

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

¹ Emerytowany profesor IHAR

Genetyczno-statystyczne parametry dziedziczenia cech użytkowych żyta ozimego (*Secale cereale* L.)

The genetic and statistical analysis of the heritability of important traits in winter rye (*Secale cereale* L.)

Badano epistatyczny, dominujący i addytywny sposób działania genów kontrolujących dziedziczenie 12 cech: wysokość roślin, masę ziaren z kłosa, liczbę ziarna z kłosa, liczbę kłosów z poletka, długość kłosa, długość dokłosa, masę 1000 ziaren, ciężar hektolitra, rdzę brunatną, plon ziarna z poletka, zawartość białka i liczbę opadania u 11 odmian żyta ozimego: Dańkowskie Złote, Dańkowskie Nowe, Motto, Warko, Wibro, Zduno, Adar, Arant, Amilo, Kier i Walet. Stwierdzono istotną epistazę dla wszystkich badanych cech. W przypadku długości dokłosa odnotowano epistazę typu „i”, tj. wynikającą ze współdziałania loci homozygotycznych z homozygotycznymi oraz dla pozostałych cech epistazę typu „j,l”, wynikającą ze współdziałania loci homozygotycznych z heterozygotycznymi i heterozygotycznych z heterozygotycznymi. Wykonana analiza wariancji dla modelu addytywno-dominującego wykazała przewagę dominującego sposobu działania genów nad addytywnym dla większości badanych cech. Stwierdzono naddominację dla wysokości roślin, liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa, rdzy brunatnej, ciężaru hektolitra i liczby opadania. Odziedziczalność w wąskim sensie h^2 (w) była niska dla większości badanych cech, z wyjątkiem liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa i masy 1000 ziaren. Odziedziczalność w szerokim sensie h^2 (s) była wysoka dla większości badanych cech, z wyjątkiem liczby kłosów na poletku.

Słowa kluczowe: addytywność, dominowanie, epistaza, odziedziczalność, żyto ozime

The epistatic, dominance and additive action modes of the genes controlling inheritance of 12 traits: plant height, grain weight per ear, number of grains per ear, number of ears per plot, length of ear, length of internode, weight of 1000 grains, test weight, brown rust infectibility, grain yield per plot, protein content and falling number in 11 varieties of winter rye: Dańkowskie Złote, Dańkowskie Nowe, Motto, Warko, Wibro, Zduno, Adar, Arant, Amilo, Kier and Walet were evaluated. Significant epistasis for all the traits has been confirmed. The epistasis of “i” type, resulting from interaction of homozygous loci with homozygous loci, was detected for the length of internode. The epistasis of “i,l” type, being the effect of interaction between homozygous loci and heterozygous loci as well as between heterozygous loci and heterozygous loci, was characteristic of all the others traits. The analysis of variance for an additive-dominance model showed the advantage of dominant genes over additive ones

for most of the analysed traits. Strong overdominance for plant height, number of grains per ear, length of internode, brown rust infectibility and weight of 1000 grains was observed. The heritability h^2 (in narrow sense) was high for a number of grains per ear, length of internode and weight of 1000 grains. The heritability h^2 (in broad sense) was high for all the traits, excluding a number of ears per plot.

Key words: additive-dominance model, epistasis, heritability, winter rye

WSTĘP

Celem podjętych prac było poznanie genetycznych parametrów żyta ozimego obejmujących addytywne, dominujące i epistatyczne działanie genów kontrolujących dziedziczenie najważniejszych cech użytkowych.

Prowadzone w Polsce badania genetyczne (Jedyński i in., 1989; Kaczmarek i in., 1989, 1993; Węgrzyn, 1985; Węgrzyn i in., 1985, 1989, 1993, 1995; Śmiech, 1996; Śmiałowski i in., 1998, 1999, 2001) umożliwiły poznanie sposobów działania genów epistatycznych, dominujących i addytywnych a także odziedziczalność najważniejszych cech struktury plonu i cech jakościowych żyta. Wyniki tych prac wskazują, że dziedziczenie cech żyta w dużym stopniu zależy zarówno od epistatycznego, jak i addytywno-dominującego sposobu działania genów. Ponieważ cytowane badania przeprowadzono w oparciu o starsze materiały żyta uzasadniona jest prezentacja badań, w których zostały wykorzystane również nowsze populacje żyta ozimego. Niniejsza praca opisuje wyniki badań nad sposobami działania genów kontrolujących dziedziczenie 12 ważnych cech użytkowych u kilku starszych odmian żyta oraz 2 nowszych, które wprowadzono w ostatnich latach do uprawy w Polsce. Przyjęto założenie, że w dziedziczeniu cech użytkowych w badanych populacjach żyta ozimego ważną rolę odgrywa nie tylko addytywno-dominujący sposób dziedziczenia cech, ale również epistatyczny sposób działania genów. Ten typ dziedziczenia zarówno u roślin obcopylnych jak i rozmnażanych panmiktycznie samopylnych ma istotny wpływ na skuteczność selekcji. Ponieważ oszacowanie wyłącznie addytywno-dominujących efektów genetycznych może powodować duży błąd w ocenie dziedziczenia cech żyta (Węgrzyn, 1985), dlatego autorzy pracy podjęli się przeprowadzenie badań obejmujących również epistatyczny sposób działania genów u żyta ozimego.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach wykorzystano model analizy dla potrójnego testu krzyżowań opisany przez Comstocka i Robinsona (1952) w modyfikacji Kearsaya i Jinksa (1968). Testery oznaczone symbolem L_1 (SMH 49-1) i L_2 (SMH 75-1) różniące się między sobą krzyżowano wcześniej celem otrzymania testera L_3 . Następnie 3 testery L_1 , L_2 , L_3 krzyżowano z 11 populacjami żyta ozimego: Dańkowskie Złote, Dańkowskie Nowe, Motto, Warko, Wibro, Zduno, Adar, Arant, Amilo, Kier i Walet. Otrzymane w ten sposób mieszańce F_1 wysiano w 2001 roku polu w 3-powtórzeniach na powierzchni 0,4 m².

Obserwacje polowe i analizy laboratoryjne objęły 12 cech: wysokość roślin, długość dokłosa i kłosa, stopień porażenia rdzą brunatną, liczbę kłosów na poletku, plon ziarna z poletka, masę ziaren z kłosa, liczbę ziaren z kłosa, masę 1000 ziaren, ciężar hektolitra,

zawartość białka i liczbę opadania. Dla oszacowania epistazy i addytywno-dominującego sposobu działania genów przeprowadzono 2 niezależne analizy wariancji. W tym celu dla oszacowania epistazy obliczono średnie kwadraty epistazy całkowitej, z której wydzielono epistazę typu „i”, tj. wynikającą ze współdziałania loci homozygotycznych z homozygotycznymi i epistazę typu „j,l” wynikającą ze współdziałania loci homozygotycznych z heterozygotycznymi i heterozygotycznych z heterozygotycznymi oraz błąd. Istotność poszczególnych składników sprawdzono testem „F”. Efekty epistatyczne dla każdej populacji oszacowano z relacji $\bar{I}_i = \bar{L}_{1i} + \bar{L}_{2i} - 2\bar{L}_{3i}$, gdzie $\bar{L}_{1i}, \bar{L}_{2i}, \bar{L}_{3i}$ są średnimi wartościami cech dla mieszańców uzyskanych ze skrzyżowania *i*-tej odmiany z testerami L_1, L_2, L_3 (Jinks i in., 1969). Istotność odchylen od zera oszacowanych efektów epistatycznych dla populacji sprawdzano testem „t”. Stosownie do założenia dla wszystkich badanych cech został oznaczony addytywno-dominujący sposób działania genów. Obliczenia wykonano dla sum (addytywny komponent) z relacji, $D_i = \bar{L}_{1i} + \bar{L}_{2i} + \bar{L}_{3i}$ i dla różnic (dominujący komponent) z relacji: $H_i = \bar{L}_{1i} - \bar{L}_{2i}$, następnie określono stopień dominacji z oszacowanych składników z relacji $\sqrt{\frac{H_i}{D}}$ (Jinks i in., 1968) oraz wyznaczono kierunki dominacji według

$$\text{WZORU: } r_{\text{sumy / roznice}} = \frac{\text{Cov}_{\text{sumy / roznice}}}{\sqrt{V_{\text{sumy}} \times V_{\text{roznice}}}} \quad (\text{Jinks i in., 1968}).$$

W oparciu o obliczone komponenty wariancyjne wyznaczono współczynniki odziedziczalności w szerokim i wąskim zakresie z relacji $h_{(sz)}^2 = \frac{V_G}{V_F}$, $h_{(w)}^2 = \frac{V_A}{V_F}$, gdzie V_A, V_B, V_F oznaczają wariancje addytywne, genetyczne i fenotypowe (Simmonds, 1987).

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 zestawiono średnie kwadraty z analizy wariancji epistazy dla 12 cech żyta ozimego. Stwierdzono występowanie istotnej epistazy dla większości badanych cech. Epistaza wynikała głównie ze współdziałania loci homozygotycznych z heterozygotycznymi i heterozygotycznych z heterozygotycznymi określana jako typu „j,l” (tab. 1). Epistaza typu „i”, tj. wynikająca ze współdziałania loci homozygotycznych z homozygotycznymi, wystąpiła tylko dla długości dokłosa (tab. 1). Uzyskane wyniki mają znaczenie praktyczne dla hodowli żyta.

Wysoce istotny średni kwadrat epistazy dla badanych cech oznacza, że skuteczność selekcji w obrębie tej cechy we wczesnych pokoleniach może okazać się niska (z wyjątkiem długości dokłosa). Należy podkreślić, że uwaga będzie dotyczyć tych odmian żyta, u których oszacowano dla badanej cechy istotne efekty epistazy.

Tabela 1

Analiza wariancji dla epistazy u form żyta ozimego w 2001 roku
Analysis of variance for epistatic effects in winter rye in 2001

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean squares											
		wysokość roślin plant height	masa ziaren z kłosa grain weight per ear	liczba ziaren z kłosa number of grains per ear	liczba kłosów z poletka number of ears per plot	długość kłosów length of ear	długość dokłosa length of internode	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains	ciężar hektolitra test weight	rdza brunatna brown rust	plon ziarna z poletka grain yield per plot	zawartość białka protein content	liczba opadania falling number
Epistaza Epistasis	11	515,7**	0,47*	235,6**	4452,2*	7,3**	67,6*	36,02*	43,1**	5,9*	11205,7**	1,9**	79,6*
Typ „i” Type „i”	1	22,4	0,07	27,3	1258,7	1,1	52,9*	8,03	2,5	2,9	2089,3	0,7	1,5
Typ „j,l” Type „j,l”	32	176,6**	0,16**	80,2**	491,1*	2,5**	21,6**	12,1*	14,7**	1,9*	3786,7**	0,63**	27,3**
Błąd Error	60	61,5	0,11	79,6	2117,1	0,64	8,9	16,3	12,4	2,7	5570,7	0,59	32,7

*, ** Istotne odpowiednio dla poziomu P = 0,05 lub P = 0,01

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

Tabela 2

Efekty epistazy w odmianach żyta
Epistatic effects for evaluated varieties

Odmiany Varieties	Oszacowane efekty epistazy Estimation of epistatic effects											
	wysokość roślin plant height	masa ziaren z kłosa grain weight per ear	liczba ziaren z kłosa number of grains per ear	liczba kłosów z poletka number of ears per plot	długość kłosów length of ear	długość dokłosa length of internode	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains	ciężar hektolitra test weight	rdza brunatna brown rust	plon ziarna z poletka grain yield per plot	zawartość białka protein content	liczba opadania falling number
Dańkowskie Żłote	-18,2**	-0,07	-2,00	-34,3	-2,03**	-5,53**	-1,87	0,5	0,7	-59,1	0,07	0,001
Dańkowskie Nowe	-14,6**	-0,57**	-11,67*	27,3	-0,3	2,70	-4,07	-7,1**	0,7	-82,4	0,5	-14,7**
Motto	7,7	-0,001	-6,67	-46,7	2,6**	2,13	4,57	7,9**	2,3**	7,9	0,73	1,7
Warko	-8,9	0,33	5,33	-50,7	2,2	-213	2,7	2,8	0,7	44,9	1,83**	-4,3
Wibro	-5,6	-0,13	-2,33	-48,7	2,0	6,7**	-1,7	-3,4	-1,0	-5,9	-0,53	5,0
Zduno	-1,1	-0,43*	-15,67**	31,0	-0,17	9,67**	-0,33	3,8	2,3*	-62,2	-1,23**	2,3
Adar	-0,3	0,3	3,67	-26,7	0,1	0,03	7,6**	-1,8	-1,0	37,97	0,07	0,001
Arant	0,9	0,07	0,001	21,3	0,3	2,07	0,9	-0,5	1,3	-22,3	0,37	0,001
Amilo	9,4*	0,3	4,67	-24,7	-1,23**	1,03	1,7	2,2	1,7	45,8	-0,27	4,7
Kier	23,8**	0,93**	16,67**	61,7*	1,67**	7,57**	-3,2	1,5	-0,3	90,1*	0,53	1,7
Walet	22,8**	0,17	-9,33	-24,3	-1,63**	-0,1	3,1	-0,7	-1,7	-99,5*	0,7	-0,3

*,** Istotne dla poziomu P = 0,05 lub P = 0,01

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

W przypadku form żyta, u których nie ujawniono epistazy, większe znaczenie dla dziedziczenia badanej cechy będzie miał addytywno-dominujący sposób działania genów.

W tabeli 2 zamieszczono oszacowane efekty epistazy dla badanych populacji żyta ozimego. Jeśli epistaza w ogóle wystąpiła, wówczas w sposób istotny wpływała na ekspresję cech u badanych odmian. Okazało się, że największy wpływ epistazy na wartość cech odnotowano u odmiany Kier.

Epistaza u tej odmiany wpływała korzystnie na masę i liczbę ziaren z kłosa, liczbę kłosów z poletka, długość kłosów, plon ziarna z poletka. Niekorzystnie działanie epistazy u odmiany Kier odnotowano w przypadku długości źdźbła i dokłosa. Również u odmiany Dańkowskie Złote odnotowano niekorzystny wpływ epistazy na wysokość roślin i długość kłosów. W przypadku populacji Dańkowskie Nowe epistaza korzystnie oddziaływała na wysokość roślin, masę i liczbę ziaren z kłosa oraz liczbę opadania. U odmiany Zduno odnotowano niekorzystną ekspresję epistazy w przypadku masy i liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa i zawartości białka, natomiast zaobserwowano nieznacznie korzystny wpływ epistazy na zawartości białka. Epistaza u odmiany Amilo i Walet niekorzystnie modyfikowała wysokość roślin i długości kłosów. W przypadku odmiany Walet odnotowano niekorzystny wpływ epistazy na plon ziarna z poletka. Epistaza u odmiany Motto dodatkowo wpływała na długość kłosów, ciężar hektolitra i odporności na rdzę brunatną. Dodatkowo efekty epistazy stwierdzono dla zawartości białka u populacji Warko, dla długości dokłosa u odmiany Wibro i dla masy 1000 ziaren u populacji Adar (tab. 2). Prezentowane wyniki potwierdzają tezę, że w dziedziczeniu badanych cech ważną rolę odgrywają niealleliczne formy działania genów.

Jednak poszczególne formy epistazy w sposób odmienny wpływały na cechy badanych odmian. Epistaza, która wydłużała długość dokłosa u odmiany Zduno, Wibro, Kier, a skracała u populacji Dańkowskie Złote, wynikała ze współdziałania loci homozygotycznych z homozygotycznymi (epistaza typu „i”). Ten typ epistazy jest częścią addytywnej wariancji genetycznej, która jest w wysokim stopniu odziedziczalna. Natomiast epistaza, która wynikała ze współdziałania loci homozygotycznych z heterozygotycznymi i heterozygotycznych z heterozygotycznymi, czyli epistaza typu „j,l”, jest częścią zmienności genetycznej zaliczanej do nieaddytywnych form działania genów, w niskim stopniu odziedziczalna. Właśnie ten typ epistazy odnotowano dla większości badanych cech.

Stosownie do założenia przeprowadzono również analizę wariancji według modelu addytywno-dominującego (tab. 3).

Stwierdzono istotne efekty dominowania dla wysokości roślin, masy ziaren z kłosa, liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa i kłosa, ciężaru hektolitra, plonu ziarna z poletka i liczby opadania. Natomiast addytywny sposób działania genów odnotowano tylko dla długości kłosa (tab. 3). Obliczony stopień dominacji wykazał również silną naddominację u kilku cech: wysokości roślin, liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa, rdzy brunatnej i liczby opadania (tab. 4). Kierunek dominacji okazał się na ogół nieokreślony z wyjątkiem: liczby ziaren z kłosa ($r = 0,59$), długości dokłosa ($r = -0,80$) i liczby opadania ($r = -0,82$) (tab. 4).

Tabela 3

Analiza wariancji dla modelu addytywno-dominującego
Analysis of variance for additive and dominance model

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean squares											
		wysokość roślin plant height	masa ziaren z kłosa grain weight per ear	liczba ziaren z kłosa number of grains per ear	liczba kłosów z poletka number of ears per plot	długość kłosów length of ear	długość dokłosa length of internode	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains	ciężar hektolitra test weight	rdza brunatna brown rust	plon ziarna z poletka grain yield per plot	zawartość białka protein content	liczba opadania falling number
Addytywność Additivity	10	126,2	0,04	41,8	793,0	3,3*	15,5	26,8	6,9	2,1	1879	0,66	30,8
Błąd Error	60	78,9	0,14	87,9	2813,7	1,0	11,1	23,1	19,2	4,2	7552	1,03	45,5
Dominowanie Dominance	10	156,7**	0,19*	101,5**	1355,1	1,95**	23,8**	11,3	15,7*	2,9	4545*	0,71	35,9*
Błąd Errorr	40	22,5	0,04	18,8	817,3	0,36	2,95	7,23	6,6	1,5	2049	0,39	13,9

*, ** Istotne odpowiednio dla poziomu P = 0,05 lub P = 0,01

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

Tabela 4

Oszacowane efekty addytywne, dominujące, stopień dominacji z oszacowanych składników, odziedziczalność w wąskim i szerokim sensie oraz kierunki dominacji (r)

Estimation of additive effects, dominant effects, dominance ratio, heritability in narrow and broad sense and directions of domination (r)

Parametry genetyczne The genetic parameters	Oszacowane wartości parametrów genetycznych dla badanych cech Estimation of genetic parameters for investigated traits											
	wysokość roślin plant height	masa ziaren z kłosa grain weight per ear	liczba ziaren z kłosa number of grains per ear	liczba kłosów z poletka number of ears per plot	długość kłosów length of ear	długość dokłosa length of internode	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains	ciężar hektolitra test weight	rdza brunatna brown rust	plon ziarna z poletka grain yield per plot	zawartość białka protein content	liczba opadania falling number
$(\hat{D})$ Addytywność; Additivity	88,5	0,004	11,1	128,77	2,66	10,52	16,97	0,43	0,65	478,24	0,29	13,9
$(\hat{H})$ Dominowanie; Dominance	178,9	0,195	110,22	717,13	2,11	27,77	5,44	12,13	1,88	33227,9	0,43	29,16
$\sqrt{\frac{H_1}{D}}$ Stopień dominacji Dominance ratio	1,42	—	3,15	—	0,89	1,62	0,57	5,3	1,7	—	1,23	1,45
h^2 (wąski) (narrow sense heritability)	0,30	0,016	0,74	0,08	0,52	0,25	0,56	0,023	0,17	0,09	0,24	0,24
h^2 (szeroki) (broad sense heritability)	0,90	0,80	0,80	0,39	0,93	0,91	0,7	0,66	0,64	0,54	0,68	0,74
Kierunki dominacji Directions of domination (r)	-0,12	0,26	0,59	0,099	0,27	-0,80	0,083	0,16	-0,29	-0,47	-0,10	-0,82

Dodatni kierunek dominacji dla liczby ziaren z kłosa wskazywał, że cecha dążyła do gorszego rodzica, natomiast ujemny dla długości dokłosa i liczby opadania, że do lepszego. Konsekwencją przewagi dominującego nad addytywnym sposobem działania genów były wysokie wartości współczynników odziedziczalności h^2 w szerokim sensie dla większości badanych cech. Wysokie współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie h^2 stwierdzono tylko dla długości kłosów i masy tysiąca ziaren (tab. 4).

Prezentowane wyniki badań potwierdzają Jedyński (1989), Kaczmarek (1993), Śmiałowski (1993, 2001), Węgrzyn (1989, 1993) i Śmiech i wsp. (1996). Szczególnie dużą rolę zarówno epistazy, jak i dominującego sposobu w dziedziczeniu wysokości roślin u żyta opisuje Kaczmarek i wsp. (1993). Wysoki 62% udział epistazy wynikającej ze współdziałania loci heterozygotycznych z heterozygotycznymi w dziedziczeniu liczby ziaren z kłosa u żyta stwierdził Śmiałowski i wsp. (1993). Istotną rolę epistazy w dziedziczeniu zawartości białka w ziarnie i liczby opadania odnotował Węgrzyn i wsp. (1993), a potwierdził dla zawartości białka Śmiech i wsp. (1996). Natomiast w przypadku jęczmienia Kjaer i Jensen (1996) odnotowali aż 80% zmienności wywołanej epistazą dla masy 1000 ziaren i plonu ziarna.

W naszej pracy jednak na szczególną uwagę zasługuje odmienny pod względem wartości i kierunku wpływ epistazy na dziedziczenie ważnych cech plonotwórczych i jakościowych u żyta ozimego. Przyczyny mogą tkwić w różnorodności genetycznej badanego materiału. Innym spostrzeżeniem przydatnym do praktycznej hodowli, wynikającym z występowania epistazy, jest możliwość wykorzystania jej efektów w potomstwie. Utrwalenie zmian będzie jednak napotykać duże trudności ze względu na niską odziedziczalność niektórych analizowanych cech, co wykazano w niniejszej pracy.

WNIOSKI

1. Dziedziczenie cech użytkowych żyta ozimego kontrolowane jest w epistatyczny oraz addytywno-dominujący sposób działania genów. Sposób tego dziedziczenia jest specyficzny dla określonej populacji i cechy.
2. Jeśli epistaza wystąpiła to wynikała głównie ze współdziałania loci homozygotycznych z heterozygotycznymi i loci heterozygotycznych heterozygotycznymi (epistaza typu „j,l”).
3. Analiza wariancji według addytywno-dominującego modelu wykazała przewagę dominującego sposobu działania genów nad addytywnym dla większości badanych cech. Stwierdzono również wysoką naddominację dla wysokości roślin, liczby ziaren z kłosa, długości dokłosa, stopnia porażenia rdzą brunatną, ciężaru hektolitra i liczby opadania.
4. Współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie były wyższe od współczynników w wąskim sensie. Świadczy to o przewadze nieaddytywnych form działania genów w dziedziczeniu ważnych cech u żyta ozimego.

LITERATURA

- Comstock R. E., Robinson H. F. 1952. Heterosis. Chap. 30. Iowa State Col. R.
- Kaczmarek J., Bujak H. 1993. Analiza dziedziczenia 6 cech ilościowych dwóch linii wsobnych żyta. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 223: 127 — 134.
- Kearsey M. J., Jinks J. L. 1967. A General Method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metrical traits. I. Theory. Heredity 23: 403 — 409.
- Kjaer B., Jensen J. 1996. Quantitative trait loci for grain yield and components in a cross between a six-rowed and two-rowed barley. Euphytica 90: 1 39 — 48.
- Jedyński S., Kaczmarek H. 1989. Efekty epistatycznego działania genów u żyta. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 382: 231 — 238.
- Jinks J. L., Perkins J. M., Breese E. L. 1968. A general method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metrical traits. II Application to inbred lines. Heredity 24: 45 — 57.
- Jinks J. L., Perkins J. M. 1969. A general method of detecting additive, dominance and epistasis variation for metrical traits. III F₂ and backcross populations. Heredity 25: 419 — 428.
- Jinks J. L., Perkins J. M., Pooni H. S. 1973. The incidence of epistasis in normal and extreme environments. Heredity 31 (2): 263 — 269.
- Simmonds N. M. 1987. Podstawy hodowli roślin. PWR i L, Warszawa.
- Śmiech M., Przybecki Z., Malepszy S. 1996. Dziedziczenie zawartości białka i masy 1000 ziaren w liniach wsobnych żyta (*Secale cereale* L.). Biul. IHAR 209: 93 — 98.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 1998. The influence of environments on the forms of the epistatic effects at some of winter rye population. J. Appl. Genet. 38 A: 114.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 1999. Działania genów epistatycznych kontrolujących dziedziczenie cech u wybranych populacji żyta ozimego. Biul. IHAR 211: 249 — 257.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Addytywno-dominujący sposób działania genów odpowiedzialnych za dziedziczenie ważnych cech rolniczych żyta ozimego. Pam. Puł. 128: 247 — 256.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. The influence of environments on epistatic effects of genes controlling some traits in winter rye. Eucarpia Rye Meeting. Book Abstr.: 53.
- Węgrzyn S. 1985. Genetyczne podstawy niektórych cech u żyta. Prace zespołu hodowli żyta. IHAR, Radzików: 14 — 21.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T. 1989. Sposoby działania genów kontrolujących niektóre cechy morfologiczne żyta ze szczególnym uwzględnieniem epistazy. Hod. Rośl. Aklim. 33 z. 5/6: 1 — 7.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T. 1993. Sposoby działania genów ze szczególnym uwzględnieniem epistazy. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 223: 91 — 100.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T. 1995. Sposoby działania genów epistatycznych, dominujących i addytywnych kontrolujących ważne cechy użytkowe w odmianach populacyjnych żyta (*Secale cereale* L.). Biul. IHAR 195/196: 273 — 281.

LECHOSŁAW GROCHOWSKI

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.

Ksenia u żyta, jej rodzaje i znaczenie w hodowli odmian mieszańcowych

Xenia in rye, its types and significance for breeding of hybrid cultivars

W pracy przedstawiono zrealizowany w latach 1985–2000 eksperymentalny program tworzenia ksenicznych i podwójnych mieszańców żyta. Potwierdzono występowanie u żyta podwójnej ksenii: jakościowej (barwa ziarniaków) oraz ilościowej (masa 1000 ziarniaków). Określono zmienność stopnia przekrzyżowania materiałów wyjściowych w zależności od ich genetycznego zawężenia. Wykazano, że możliwe jest znalezienie żółtoziarnistych form o wysokiej zdolności kombinacyjnej i dużym efekcie ksenii masy 1000 ziarniaków, przydatnych do hodowli odmian mieszańcowych. Podano formułę tworzenia podwójnych mieszańców żyta i opisano ich wybrane właściwości rolnicze.

Słowa kluczowe: ksenia, żyto, kseniczne mieszańce, podwójne mieszańce

The paper presents an experimental program of creating xenic and double hybrids of rye, realized in the years 1985–2000. The occurrence of double xenia in rye: qualitative (kernel color) and quantitative (thousand kernels weight) has been affirmed. Variability of the degree of intercrossing of initial materials has been characterized, depending on a degree of narrowing of the genetic variation basis. The selection of yellow kernel forms showing high combining ability and large effect of thousand kernel weight xenia proved to be useful in hybrid breeding. The formula is given for creation of double hybrids and some agricultural properties of the obtained F₁ forms are described.

Key words: xenia, rye, xenic hybrids, double cross hybrids

WSTĘP

Poszukiwanie oraz wytwarzanie nowych źródeł zmienności genetycznej jest podstawowym warunkiem dalszego rozwoju hodowli roślin. U roślin obcopolnych maksymalne wykorzystanie efektu heterozji jest możliwe poprzez hodowlę odmian mieszańcowych (Geiger, Morgenstern, 1979). Odmiany mieszańcowe żyta na ogół plonują lepiej od odmian populacyjnych. Ich tworzenie rozpoczęto na początku lat siedemdziesiątych XX wieku. Po odkryciu w argentyńskiej populacji PAMPA roślin z dziedzicznie uwarunkowaną cytoplazmatyczną męską jałowością oraz form zawierających geny przywracające płodność (Geiger, Schnell, 1975; Geiger, 1982, 1985; Miedaner, Geiger, 1993). W roku 1984 zarejestrowano w Niemczech pierwszą mieszańcową odmianę żyta Akkord. W Polsce zagadnieniem mieszańcowej hodowli żyta zajmowało się szereg badaczy

(Madej, 1975, 1984, 1996; Madej i in., 2001; Łapiński, 1975 a i b; Ruebenbauer i Pająk, 1984; Kolasińska, 1989, 1992, 1999; Węgrzyn i Madej, 1990; Szołkowski, 1998, inf. ustna). Efektem ich prac są zarejestrowane odmiany mieszańcowe: Nawid (1998), Luco (1999), Klawo (2000), Stach (2002). Jednakże hodowla i reprodukcja odmian mieszańcowych w oparciu o wykorzystanie systemu CMS jest procesem bardzo skomplikowanym, długotrwałym i kosztownym. Kolejnym utrudnieniem hodowli jest duże porażenie chorobami grzybowymi a szczególnie sporyszem (*Claviceps purpurea*). Skłania to hodowców do szukania nowych możliwości wykorzystania heterozji w oparciu o inne systemy genetyczne (Grochowski, 1990, 1992; Grochowski i in., 1995; Grochowski, 1998).

Większość populacyjnych odmian żyta ma niejednolicie zabarwione nasiona. Prawie w każdej z nich obok ziaren zielonych występuje mniejszy lub większy procent ziaren żółtych. Wytworzenie żółtoziarnistych analogów odmian jest możliwe w stosunkowo krótkim czasie. Po skrzyżowaniu form o różnym zabarwieniu ziarna dzięki ksenii już w kłosach roślin matecznych o żółtym ziarnie można wyodrębnić nasiona mieszańcowe.

W roku 1881 W. D. Focke nazwał ksenią zjawisko pozwalające na rozpoznanie mieszańcowego charakteru nasion po pewnych cechach fenotypowych (kształt, kolor, wielkość) będących skutkiem wpływów genotypu pyłku na zarodek lub bielmo nasion.

Giltay (1893) donosi o występowaniu ksenii u żyta związanej z barwą ziarna — cyt. za Jain (1960).

Nicolaisen (1932) był twórcą terminu „ksenia ilościowa”. W wyniku badań nad dziedziczeniem się rozmiarów (wielkości) nasion żyta i grochu stwierdził, że: nasiona mieszańcowe żyta mają kolor zielony (ksenia jakościowa) oraz zwykle większą masę jednostkową, a zatem i masę 1000 ziarniaków (ksenia ilościowa). Podwójna ksenia stwarza możliwości masowego krzyżowania i otrzymywania mieszańców zwanych ksenicznymi (Grochowski i in., 1996).

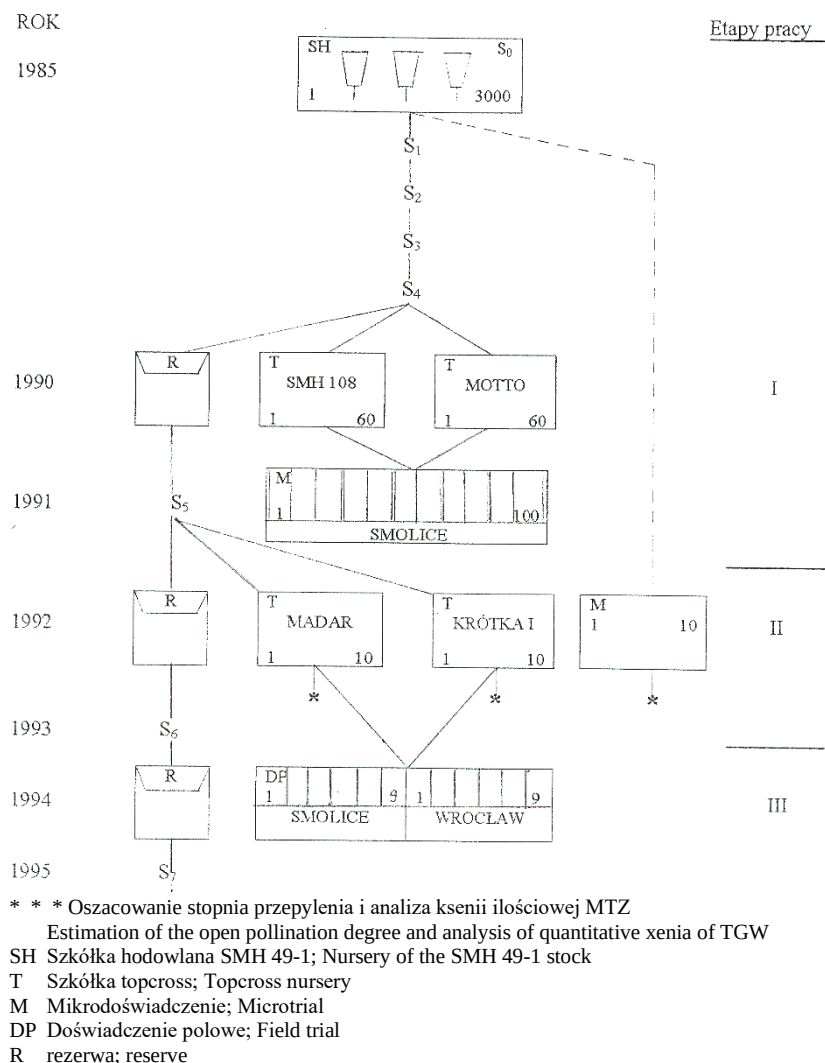
Kseniczne mieszańce żyta są wynikiem naturalnego, swobodnego zapylenia żółtoziarnistych form matecznych pyłkiem roślin o zielonym ziarnie. Można je podzielić na spontaniczne i celowe. Spontaniczne powstają w przyrodzie w obrębie prawie wszystkich populacji i odmian żyta w związku z wiatropylnością tej rośliny. Możliwość ich celowego wytwarzania stwarza nowe perspektywy tworzenia odmian mieszańcowych (Grochowski, 1990, 1992).

Celem przeprowadzonych badań było:

- wytworzenie rodów i linii wsobnych o żółtym ziarnie oraz ich krzyżowanie z odpowiednio dobranymi testerami,
- porównanie stopnia swobodnego przekrzyżowania wytworzonych materiałów w różnych warunkach,
- analiza ksenii ilościowej masy 1000 ziarniaków,
- ocena ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich oraz wartości gospodarczej mieszańców,
- oszacowanie zakresu zmienności szeregu cech rolniczych wytworzonych mieszańców,
- wytworzenie przy użyciu tych samych form matecznych podwójnych i potrójnych mieszańców oraz porównanie ich wybranych właściwości.

MATERIAŁ I METODY

Pracę nad wytworzeniem ksenicznych mieszańców rozpoczęto w Smolicach w roku 1985 — (rys. 1).



Rys. 1. Przebieg badań nad ksenicznymi mieszańcami żyta wytworzonymi z linii wsobnych pochodzących z SMH 49-1

Fig.1. The study on xenic hybrids of rye generated from the inbred lines from the population SMH 49-1

W pierwszym etapie prac (1985–1991) tworzone były rodziny i linie wsobne o żółtym ziarnie. Materiałem wyjściowym była populacja SMH 49-1 wyselekcjonowana z niemieckiej odmiany Perolo. Populacja miała żółte ziarno, skrócone źdźbło oraz poprawioną odporność

na mączniaka i wyleganie. Prowadzone w tym czasie i opublikowane przez Kolasieńską (1992) badania wykazały, że różni się ona pod względem genetycznym od odmian grupy PEKTUS. W roku 1995 w szkółce hodowlanej SMH 49-1 przed kwitnieniem założono na wybrane pojedyncze rośliny 3000 pergaminowych izolatorów. Na każdej roślinie izolowano 5 kłosów. Co roku do dalszej hodowli przeznaczano linie, które pod izolatorem zawiązywały najwięcej ziaren, a jednocześnie wyróżniały się odpornością na choroby grzybowe i wyleganie. Po zbiorach w 1989 roku wybrano z pokolenia S₄ 60 najbardziej interesujących linii i wysiano w izolowanych przestrzennie szkółkach topcross. Celem było otrzymanie pierwszych próbných ksenicznych mieszańców. Jako form ojcowskich (testerów) użyto smolickiej populacji SMH 108 i odmiany Motto. Zebrane mieszańce w następnym roku oceniano w mikrodoświadczeniu prowadzonym metodą wzorcową bez powtórzeń. Wzorcami były formy ojcowskie wysiane naprzemian, co piąte poletko. Powierzchnia poletka 1 m². Siew ręczny punktowy w rozstawie 5 × 20 cm. W mikrodoświadczeniu uczestniczyło 100 obiektów (2 × 49 mieszańców + 2 formy ojcowskie). Analizowano 14 cech. Wyniki opublikowano (Grochowski, 1992).

W drugim etapie (1992–1993) oceniano stopień przekrzyżowania i ksenię masy 1000 ziarniaków. W tym celu wysiano:

- na Głównym Polu Doświadczalnym mikrodoświadczenie z 10 rodami SMH 49-1 na poletkach o powierzchni 1 m² do swobodnego przepylenia mieszaniną pyłku,
- w izolowanych przestrzennie szkółkach topcross 10 linii S₅ wybranych na podstawie wyników mikrodoświadczenia z próbnymi mieszańcami.

Szkółki topcross wysiewano punktowo w rozstawie 20 × 30 cm. Siano na przemian jeden rząd linii matecznej i trzy rzędy testera. Z każdej linii matecznej wysiewano 50 ziaren. Formami ojcowskimi (testerami) były: odmiana Madar i populacja Krótka I. Obie te formy wyróżniały się wysoką ogólną zdolnością kombinacyjną (GCA). Kłosa z każdego rzędu matecznego zbierano oddzielnie i po omłocie analizowano procent przekrzyżowania i ksenię ilościową masy 1000 ziarniaków. Metodyka pracy była następująca: z każdej kombinacji mieszańcowej odliczano licznikiem nasion (Kopciuszek) 4 × 500 ziaren. Na podstawie występowania ksenii w zabarwieniu każdą próbkę rozdzielano na dwie grupy:

- ziarno zielone, mieszańcowe,
- ziarno żółte pochodzące z zapylania wewnątrzliniowego lub międzyliniowego.

Następnie oznaczono i porównano masę 1000 ziarniaków z obu grup. Procent ziaren zielonych w każdej próbie określał zdolność do przekrzyżowania u poszczególnych form matecznych, a różnice w masie 1000 ziarniaków obu grup uznano za efekt ksenii ilościowej.

Trzeci etap (1994–1997), to doświadczenia porównawcze mieszańców ksenicznych trzech linii: 70545, 70617, 70620 z formami ojcowskimi (testerami) i wzorcem Dańkowskim Żółtym. Doświadczenia zakładano metodą losowych bloków w czterech powtórzeniach w dwóch miejscowościach — Smolicach i Wrocławiu. Wielkość poletka – 1 m², siew ręczny punktowy w rozstawie 5 × 20 cm. Analizowano dziewięć cech: liczbę kłosów produktywnych na 1 m², masę ziarna z poletka, masę ziaren z kłosa, masę 1000 ziaren (g), masę hektolitra (kg), wysokość roślin (cm), zawartość białka w ziarnie (%),

zawartość lizyny (g/kg ziarna), zawartość włókna (mg/g ziarna). Trzy ostatnie cechy oznaczano w Zakładzie Materiału Siewnego IHAR w Radzikowie na aparacie Infratec.

W czwartym etapie (1998–2000) wytworzono i porównywano w doświadczeniach polowych dwa typy mieszańców:

- podwójne o formule $(A \times B) CMS \times (C \times D) XH$
- potrójne o formule $(A \times B) CMS \times C$

Formami matecznymi obu grup było 10 mieszańców CMS-SC z Radzikowa. Dla otrzymania mieszańców podwójnych przekrzyżowano je w szkółce topcross mieszańcem ksenicznym SMH-XH-1 (przebieg prac rys. 6).

Mieszańce potrójne powstały po przekrzyżowaniu w.w. form matecznych populacją SMH-117. W sezonie 1999/2000 przeprowadzono doświadczenia polowe w dwóch miejscowościach w Smolicach i Rogożewie. W doświadczeniach uczestniczyło 10 mieszańców podwójnych, 10 mieszańców potrójnych, 2 formy ojcowskie, 3 wzorce: Dańkowskie Złote, Esprit i Warko. Doświadczenia zakładano metodą bloków niekompletnych w 4 powtórzeniach. Wysiew 320 kg/m². Wielkość poletka do zbioru 5 m². Szczegółowo analizowano 5 cech: plon ziarna (dt/h), masę 1000 ziarniaków (g), masę hektolitra (kg), wysokość roślin (cm) i odporność na wyleganie (w skali 9°).

WYNIKI

Wytworzenie rodów i linii wsobnych o żółtym ziarnie oraz ich krzyżowanie z odpowiednio dobranymi testerami

Po zbiorach 1991 na podstawie wyników mikrodoświadczeń wybrano do przekrzyżowania w różnych warunkach:

- ze szkółki hodowlanej SMH 49-1 dziesięć rodów (oznaczonych symbolami 1000–1009). Rody te wyróżniały się wyrównaniem i zwiększoną odpornością na rdzę brunatną (*Puccinia recondita* f. sp. *recondita*). Przeznaczono je do zapylenia mieszaniną pyłku z Głównego Pola Doświadczalnego.
- 10 najbardziej fenotypowo wyrównanych linii wsobnych z pokolenia S₅ do krzyżowania w szkółkach topcross z odmianą Madar i populacją Krótka I.

Ocena stopnia przekrzyżowania i masy 1000 ziarniaków

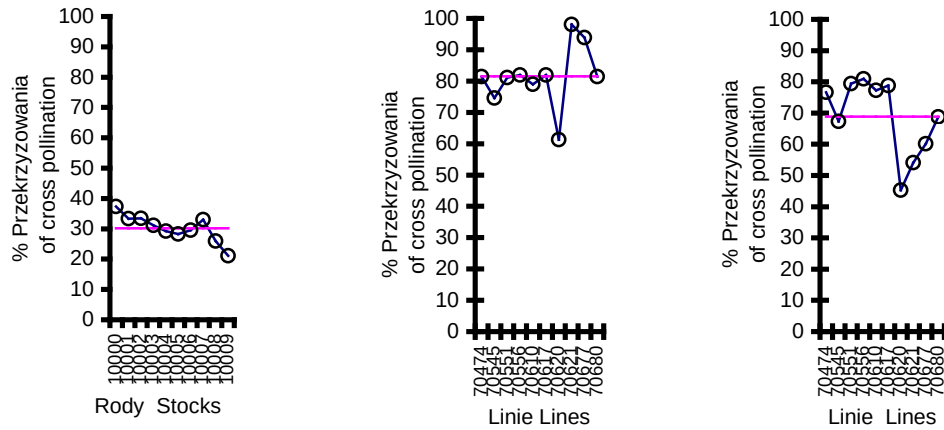
Wyniki prowadzonych po zbiorach 1992 roku ocen i analiz przedstawiono na rysunku 2 i 3. Procent przekrzyżowania dla rodów przy swobodnym zapyleniu mieszaniną pyłku z Głównego Pola Doświadczalnego wahał się od 21,1 (ród 10009) do 37,3 (ród 10000); dla linii krzyżowanych z odmianą Madar był najwyższy i wynosił od 61,3 (linia 70620) do 98,1 (linia 70621); dla linii krzyżowanych z populacją Krótka I od 45,3 (linia 70620) do 80,98 (linia 70556).

Effekt ksenii ilościowej kształtował się następująco:

- rody od 0,9 g (ród 10008) do 6,1 g (ród 10009),
- linie krzyżowane z odmianą Madar od 0,0 g (linia 70677) do 4,7 g (linia 70621),
- linie krzyżowane z populacją Krótka I od 0,7 g (linia 70551) do 4,5 g (linia 70677).

♀ Rody z SMH 49-1 — Stocks of SMH 49-1
 ♂ Mieszanka pyłku z Gł. Pola Dośw.
 Mixture of pollen from yield trials

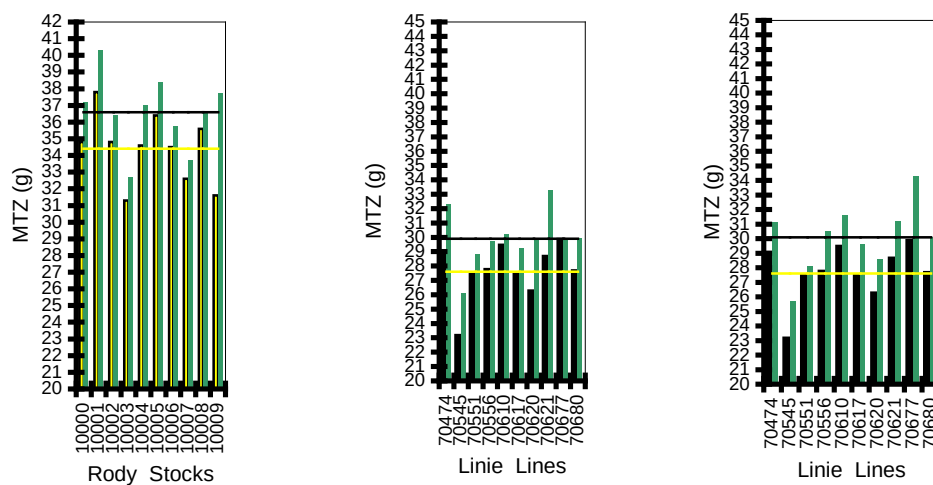
♀ Linie S₆ z SMH 49-1 — S₆ lines of SMH 49-1
 ♂ Madar
 ♂ Krótka I



Rys. 2. Stopień przekrzyżowania rodów i linii pochodzących z populacji SMH 49-1
Fig. 2. Extent of cross pollination of stocks and inbred lines derived from the population SMH 49-1

♀ Rody z SMH 49-1 — Stocks of SMH 49-1
 ♂ Mieszanka pyłku z Gł. Pola Dośw.
 Mixture of pollen from yield trials

♀ Linie S₆ z SMH 49-1 — S₆ lines of SMH 49-1
 ♂ Madar
 ♂ Krótka I



Rys. 3. Efekt ksenii masy 1000 ziarniaków mieszańcowych rodów i linii pochodzących z populacji o żółtym ziarnie SMH 49-1
Fig. 3. Effect of 1000 hybrid grain weight xenia of stocks and inbred lines derived from the population with yellow grains SMH 49-1

Na podstawie przeprowadzonych obserwacji i ocen do dalszych badań wybrano kseniczne mieszańce: 70545 × Madar; 70617 × Madar; 70620 × Madar oraz 70545 × Krótka I; 70617 × Krótka I; 70620 × Krótka I.

Wyniki doświadczeń porównawczych z ksenicznymi mieszańcami, testerami i wzorcem Dańkowskie Złote

Po zbiorach w 1994 roku wykonano syntezę wyników doświadczeń przeprowadzonych w Smolicach i we Wrocławiu. Analizą objęto dziewięć cech. Oszacowano efekty ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej. Średnie kwadraty dla zmienności środowisk, genotypów, ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej wraz z interakcjami zestawiono w tabeli 1.

Na podkreślenie zasługuje istotna różnica między środowiskami przy jednoczesnym braku interakcji $G \times E$, co świadczy o stabilności genotypów. Spośród dziewięciu ocenianych cech masa 1000 ziarniaków, masa hektolitra, wysokość roślin i zawartość lizyny w ziarnie istotnie różnicowały genotypy. Dla tych cech wykonano analizę ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej. Na podstawie stosunku GCA/SCA wywnioskowano o przewadze addytywnych nad nieaddytywnymi formami działania genów dla masy 1000 ziarniaków. Efekty form matecznych i ojcowskich oraz efekty SCA dla masy 1000 ziarniaków przedstawiono w (tab. 2).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności i zdolność kombinacyjna
The mean squares of variability and combining ability (Smolice, Wrocław 1994)

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Number of degrees of freedom	Liczba kłosów produktywnych na 1 m ² Number of fertile ears per 1 m ²	Plon ziarna z poletka Grain yield per plot g	Masa ziarniaków z kłosa Weight of grains per ear g	Masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight g
1	2	3	4	5	6
Środowiska (E) Environments	1	46253,00*	600,00	1,55*	8,08*
Bloki × E Blocks	6	7294,00	47210,70	0,06	7,40
Genotypy (G) Genotypes	5	2139,60	33890,40	0,26	7,88*
GCA matek of mothers	2				10,46*
GCA testerów of testers	1				10,91*
SCA	2				3,78*
Interakcja G × E Interaction	5	2173,00	9092,00	0,10	2,43
GCA matek × E of mothers	2				
GCA testerów × E of testers	1				
SCA × E	2				
Błąd Error	30	4215,40	14601,60	0,12	1,34

c.d. Tabela 1

Źródło zmienności Source of variation	Masa hektolitra Hectolitre weight (kg)	Wysokość roślin Plant height (cm)	Białko w ziarnie Protein in grain (%)	Lizyna g/kg ziarna Lysine g/kg of grain	Włókno mg/g ziarna Fibre mg/g of grain
Środowiska (E) Environments	30,15*	667,50*	0,90	0,80*	14,84
Bloki × E Block	0,28	143,88	2,23	0,05	16,01
Genotypy (G) Genotype	3,76*	198,84*	0,58	0,10*	15,97
GCA matek of mathers	6,30*	210,44*		0,16*	
GCA testerów of testers	4,53*	526,63*		0,18*	
SCA	0,83	23,34		0,01	
Interakcja G × E Interaction	0,50	65,18	0,86	0,05	7,66
GCA matek × E of mathers					
GCA testerów × E of testers					
SCA × E					
Błąd Error	0,43	29,48	0,64	0,03	12,45

* Istotne przy $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Tabela 2

Efekty GCA linii, testerów oraz efekty SCA mieszańców dla masy 1000 ziarniaków
Effects of GCA for lines, testers and effects of SCA for 1000 grain weight of hybrids (Smolice, Wrocław 1994)

Cechy Traits Linie Lines	GCA				SCA	
	wysokość roślin plant height	masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight	masa hektolitra hectolitre weight	lizyna lysine	masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight	
					Madar	Krótki I
70545	-2,13*	-0,88*	-0,71*	-0,07*	-0,15	0,15
70617	-2,06*	0,70*	0,26*	-0,04	-0,40	0,40
70620	4,19*	0,18	0,46*	0,11*	0,54*	-0,54*
Błąd standardowy Standard error	1,11	0,24	0,13	0,03	0,24	
Testery Testers						
Madar	3,31*	0,48*	0,31*	0,06*		
Krótki I	-3,31*	-0,48*	-0,31*	-0,06*		
Błąd standardowy Standard error	0,78	0,17	0,09	0,01		

* Istotne przy $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Linia 70545 istotnie wpływała na skrócenie źdźbła a jednocześnie na obniżenie masy 1000 ziarniaków, masy hektolitra i zawartości lizyny w ziarnie. Linia 70617 także obniżała wysokość roślin, ale poprawiała masę 1000 ziarniaków masę hektolitra. Linia 70620 wydłużała źdźbło i zwiększała masę hektolitra oraz zawartość lizyny w ziarnie. Tester

Madar zwiększał długość źdźbła i poprawiał masę 1000 ziarniaków, masę hektolitra i zawartość lizyny w ziarnie, natomiast Krótka I wpływała na obniżenie wysokości roślin, masy 1000 ziarniaków, masy hektolitra i zawartości lizyny w ziarnie. Średnie wartości analizowanych cech struktury plonu zamieszczono w tabeli 3. Liczba kłosów produktywnych na 1 m², masa ziarniaków z kłosa i masa hektolitra nie przewyższały wartości testerów i wzorca.

Podsumowując wyniki przeprowadzonych doświadczeń można zauważyć, że najplenniejszy mieszańiec 70620 × Krótka I plonował istotnie lepiej od wzorca i formy ojcowskiej, dzięki wysokiej swoistej zdolności kombinacyjnej. Pozostałe mieszańce plonowały na poziomie Dańkowskiego Złotego i form ojcowskich. Większość badanych mieszańców nie ustępowała odmianie wzorcowej pod względem pozostałych analizowanych cech. Do korzystnych cech mieszańców należy zaliczyć podwyższoną masę 1000 ziarniaków w porównaniu z formami ojcowskimi, oraz istotnie obniżoną wysokość roślin w stosunku do Dańkowskiego Złotego.

Tabela 3

Średnie wartości analizowanych cech ilościowych mieszańców, testerów i wzorca
Mean values for the analyzed quantitative traits of the hybrids, testers and standard (Smolice, Wrocław, 1994)

Obiekty Objects	Cechy Traits	Liczba kłosów produktywnych na 1 m ² Number of fertile ears per 1 m ²	Plon ziarna z poletka Grain yield per plot (g)	Masa ziarniaków z kłosa Weight of grains per ear (g)	Masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight (g)	Masa hektolitra Hectolitre weight (kg)	Wysokość roślin Plant height (cm)	Białko w ziarnie Protein in grain (%)	Lizyna ziarna Lysine of grain (g/kg)	Włókno ziarna Fibre of grain (mg/g)
70545 × Madar		468	979	2,13	38,0	73,99	131	9,87	4,03	47,85
70617 × Madar		465	972	2,13	39,4	74,62	132	9,81	4,09	47,60
70620 × Madar		443	1051	2,42	39,8	74,73	136	10,19	4,27	48,58
70545 × Krótka I		459	938	2,05	37,4	72,86	125	9,54	3,95	44,26
70617 × Krótka I		424	986	2,36	39,2	74,17	123	9,44	3,96	46,49
70620 × Krótka I		454	1117	2,49	37,7	74,46	132	9,91	4,09	46,31
Madar		460	1041	2,23	37,0	73,80	139	9,76	4,13	48,76
Krótka I		434	1008	2,29	37,3	72,61	122	10,03	4,02	51,48
Dańkowskie Złote		459	961	2,25	41,8	74,65	144	10,61	4,41	49,17
NIR _{0,05}		r.n.	104,0	0,56	19,95	0,93	8,16	r.n.	0,28	r.n.
LSD _{0,05}										

Wytworzenie oraz porównanie wybranych właściwości mieszańców podwójnych i potrójnych

Analiza wariancji (tab. 4) przeprowadzonych w sezonie 1999/2000 doświadczeń wykazała istotne zróżnicowanie środowisk (miejscowości) oraz badanych genotypów pod względem ocenianych cech. Nie stwierdzono istotności współdziałania między genotypami i miejscowościami, co może świadczyć o stabilności genotypów w różnych środowiskach. Z zestawienia plonów ziarna obu typów mieszańców (tab. 5) wynika, że mieszańce

podwójne były istotnie plenniejsze od potrójnych. Najlepszy mieszańiec podwójny (TO2 8722 × SMH-XH-1) plonował istotnie lepiej od czołowej niemieckiej odmiany mieszańcowej Esprit.

Tabela 4

Średnie kwadraty zmienności dla badanych cech (Smolice, Rogożewo, 2000)
The mean squares of variability for the investigated traits (Smolice, Rogożewo, 2000)

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Plon ziarna Grain yield (dt/ha)	Masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight (g)	Masa hektolitra Hectolitre weight (kg)	Wysokość roślin Plant height (cm)	Wyleganie w skali 9° (1- najlepszy) Lodging score 9° (1 the best)
Środowiska (E) Environments	1	5085,41 **	354,31**	218,63**	3528,00**	0,018
Powtórzenia × Środowiska Replications × Environments	6	509,46	23,37	19,43	148,67	0,002
Genotypy (G) Genotypes	24	67,65*	27,92	23,39*	215,18*	0,028**
Interakcja G × E Interaction	24	34,87	5,69	12,37	29,46	0,015
Błąd — Error	144	53,62	5,88	13,97	36,40	0,019

* Istotne przy $\alpha = 0,05$, ** Istotne przy $\alpha = 0,01$; * Significant at $\alpha = 0,05$, ** Significant at $\alpha = 0,01$

Tabela 5

Plony ziarna mieszańców, form ojcowskich i wzorców (średnio), Smolice i Rogożewo, 2000
Grain yields of hybrids, paternal forms and standards (average), Smolice and Rogożewo, 2000

Obiekty Objects	Plon ziarna — Grain yield, dt/ha		
	D	T	Średnia — Mean
Formy mateczne — Maternal parents	A	×	B
TH 6123	482	×	399
TS 8760	399	×	4475
TO2 8727	482	×	2130
TO2 8657	4475	×	2130
TO2 8722	167	×	2130
TO1 8619	130	×	493
TO-2 8655	5491	×	2130
TO-2 8727	130	×	2130
T2 8807	130	×	5491
T2 8810	463	×	5491
Średnia — Mean			65,7 60,6 63,1
Formy ojcowskie — Paternal parents	C	×	D
SMH-XH-1	L304N	×	L25484/97
SMH-117 Population			
Średnia — Mean			54,2
Wzorce — Standards			
Warko			62,8
Esprit			66,4
Dańkowskie Złote			58,4
Średnia — Mean			62,5
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			3,7

D — Mieszańce podwójne; Double cross hybrids

T — Mieszańce potrójne; Three way cross hybrids

Tabela 6

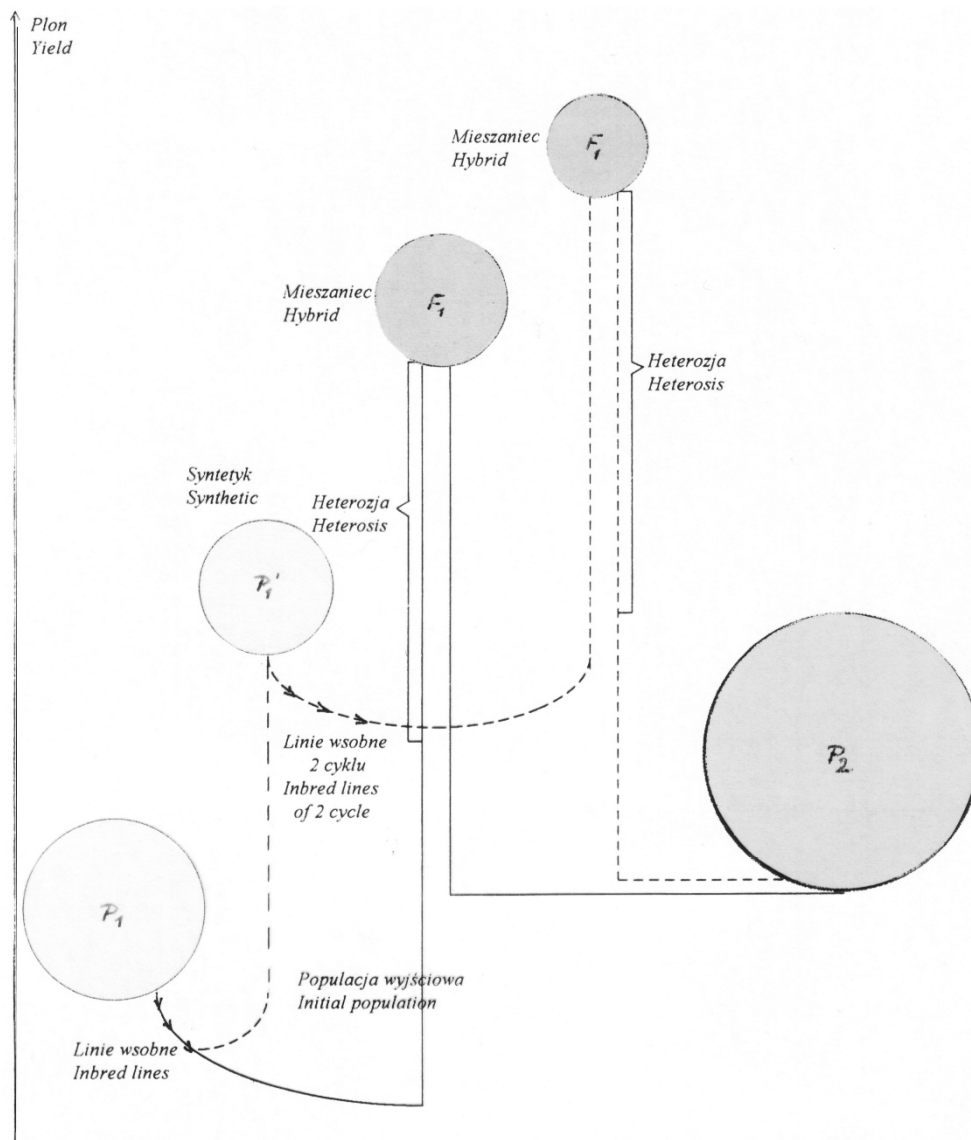
Średnie wartości analizowanych cech mieszańców, form ojcowskich i wzorców (średnio), Smolice i Rogoźewo, 2000
Mean values for the analyzed of traits of hybrids, paternal forms and standards (average), Smolice and Rogoźewo, 2000

Obiekty Objects				Masa 1000 ziarniaków 1000 grain weight, g			Masa hektolitra Test weight, kg			Wysokość roślin Plant height, cm			Wyleganie Lodging, 1 - 9		
				D	T	$\bar{X}$	D	T	$\bar{X}$	D	T	$\bar{X}$	D	T	$\bar{X}$
f. mateczne — maternal parents				A	×	B									
TH 6123	482	×	399	36,1	35,9	36,0	71,90	70,15	71,03	113,9	111,9	112,9	1,5	1,1	1,3
TS 8760	399	×	4475	35,3	37,3	36,3	72,30	70,95	71,63	118,9	115,6	117,3	1,5	1,1	1,3
TO2 8727	482	×	2130	37,5	38,8	38,2	72,30	71,20	71,75	113,5	111,5	112,5	1,2	1,1	1,2
TO2 8657	4475	×	2130	37,0	39,5	38,3	71,40	71,10	71,25	114,6	114,7	114,7	1,1	1,1	1,1
TO2 8722	167	×	2130	37,9	39,6	38,8	72,85	71,10	71,98	117,2	111,9	114,6	1,5	1,1	1,3
TO1 8619	130	×	493	37,3	39,3	38,3	72,15	70,60	71,38	115,5	112,2	113,9	1,1	1,1	1,1
TO-2 8655	5491	×	2130	33,2	35,0	34,1	71,50	70,60	71,05	109,7	104,0	106,9	1,1	1,1	1,1
TO-2 8727	130	×	2130	34,3	37,5	35,9	70,10	69,20	69,65	108,4	106,2	107,3	1,2	1,1	1,2
T2 8807	130	×	5491	35,6	38,1	36,9	71,55	69,80	70,68	117,6	110,6	114,1	1,1	1,1	1,1
T2 8810	463	×	5491	33,1	36,8	35,0	70,45	69,30	69,88	113,5	110,4	112,0	1,1	1,1	1,1
Średnia Mean				35,7	37,8	36,8	71,65	70,40	71,03	114,3	110,9	112,6	1,2	1,1	1,2
Formy ojcowskie Paternal parents				C	×	D									
SMH-XH-1	L304N × L25484/97					34,6			72,70			121,1			2,5
SMH-117 Population						37,2			70,35			115,5			1,2
Średnia Mean						35,9			71,53			118,3			1,9
Wzorce Standards															
Warko						37,3			71,75			123,2			1,0
Esprit						38,2			72,60			115,1			2,7
Dańkowskie Złote						37,6			72,65			125,8			1,1
Średnia Mean						37,7			72,33			121,4			1,6
NIR _{0,05}						2,0			1,25			5,9			0,11
LSD _{0,05}															

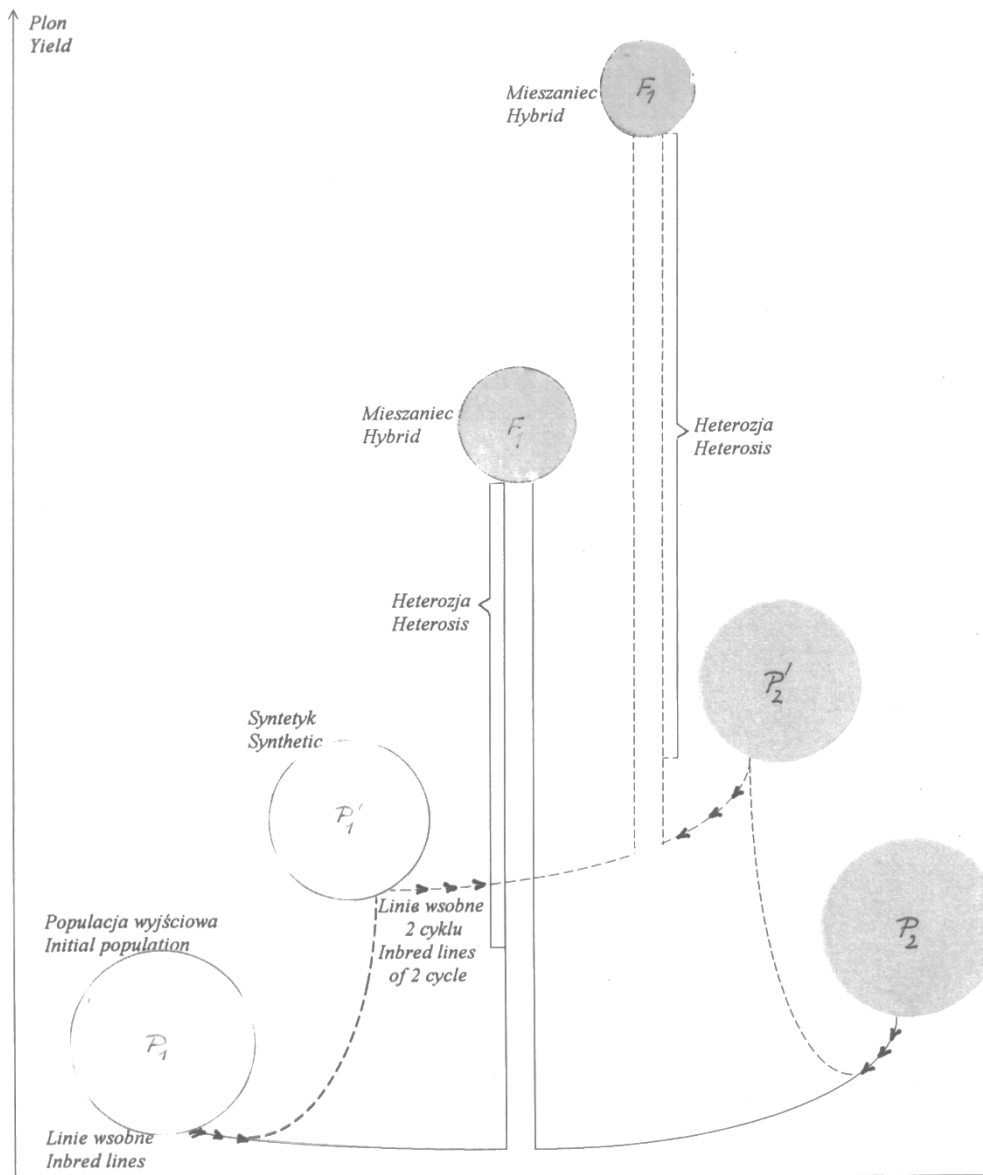
D — Mieszańce podwójne, T — Mieszańce potrójne, Oceny wykonano w skali 9o (1 — najlepszy)

D — Double cross hybrids, T — Three way cross hybrids, Scored in the scale of 9o (1 — the best)

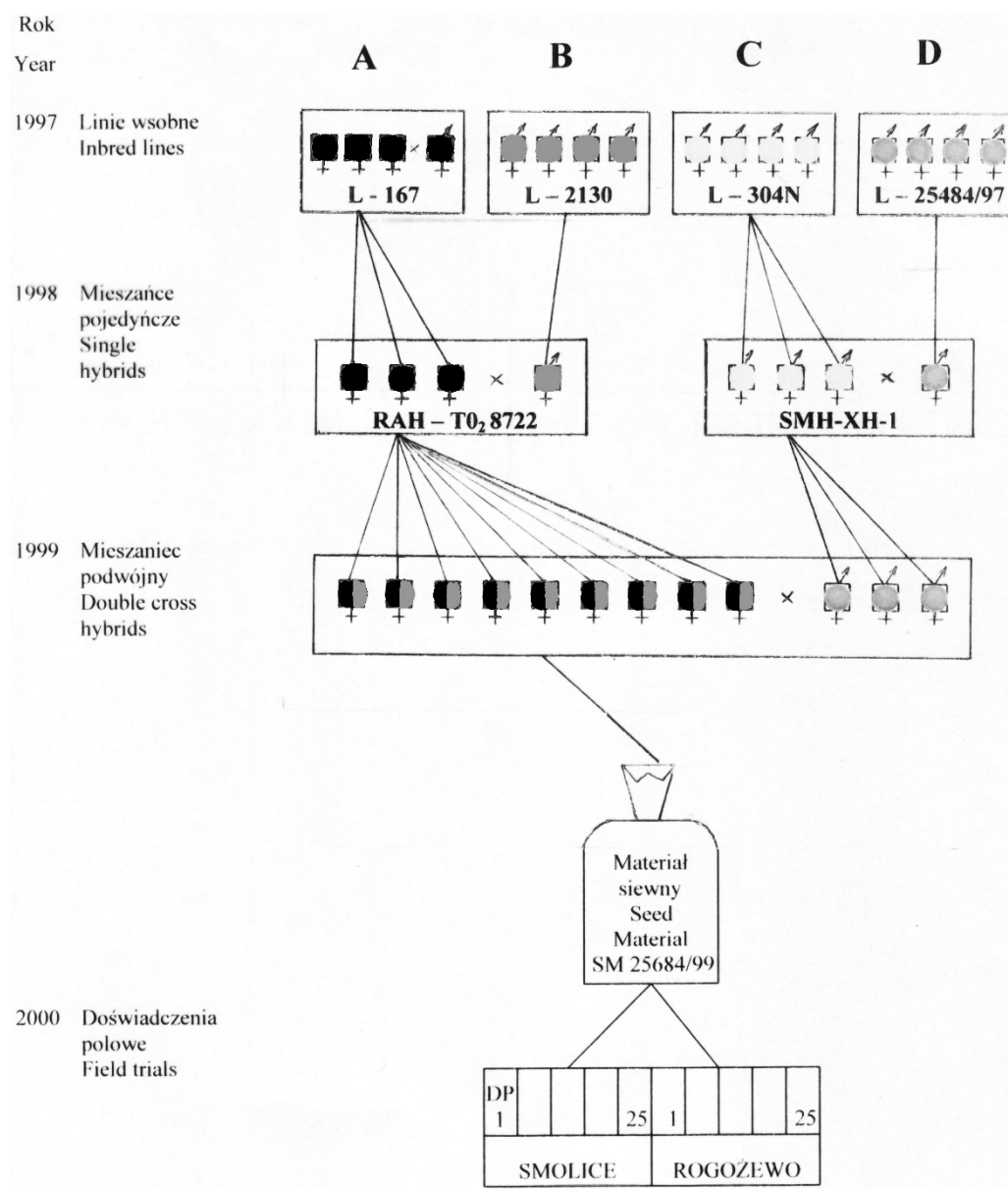
Obie grupy mieszańców praktycznie nie różniły się masą 1000 ziarniaków, masą hektolitra, wysokością roślin i odpornością na wyleganie (tab. 6). Wszystkie badane mieszańce były zdecydowanie odporniejsze na wyleganie od odmiany Esprit, a wszystkie mieszańce podwójne pod względem tej cechy nie ustępowały Dańkowskiemu Złotemu.



Rys. 4. Hodowla ksenicznych mieszańców żyta metodą okresowej selekcji form matecznych
Fig. 4. Breeding of xenic hybrids of rye with recurrent selection of maternal forms



Rys. 5. Hodowla ksenicznych mieszańców żyta metodą obustronnej selekcji cyklicznej
Fig. 5. Breeding of xenic hybrids of rye with reciprocal recurrent selection



Rys. 6. Przebieg prac nad tworzeniem podwójnych mieszańców żyta
Fig. 6. The course of production of double cross hybrids of rye

DYSKUSJA

U żyta, tak jak i u innych roślin obcopolnych odmiany mieszańcowe są zwykle plenniejsze od odmian populacyjnych. Obok plenności wyróżniają się także dobrym

przystosowaniem do zagęszczonej obsady i wysokiego poziomu nawożenia. (Grochowski, 1993; Wilde, 1996; Mahań, 1997). Obecnie hodowla większości odmian mieszańcowych żyta oparta jest na wykorzystaniu tylko jednego źródła sterylizującej pyłek cytoplazmy PAMPA (*cms P*). Genotypy reagujące na jej obecność jałowością pyłku (dopełniacze) są pospolite w hodowlanych populacjach żyta, natomiast genotypy zachowujące pełną płodność pyłku mimo obecności cytoplazmy P (restorery) są bardzo rzadkie. W dodatku stopień przywracania męskiej płodności może być tylko częściowy, a ponadto silnie modyfikowany przez czynniki środowiska i genotyp form rodzicielskich (Geiger i Miedaner, 1996). Efekt jest taki, że odmiany mieszańcowe produkują wyraźnie mniej pyłku od genotypu z normalną cytoplazmą i są silniej porażane sporyszem od odmian populacyjnych. Ze względu na to, że odmiany mieszańcowe dają wyższe plony obszar ich uprawy ciągle rośnie. Coraz większy areał żyta staje się jednorodny plazmotypowo. Stwarza to niebezpieczeństwo nieurodzaju i strat gospodarczych, podobnie jak to miało miejsce z cytoplazmą Texas u kukurydzy. Rozwiązaniem likwidującym zagrożenia wynikające z plazmotypowej jednorodności i słabszego pylenia odmian mieszańcowych byłoby zastosowanie w hodowli kilku sterylizujących cytoplazm równocześnie. Technicznie byłoby to możliwe, ale wymagałoby ogromnych nakładów i postawiłoby pod znakiem zapytania celowość prowadzenia hodowli mieszańców.

Jednorodność plazmotypowa obecnie uprawianych odmian mieszańcowych żyta, silne porażenie zasiewów sporyszem, pracochłonność procedur hodowlanych i produkcji materiałów siewnych oraz związane z tym wysokie koszty legły u podstaw wykorzystania w hodowli mieszańców żyta mechanizmu ksenii. Próby wykorzystania ksenii do wytwarzania mieszańców żyta podejmowano kilkakrotnie (Vettel, Plarre, 1955; Plarre, Vettel, 1961; Velikovský, Mahań, 1975, 1976). Nie przyniosły one jednak oczekiwanych wyników. Prawdopodobnie główną przyczyną był brak odpowiednich materiałów wyjściowych. Użyte do krzyżowań populacje i odmiany zostały dobrane dość przypadkowo, nie odznaczały się wysokim potencjałem plonowania, były wysokie, mało odporne na choroby i wyleganie. Aby poprawić te cechy należało wytworzyć i wykorzystać do tworzenia mieszańców formy o skróconym źdźble, mniejszej wrażliwości na choroby i większej sztywności. Dopiero wyprowadzone z nich, genetycznie zróżnicowane linie wsobne mogły być właściwymi materiałami wyjściowymi do tworzenia mieszańców. Z przeprowadzonych obserwacji i badań wynika, że stopień przekrzyżowania w pierwszym rzędzie zależy od genetycznego zawężenia materiałów wyjściowych. Natomiast wielkość ksenii ilościowej masy 1000 ziarniaków jest uwarunkowana specyficzną zdolnością kombinacyjną (SCA) form rodzicielskich. Dużą rolę odgrywa też synchronizacja czasu kwitnienia obu komponentów rodzicielskich. Obserwowano także zróżnicowanie pod tym względem zarówno linii matecznych jak i testerów. Zakres zmienności procentów zawiązanych ziarniaków mieszańcowych, pozwala sądzić, że istnieją realne szanse na zadawalające rozwiązanie problemu produkcji materiału siewnego mieszańców. Wśród ocenianych w doświadczeniach ksenicznych mieszańców przejawiała się tendencja do wyższego plonowania od Dańkowskiego Złotego. Mieszaniec 70620 × Krótką I plonował istotnie lepiej od wzorca i swojej formy ojcowskiej. Biorąc pod uwagę

niewielką liczbę badanych mieszańców, które powstały z przekrzyżowania trzech linii matecznych dwoma testerami pełność w/w mieszańca można uznać za sukces.

Do wytworzenia opisywanych w tej pracy ksenicznych mieszańców zastosowano metodę okresowej selekcji form matecznych (rys. 4). Z populacji matecznej P_1 o żółtym ziarnie SMH 49-1 wyprowadzono linie wsobne, które następnie krzyżowano w szkółkach topcross z populacjami ojcowskimi P_2 o zielonym ziarnie. Otrzymane mieszańce porównywano z formami ojcowskimi i wzorcem Dańkowskim Żółtym w doświadczeniach polowych. Następnym etapem prac powinno być utworzenie populacji syntetycznej składającej się z najlepszych linii żółtoziarnistych i wyprowadzenie z niej linii wsobnych drugiego cyklu. Można spodziewać się, że wytworzone z ich udziałem mieszańce będzie charakteryzował wyższy efekt heterozji. Równocześnie jednak wzrośnie niebezpieczeństwo zawężenia materiałów hodowlanych. Dalsze zwiększenie efektu heterozji będzie jednak możliwe z chwilą zastosowania obustronnej selekcji cyklicznej (rys. 5). Umożliwi to tworzenie pojedynczych mieszańców międzyliniowych, mieszańce tego typu u kukurydzy i innych roślin wyróżniają się największym efektem heterozji. W USA dzięki upowszechnieniu uprawy pojedynczych mieszańców na dużych arealach plony kukurydzy w latach 1960–1990 zostały podwojone (z 65 do 120 buszli/akr), (Troyer, 1995).

Opracowanie metody wytwarzania mieszańców ksenicznych w połączeniu z dotychczas stosowaną metodą hodowli mieszańców potrójnych opartą na wykorzystaniu *cms* umożliwiło tworzenie podwójnych mieszańców żyta. Pierwsze tego typu mieszańce zostały wytworzone w Smolicach w 1999 roku.

Na podstawie wyników dotychczas przeprowadzonych badań wydaje się, że tworzenie mieszańców podwójnych może mieć znaczenie praktyczne (Grochowski, 2001). Już dawno stwierdzono, że optymalnym typem odmiany mieszańcowej żyta jest międzyliniowy podwójny mieszaniec (Becker i in., 1982). Kłopot polegał tylko na tym, że nie potrafiono takiego mieszańca wytworzyć na skalę produkcyjną. Problem ten może być rozwiązany przy równoczesnym wykorzystaniu mechanizmów *cms* i ksenii. (rys. 6). Na szczególne podkreślenie zasługuje fakt, że jeżeli nasiona pojedynczych mieszańców są używane wyłącznie do tworzenia podwójnego mieszańca, to są potrzebne stosunkowo w niewielkich ilościach, a koszt ich wytwarzania ma znaczenie drugorzędne. W trakcie prowadzonych prac zaobserwowano, że rośliny pojedynczego ksenicznego mieszańca SMH-XH-1 podczas wegetacji wyróżniały się dobrym przezimowaniem i w mniejszym stopniu były porażone rdzą brunatną od odmian wzorcowych. Wytwarzały też dużo pyłku o doskonałej jakości. Ta ostatnia cecha pozwala na stosowanie większej liczby rzędów matecznych w stosunku do rzędów ojcowskich na plantacjach nasiennych. Prowadzi to do zmniejszenia ryzyka towarzyszącego zwykle produkcji materiału siewnego. Nie wystąpiło też większe zróżnicowanie roślin mieszańców podwójnych w porównaniu z mieszańcami potrójnymi, co często ma miejsce u kukurydzy. U żyta mieszańce podwójne były bardziej wyrównane od potrójnych.

WNIOSKI

1. Eksperymentalny program wytwarzania ksenicznych mieszańców żyta został w całości zrealizowany. Potwierdzono występowanie u żyta podwójnej ksenii: jakościowej (barwa ziarna) i ilościowej (masa 1000 ziaren).
2. Określono zmienność stopnia przekrzyżowania wytworzonych rodów i linii matecznych o żółtym ziarnie w różnych warunkach środowiska (mieszanina pyłku na Gł. Polu Dośw. i w szkołkach topcross). Procent przekrzyżowania zależał od genetycznego zawężenia form matecznych i wynosił 21,1–37,3 dla rodów, a 45,3–98,1 dla linii w zależności od testera.
3. Badania wykazały, że możliwe jest znalezienie żółtoziarnistych form matecznych o wysokiej zdolności kombinacyjnej i dużym efekcie ksenii masy 1000 ziaren przydatnych do hodowli odmian mieszańcowych.
4. Najplenniejszy kseniczny mieszaniec: 70620 × Krótka I plonował istotnie lepiej od Dańkowskiego Złotego i formy ojcowskiej dzięki wysokiej swoistej wartości kombinacyjnej komponentów rodzicielskich.
5. Przeprowadzone badania umożliwiły ocenę wartości kombinacyjnej form rodzicielskich wytworzonych ksenicznych mieszańców.
 - Ocena linii matecznych:
 - Linia 70545 — przekazywała na potomstwo skrócenie źdźbła i wczesność kłoszenia, ale jednocześnie obniżała masę ziarna z kłosa i masę hektolitra.
 - Linia 70617 — skracała źdźbło, poprawiała masę ziarna z kłosa, masę hektolitra i zawartość lizyny w ziarnie.
 - Linia 70620 — poprawiała masę hektolitra, ale obniżała masę ziarna z kłosa i masę 1000 ziaren.
 - Ocena form ojcowskich (testerów)
 - Madar — wydłużał źdźbło potomstwa, poprawiał masę 1000 ziaren, masę hektolitra i zawartość lizyny w ziarnie.
 - Krótka I — obniżała wysokość roślin. Z linią 70620 dała najplenniejszego mieszańca. Istotnie obniżała masę 1000 ziaren, masę hektolitra i zawartość lizyny w ziarnie.
6. Wyniki przedstawionych badań upoważniają do stwierdzenia, że tworzenie podwójnych mieszańców żyta wg formuły:
 - $(A \times B) \text{ CMS} \times (C \times D) \text{ XH}$ może być nowym kierunkiem hodowli i mieć praktyczne znaczenie dla rolnictwa.
7. Najlepszy z mieszańców podwójnych plonował wyraźnie lepiej od czołowej niemieckiej odmiany Esprit. Plon mieszańców podwójnych był istotnie wyższy niż trójdrożnych. Porównując pozostałe analizowane cechy rolnicze obu grup mieszańców, nie stwierdzono istotnych różnic.

LITERATURA

- Becker H. C., Geiger H. H., Morgenstern K. 1982. Performance and phenotypic stability of different hybrid types in winter rye. *Crop Sci.* 22: 340 — 344.
- Focke. W. D. 1881. Die Pflanzen mischlinge ein Beitrag zur Biologie der Gewachsen Bornträger. Cyt. za: Rieger R., Michaelis A., Green M. M. 1974. Słownik terminów genetycznych. PWR i L, Warszawa.
- Geiger H. H., Schnell F. W. 1975. Experimental basis for breeding hybrid varieties in rye. *Hod. Rośl. Aklim.* 19, 5/6: 381 — 385.
- Geiger H. H., Morgenstern K. 1979. Stand der Hybridzüchtung bei Roggen. *Getreide, Mehl und Brot* 33: 225 — 231.
- Geiger H. H. 1982. Breeding methods in diploid rye (*Secale cereale* L.). Tag-Ber. Akad. Landwirtsch.-Wiss. DDR, Berlin 198; 305 — 332.
- Geiger H. H. 1985. Hybrid breeding in rye. Proc. EUCARPIA Meet. Cereal Sect. on Rye, Svalöv, Sweden: 237 — 266.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male fertility restoration in rye. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 35; 27 — 38.
- Grochowski L. 1990. Projekt wykorzystania ksenii w hodowli mieszańców żyta. *Zesz. Probl. IHAR, Hodowla Zboż.* 165 — 172.
- Grochowski L. 1992. Ksenia u żyta i jej wykorzystanie w hodowli mieszańców. *Mat. XI Zjazdu PTG „Genetyka 2000”.* Kraków 10 — 11 wrzesień 1992: 102.
- Grochowski L. 1993. Zmienność i współzależność kilku cech ilościowych w kolekcji roboczej żyta. *Zesz. Nauk. AR Wrocław*, 223: 141 — 147.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1995. Using xenia in the breeding of rye hybrids. *Acta. Soc. Bot. Poloniae* 64, 2: 175 — 179.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1996. Characterization of xenic rye hybrids. *Vortr. Pflanzenzüchtg* 35: 66 — 67.
- Grochowski L. 1998. Kseniczne mieszańce żyta. *Zesz. Nauk. AR Wrocław*. 337: 1 — 82.
- Grochowski L. 2001. Some properties of double cross hybrids of rye. Proc. EUCARPIA Rye Meet., Radzików, Poland: 77 — 79.
- Jain S. K. 1960. Cytogenetics of rye (*Secale* spp). *Bibliographia Genetica*. Del XIX, No 1: 1 — 86.
- Kolasińska I. 1989. Stan obecny oraz perspektywy hodowli mieszańców żyta w IHAR Radzików. *Prace Zespołu Hodowli Żyta 1988. IHAR Radzików*, 1989: 49 — 53.
- Kolasińska I. 1992. Wybór populacji wyjściowych do hodowli żyta. *Hod. Rośl. Aklim.* 36, 1/2; 23 — 35.
- Kolasińska I. 2001. Male fertility restoration of rye crosses in the Pampa cytoplasm Proc. EUCARPIA Rye Meet., Radzików, Poland 87 — 90.
- Łapiński M. 1975 a. Heterozja i zdolność kombinacyjna u żyta. *Prace Zesp. Bad. Hod. Żyta w 1974, IHAR Radzików* 1975: 113 — 120.
- Łapiński M. 1975 b. Cytoplasmic male sterility in interspecific rye hybrids. *Hod. Rośl. Aklim.* 19 5/6: 415 — 420.
- Machaň F. 1997. Hybridní odrůdy žita. (ed.) Institut vchovy a vzdělávání M. Ze. ČR v Praze.
- Madej L. 1975. Research on male sterility in rye. *Hod. Rośl. Aklim.* 19, 5/6: 421 — 422.
- Madej L. 1984. Rozwój prac nad hodowlą mieszańców żyta w Polsce. *Post. Nauk. Rol.* nr. 2: 33 — 41.
- Madej L. J. 1996. Worldwide trends in rye growing and breeding. *Vortr. Pflanzenzüchtg* 35: 1 — 6.
- Madej L., Kolasińska I., Jagodziński J. 2001. Breeding of rye hybrids at IHAR. Proc. EUCARPIA Rye Meet., Radzików, Poland: 51.
- Miedaner T., Geiger H. H. 1993. Züchtgartenführer Hybridroggen, Universität Hohenheim, Landessaat-züchtanstalt: 1 — 12.
- Nicolaisen W. 1932. Über quantitative Xenien bei Roggen und Erbsen, *Zeitschr. Pflanzenzüchtg* 17: 265 — 276.
- Plarre W., Vettel F. 1961. Testmethoden und Heterosiseffekte bei diploiden Winterroggen (*Secale cereale* L.). *Z. Pflanzenzücht.* 46: 126 — 154.

- Ruebenbauer T., Pająk K. 1984. Genetyczne podstawy hodowli mieszańcowych odmian żyta (*Secale cereale* L.). Hod. Rośl. Aklim. 28: 288 — 300.
- Troyer A. F., 1995. Early Illinii corn breeders: their quest for quality and quantity. Proc. Ann. Corn. Ind. Res. Conf. 50: 56 — 67.
- Velikovský V., Machaň F. 1975. A study of combining ability and heterosis in winter rye. Hod. Rośl. Aklim. 19, 5/6: 403 — 406.
- Velikovský V., Machaň F. 1976. Obecna a specyfická kombinační schopnost a heterozní efekt u dialelního křížení odrud žita. Sbor. UVTIZ — Genet. Šlecht. 12: 63 — 70.
- Vettel F., Plarre W. 1955. Mehrjährige Heterosisversuche mit Winterroggen. Z. Pflanzzücht. 34: 233 — 247.
- Wilde P. 1996. Stage and prospect of hybrid rye breeding. Lochow-Petkus GmbH, Bergen.
- Węgrzyn S., Madej L. 1990. General and specific combining ability for some characters of diploid rye. Rye breeding (Proc. of EUCARPIA Symp.) Leningrad, S.U.:188 — 192.

PAWEŁ DOPIERAŁA¹**HENRYK BUJAK**²**JAN KARZMAREK**²**ANNA DOPIERAŁA**¹¹ Lochow-Petkus Polska Sp. z o. o.² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena wartości hodowlanej linii i mieszańców żyta ozimego

Estimation of a breeding value of lines and hybrids of winter rye

W dwóch seriach doświadczeń badano 56 mieszańców żyta uzyskanych ze skrzyżowania 11 cytoplazmatycznie męskosterylnych linii (CMS) i 3 mieszańców pojedynczych (SC-CMS) z 4 formami ojcowskimi (testery: Lo 201-R, Lo 202-R, Lo 203-R i Lo 204-R). Pierwszą serię doświadczeń założono w ośmiu miejscowościach z 28 mieszańcami uzyskanymi z krzyżowań z testerami Lo 201-R i Lo 202-R. Drugą serię doświadczeń założono w pięciu miejscowościach z mieszańcami uzyskanymi z krzyżowań z testerami Lo 203-R i Lo 204-R. W celu stwierdzenia istotności różnic między środowiskami, genotypami i interakcji środowisk z miejscowościami przeprowadzono analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych, a następnie oszacowano efekty ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) form matecznych i ojcowskich, swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) mieszańców oraz ich interakcje ze środowiskami. W obydwu seriach doświadczeń stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych mieszańców i efektów środowisk oraz istotną interakcję GCA form matecznych i testerów ze środowiskami. Oceniając ogólną zdolność kombinacyjną form matecznych wyróżniono dwie matki o charakterze mieszańcowym (SC-CMS) Lo 106-P × Lo 104-N i Lo 102-P × Lo 103-N oraz linię Lo 110-P, które użyte w programach hodowlanych mogą zwiększać plon ziarna potostwa. Na uwagę zasługują również mieszańce pojedynczy Lo 103-P × Lo 104-N i linia Lo 104-P, które w pierwszej serii uzyskały nieistotne, a w drugiej istotne dodatnie wartości oszacowań efektów GCA. Spośród badanych testerów dodatnie wartości efektów GCA uzyskały testery Lo 202-R i Lo 204-R. Linie Lo 102-P, Lo 103-P, Lo 104-P i Lo 106-P nie wykazują istotnych dodatnich efektów GCA, a niektóre nawet mają wartości ujemne, natomiast ich mieszańce (SC-CMS) uzyskały istotne dodatnie wartości efektów GCA.

Słowa kluczowe: doświadczenia czynnikowe, linie, mieszańce, wartość hodowlana, zdolność kombinacyjna, żyto

Fifty-six rye hybrids obtained by crossing 11 cytoplasmic male sterile lines (CMS) and 3 single crosses with 4 male paternal forms (testers: Lo 201-R, Lo 202-R, Lo 203-R and 204-R) were evaluated in two series of experiments. In the first series the testers were Lo 201-R and Lo 202-R, and the experiments with 28 hybrids were conducted at 8 locations. The second series included 28 hybrids obtained with testers Lo 203-R and 204-R and was carried out at 5 locations. Analyses of variance were performed and the effects of general and specific combining ability (GCA, SCA) were estimated. Two

female parents (SC-CMS) Lo-106-P $\times$ Lo 104-N and Lo 102-P $\times$ Lo 105-N and line Lo 110-P were the best combiners of grain yield. Also promising were single hybrid Lo103-P $\times$ Lo 104-N and line Lo 104-P, which in the second series of experiments gave significant GCA effects. Among the testers, Lo 202-R and Lo 204-R exhibited positive GCA estimates. Lines Lo-102-P, Lo 104-P, Lo 105-P and Lo 106-P did not show significant positive GCA effects, whereas their hybrids (SC-CMS) had significant estimates of GCA effects.

Key words: breeding value, combining ability, factorial experiments, hybrids, lines, rye

WSTĘP

Żyto jest zbożem popularnym w uprawie, szczególnie na glebach lżejszych mniej zasobnych i zakwaszonych. Odmiany mieszańcowe są bardziej wymagające, stąd rosnąca rola hodowli heterozyznej wzmacnia potrzebę badania eksperymentalnych mieszańców w licznych środowiskach glebowo-klimatycznych.

Jednym z najważniejszych zadań w hodowli heterozyznej żyta jest realizacja odpowiedniego programu wyprowadzania linii wsobnych, a następnie skutecznego ich testowania pod względem wartości kombinacyjnych (Bujak in., 1995; Grochowski i in., 1994; Węgrzyn i Madej, 1989; Węgrzyn i Śmiałowski, 1993; Wilde i in., 2001). Najczęściej do oceny zdolności kombinacyjnych form rodzicielskich wykorzystuje się potomstwo pochodzące z czynnikaowego układu krzyżowań, co jest najbardziej uzasadnione z ekonomicznego punktu widzenia (Kaczmarek i in., 1992; Miedaner i Geiger, 1993; Grochowski i in., 1996). Linie wsobne obok wysokiej ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej powinny przekazywać swojemu potomstwu rolniczą stabilność plonowania. Ocena linii pod kątem tych właściwości daje możliwość lepszej hodowlanej charakterystyki linii wsobnych uczestniczących w programach hodowlanych (Geiger i in., 1995; Wilde, 1996; Thomerius i Geiger, 2001).

Niniejsze badania prowadzono z mieszańcami w dwóch seriach doświadczeń. W pierwszej serii uczestniczyło 28 mieszańców w ośmiu miejscowościach, a w drugiej w pięciu miejscowościach. Celem tych badań było oszacowanie wartości kombinacyjnych linii cytoplazmatycznie męskosterylnych (CMS) i mieszańców pojedynczych (SC-CMS) dla plonu ziarna żyta ozimego oraz wykonanie analizy interakcji zdolności kombinacyjnych ze środowiskiem.

MATERIAŁ I METODY

W roku 2002 założono dwie serie doświadczeń polowych z mieszańcami żyta ozimego. Materiał badawczy stanowiło 56 mieszańców żyta uzyskanych ze skrzyżowania 11 cytoplazmatycznie męskosterylnych linii (CMS) i 3 mieszańców pojedynczych (SC-CMS) z 4 formami ojcowskimi (testery: Lo 201-R, Lo 202-R, Lo 203-R i Lo 204-R). Pierwszą serię doświadczeń założono w ośmiu środowiskach (lokacjach) z 28 mieszańcami uzyskanymi z krzyżowań wszystkich form matecznych z testerami Lo 201-R i Lo 202-R. Drugą serię doświadczeń założono w kolejnych pięciu innych środowiskach z 28 mieszańcami uzyskanymi z krzyżowań form matecznych z testerami Lo 203-R i Lo 204-R. Celem większej liczby lokacji było oszacowanie wielkości interakcji

genotypów ze środowiskiem, natomiast ignorowano problem dopasowania mieszańców do określonego środowiska. Doświadczenia w obu seriach założono w dwóch powtórzeniach na poletkach o wielkości 6 m² w układzie losowanych bloków. Środowisko oznacza doświadczenie założone w jednym roku w danej miejscowości. Obserwowano plon ziarna na poletku.

W celu stwierdzenia istotności różnic efektów środowisk, genotypów i interakcji środowisk z miejscowościami przeprowadzono analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych. Po odrzuceniu hipotezy o zerowych efektach genotypów i ich interakcji ze środowiskami przeprowadzono analizę wartości kombinacyjnych. Oszacowano efekty ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) form macecznych i ojcowskich, swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) mieszańców oraz ich interakcje ze środowiskami. Poszczególne składniki w analizie wariancji testowano testem F w stosunku do średniego kwadratu błędu, co wynika z przyjęcia modelu stałego analizy wariancji, w którym środowiska potraktowano jako czynnik stały. Do wykazania istotności poszczególnych efektów ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej wykorzystano test Studenta.

WYNIKI

W tabeli 1 przedstawiono średnie wartości plonu ziarna mieszańców uzyskanych z przekrzyżowania cytoplazmatycznych linii oraz mieszańców pojedynczych z czterema testerami.

Tabela 1

Średnie plony ziarna mieszańców uzyskanych w dwóch seriach doświadczeń (dt/ha)
Mean yields of hybrids in two series of experiments (dt/ha)

Formy maceczne Mother forms	Testery Testers	Seria 1 — Series 1			Seria 2 — Series 2		
		Lo201-R	Lo202-R	$\bar{X}$	Lo203-R	Lo204-R	$\bar{X}$
Lo 101-P		61,90	68,40	65,15	72,22	83,60	77,91
Lo 102-P		61,54	72,68	67,11	73,26	82,64	77,95
Lo 103-P		61,46	66,91	64,19	72,83	83,44	78,14
Lo 104-P		65,59	68,21	66,90	77,02	82,84	79,93
Lo 105-P		58,61	63,50	61,06	72,82	79,48	76,15
Lo 106-P		61,60	60,72	61,16	73,92	75,70	74,81
Lo 107-P		63,10	69,46	66,28	73,62	79,20	76,41
Lo 108-P		62,70	67,03	64,86	74,32	76,94	75,63
Lo 109-P		67,15	68,09	67,62	74,60	82,66	78,63
Lo 110-P		69,15	74,38	71,77	76,28	87,24	81,76
Lo 111-P		61,58	67,14	64,36	68,82	77,06	72,94
Lo 103-P × Lo 104-N		62,35	68,04	65,19	75,82	88,00	81,91
Lo 106-P × Lo 104-N		63,34	70,94	67,14	76,50	83,08	79,79
Lo 102-P × Lo 103-N		64,49	70,97	67,73	75,96	85,26	80,61
Średnia dla półrodzeństwa pochodzącego od testerów Mean for half-sibs derived from testers		63,18	68,32	65,75	74,14	81,94	78,04

$\bar{X}$ — Średnia dla półrodzeństwa pochodzącego od form macecznych; Mean for half-sibs derived from maternal forms

Analizując dane zawarte w tej tabeli można zauważyć, iż w drugiej serii doświadczeń uzyskano wyższe wartości plonów dla mieszańców niż w serii pierwszej, co może wynikać z lepszych warunków klimatyczno-glebowych miejscowości, w których lokalizowane były doświadczenia.

Analiza wariancji wykonana dla obu serii doświadczeń wykazała istotne zróżnicowanie plonowania badanych mieszańców w każdej serii doświadczeń (tab. 2). Istotny wpływ na plonowanie uzyskanych mieszańców wykazywały również środowiska. Wykazano także interakcję mieszańców ze środowiskiem w każdej serii doświadczeń.

Analizę wariancji dla zdolności kombinacyjnych oraz ich interakcji ze środowiskiem przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 2

Analiza wariancji dla plonu mieszańców żyta ozimego (dt/ha)
Analysis of variance for grain yield of winter rye hybrids (dt/ha)

Zmienność Variability	Seria 1 — Series 1		Seria 2 — Series 2	
	liczba stopni swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square	liczba stopni swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square
Środowiska Environments	7	3908,95**	4	4829,88**
Bloki w środowiskach Replications in environments	8	25,05	5	79,78
Mieszańce Hybrids	27	237,03**	27	251,81**
Mieszańce × środowiska Hybrids × environments	189	24,57**	108	41,29**
Błąd — Error	216	14,16	135	15,45

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Analiza wariancji dla zdolności kombinacyjnych plonowania form żyta ozimego badanych w seriach doświadczeń

Analysis of variance for combining ability of winter rye forms for grain yield in two series of experiments

Zmienność Variability	Seria 1 — Series 1		Seria 2 — Series 2	
	liczba stopni swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square	liczba stopni swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square
GCA matek GCA females	13	169,36**	13	172,20**
GCA ojców GCA males	1	3458,00**	1	3975,13**
SCA	13	56,94**	13	45,02**
GCA matek × środowiska GCA females × environments	91	35,42**	52	41,40**
GCA ojców × środowiska GCA males × environments	7	43,27**	4	242,34**
SCA × środowiska SCA × environments	91	12,29	52	25,71**
Błąd — Error	216	14,16	135	15,45

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

W obydwu seriach doświadczeń stwierdzono istotne zróżnicowanie efektów ogólnej wartości kombinacyjnej form matecznych i ojcowskich, jak również swoistej wartości kombinacyjnej mieszańców. Stwierdzono także istotną interakcję efektów ogólnej wartości kombinacyjnej matek i testerów ze środowiskiem. W drugiej serii doświadczeń interakcja swoistej wartości kombinacyjnej ze środowiskiem była istotna, zaś w pierwszej serii była ona nieistotna. Efekty SCA w pierwszej serii doświadczeń były stabilne tzn. w różnych warunkach środowiska były podobne. Z racji na istotne efekty ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej można stwierdzić, iż w uwarunkowaniu plonu mieszańców żyta istotną rolę odegrały zarówno addytywne, jak i nieaddytywne efekty genów.

Oszacowane efekty ogólnej wartości kombinacyjnej form matecznych z obu serii doświadczeń przedstawiono w tabeli 4.

Tabela 4

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) dla plonu ziarna form matecznych i testerów żyta ozimego
Effects of general combining ability (GCA) of maternal forms and testers for grain yield

Wyszczególnienie Entries	Seria 1 Series 1	Seria 2 Series 2
Formy mateczne Mother forms		
Lo 101-P	-0,57	-0,25
Lo 102-P	0,57	0,14
Lo 103-P	-1,63*	1,50
Lo 104-P	0,83	1,85*
Lo 105-P	-4,36**	-1,66
Lo 106-P	-2,89**	-3,89**
Lo 107-P	0,20	-1,21
Lo 108-P	-0,53	-2,17*
Lo 109-P	1,18	-1,64
Lo 110-P	5,30**	3,93**
Lo 111-P	-1,27*	-5,85**
Lo 103-P × Lo 104-N	-0,26	3,90**
Lo 106-P × Lo 104-N	1,61*	2,50**
Lo 102-P × Lo 103-N	1,82**	2,84**
Błąd standardowy Standard error	0,64	0,85
Testery Testers		
Lo 201-R	-2,78**	
Lo 202-R	2,78**	
Lo 203-R		-3,77**
Lo 204-R		3,77**
Błąd standardowy Standard error	0,18	0,23

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Linia Lo 110-P oraz mieszańce pojedyncze Lo 106-P × Lo 104-N i Lo 102-P × Lo 103-N użyte w programach hodowlanych mogą spowodować wzrost plonu u swoich mieszańców, o czym świadczą dodatnie wartości efektów ogólnej wartości kombinacyjnej uzyskane w obydwu seriach doświadczeń. Na uwagę zasługują również mieszańce

pojedynczy Lo 103-P $\times$ Lo 104-N i linia Lo 104-P, które w pierwszej serii uzyskały nieistotne, a w drugiej istotne dodanie wartości oszacowań efektów GCA. Linie Lo 102-P, Lo 103-P, Lo 104-P i Lo 106-P nie wykazują istotnych dodatnich efektów GCA, a niektóre nawet mają wartości ujemne, natomiast ich mieszańce (SC-CMS) uzyskały istotne dodatnie wartości efektów GCA, co świadczy o wysokiej swoistej wartości kombinacyjnej i heterozji ujawnionej u tych mieszańców. Potwierdza to trafny dobór komponentów w tych mieszańcach. Spośród badanych testerów dodatnie wartości oszacowań efektów GCA uzyskały testery Lo 202-R i Lo 204-R, co świadczy o ich wysokiej wartości hodowlanej.

Analizując efekty swoistej wartości kombinacyjnej można wybrać mieszańce żyta ozimego o poprawionych wartościach plonu (tab. 5).

Tabela 5

Efekty swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) mieszańców					
Effects of specific combining ability (SCA) of hybrids					
Testery Testers	Lo201-R	Lo202-R	Lo203-R	Lo204-R	
Formy mateczne Mother forms					
Lo 101-P	-0,15	0,15	-1,94*	1,94*	
Lo 102-P	-3,30**	3,30**	-0,90	0,90	
Lo 103-P	0,41	-0,41	-1,08	1,08	
Lo 104-P	1,45*	-1,45*	1,34	-1,34	
Lo 105-P	0,42	-0,42	-0,22	0,22	
Lo 106-P	2,18**	-2,18**	2,03*	-2,03*	
Lo 107-P	-0,32	0,32	0,21	-0,21	
Lo 108-P	0,24	-0,24	2,00*	-2,00*	
Lo 109-P	1,57*	-1,57*	1,69*	-1,69*	
Lo 110-P	0,02	-0,02	-1,79*	1,79*	
Lo 111-P	-0,18	0,18	0,67	-0,67	
Lo 103-P × Lo 104-N	-0,29	0,29	-2,42**	2,42**	
Lo 106-P × Lo 104-N	-1,38*	1,38*	0,97	-0,97	
Lo 102-P × Lo 103-N	-0,68	0,68	-0,56	0,56	
Błąd standardowy Standard error	0,64		0,85		

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0,05$

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0,01$

Na uwagę zasługuje kilka mieszańców pojedynczych o dodatnich efektach swoistej wartości kombinacyjnej. Uzyskano również dwa mieszańce trójliniowe (Lo 103-P $\times$ Lo 104-N) $\times$ Lo 204-R i (Lo 106-P $\times$ Lo 104-N) $\times$ Lo 202-R, dla których stwierdzono dodatnie wartości oszacowań efektów swoistej wartości kombinacyjnej.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych mieszańców oraz środowisk w obydwu seriach doświadczeń.
2. Na podstawie analizy statystyczno-genetycznej wykazano istotną przewagę addytywnych nad nieaddytywnymi formami działania genów warunkujących plon ziarna.

3. W obydwu seriach doświadczeniach wystąpiła istotna interakcja ogólnej wartości kombinacyjnej form matecznych i testerów oraz swoistej wartości kombinacyjnej mieszańców ze środowiskami. Świadczy to o wrażliwości badanych genotypów na zmienne czynniki glebowo-pogodowe.
4. Oceniając formy rodzicielskie pod względem ogólnej zdolności kombinacyjnej, należy wyróżnić mieszańce pojedyncze Lo 106-P × Lo 104-N i Lo 102-P × Lo 103-N oraz linię Lo 110-P, który użyte w programach hodowlanych podnoszą plon ziarna. Na uwagę zasługują również mieszańce pojedynczy Lo 103-P × Lo 104-N i linia Lo 104-P, które w pierwszej serii uzyskały nieistotne, a w drugiej istotne dodatnie wartości oszacowań efektów GCA. Spośród badanych testerów dodatnie wartości efektów GCA uzyskały testery Lo 202-R i Lo 204-R.
5. Pojedyncze linie wsobne Lo 102-P, Lo 103-P, Lo 104-P i Lo 106-P nie wykazywały istotnych dodatnich efektów GCA, natomiast mieszańce pojedyncze (SC-CMS) jako formy mateczne utworzone z tych linii cechowały się istotnymi dodatnimi efektami ogólnej wartości kombinacyjnej. Potwierdza to trafny dobór komponentów w tych mieszańcach.

LITERATURA

- Bujak H., Kaczmarek J., Kadłubiec W. 1995. Ocena zdolności kombinacyjnej materiałów hodowlanych żyta. Biul. IHAR 195/196: 299 — 306.
- Geiger H. H. 1985. Hybrid breeding in rye (*Secale cereale* L.). Proc. Eucarpia Meeting of the Cereal Section of Rye, Part I, Svalöv, Sweden: 237 — 265.
- Geiger H. H., Yuan Y., Miedaner T., Wilde P. 1995. Environmental Sensitivity of Cytoplasmic Genic Male Sterility (CMS) in *Secale cereale* L. In: Kück U., Wricke G. (eds.). Genetic mechanisms for hybrid breeding. Advances in plant breeding 18: 7 — 17.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1994. Analiza zmienności i zdolności kombinacyjnych wybranych linii wsobnych żyta o żółtym ziarnie. Cz. I. Wstępna ocena wartości hodowlanej linii krzyżowanych z formami SMH 108 i Motto. Biul. IHAR 190: 3 — 8.
- Kaczmarek J., Kadłubiec W., Grochowski L. 1992. Analiza wartości informacyjnej testerów w doświadczeniach topcrossowych żyta. Biul. IHAR 181/182: 3 — 12.
- Miedaner T., Geiger H. H. 1993. Zuchtgarten für den Hybridroggen. Universität Hohenheim, Landessatzzüchtanstalt: 1 — 12.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1996. Genetic analysis of variability and combining ability of rye hybrid cultivars. Plant Breeding and Seed Science 40: 37 — 47.
- Thomerius A. M., Geiger H. H. 2001. Influence of quantitative-genetic and economic parameters on the efficiency of CMS-line development in rye. Proc. Eucarpia Rye Meeting, Radzików, Poland: 33 — 42.
- Wilde P. 1996. Multi-stage selection for combining ability among pollen parents lines in hybrid rye breeding. Vort. Pflanzenzüchtg. 35: 15 — 25.
- Wilde P., Menzel J., Schmiedchen B. 2001. Estimation of general and specific combining ability variances and their implications on hybrid rye breeding. Proc. Eucarpia Rye Meeting, Radzików, Poland: 23 — 30.
- Węgrzyn S., Madej L. 1989. Ogólna i swoista wartość kombinacyjna kilku cech żyta diploidalnego. Zesz. Prob. IHAR Prace Zesp. Hod. Żyta (1988): 13 — 22.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T. 1993. Sposoby działania genów u żyta ze szczególnym uwzględnieniem epistazy. Zesz. Nauk. AR Wrocław 223: 91 — 100.

PAWEŁ DOPIERAŁA¹**HENRYK BUJAK**²**JAN KACZMAREK**²**ANNA DOPIERAŁA**¹¹ Lochow-Petkus Polska Sp. z o.o.² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena interakcji genotypowo-środowiskowej plonu populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego

Genotype-environment interaction in the yield of population and hybrid rye cultivars

W ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego w Śląskim Okręgu Badania Odmian badano plonowanie populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego z uwzględnieniem reakcji odmian na różne poziomy agrotechniczne. Materiałem badawczym były odmiany populacyjne: Wibro, Warko, Motto, Bosmo, Kier, Adar, Walet, Hegro, Zduno, Amilo, Dańkowskie Złote i mieszańcowe: Ursus, Nawid, Fernando Esprit, Luco, Klawo żyta ozimego. Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone w latach 2000–2001 w ośmiu miejscowościach (Wrocikowo, Marianowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Głodowo, Wyczechy i Lubliniec) na dwóch poziomach intensywności uprawy standardowym i intensywnym, tzn. z wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, dolistnym dokarmianiem oraz pełną chemiczną ochroną roślin przed chorobami i wyleganiem. Wyniki otrzymane w poszczególnych latach i miejscowościach poddano obliczeniom statystycznym według programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych. Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych odmian żyta ozimego, zróżnicowanie środowisk oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) dla obydwu wariantów uprawy. Odmiany mieszańcowe Ursus, Fernando i Esprit zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie uprawy odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów oraz wykazywały istotną interakcję ze środowiskiem. W standardowych warunkach uprawy na uwagę zasługuje również odmiana mieszańcowa Klawo. Odmiany populacyjne plonują bardziej stabilnie niż mieszańcowe, ale na niższym poziomie.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, odmiany mieszańcowe, odmiany populacyjne, plon ziarna, porejestrowe doświadczenia odmianowe, Śląski Okręg Badania Odmian, program Sergen, stabilność plonowania, żyto ozime

Seventeen cultivars of winter rye from the Silesia recommended list were evaluated in post-registration trials. The trials were conducted at eight localities: Wrocikowo, Marianowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Głodowo, Wyczechy and Lubliniec in the years 2000–2001. The

recently registered population cultivars: Wibro, Warko, Motto, Bosmo, Kier, Adar, Walet, Hegro, Zduno, Amilo and Dańkowskie Złote, and hybrid cultivars: Ursus, Nawid, Fernando, Esprit, Luco and Klawo were grown at two variants of cultivation: standard and intensive. The intensive variant, as compared with the standard one, included a higher level of nitrogen fertilization (by 40 kg/ha), application of anti-lodging chemicals, foliar feeding of plants with microelements and complete control of fungal diseases. Statistical analysis for a series of experiments was done based on the computer program Sergen 3. The three-year investigations have shown significant differentiation of yields and genotype-environment interactions at both variants of cultivation. The hybrid cultivars: Ursus, Fernando and Esprit produced the highest yields at both variants. The hybrid cv. Klawo proved to give satisfactorily high yield under standard cultivation conditions. The population cultivars of rye were found to be more stable in yielding than the hybrid ones, but produced lower yields.

Key words: genotype-environment interaction, hybrid cultivars, population cultivars, postregistration variety trial, Silesia, winter rye, yield stability

WSTĘP

Rynkowe podejście do odmiany, w tym także przemiany organizacyjno własnościowe w hodowli roślin i nasiennictwie oraz wejście do Unii Europejskiej stworzyły pilną potrzebę zmian w doświadczalnictwie odmianowym polegającym na stworzeniu systemu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO). System ten ma chronić polską hodowlę poprzez rekomendację najlepszych zarejestrowanych w Polsce i UE odmian. W tym celu zorganizowano regularną sieć badań odmianowych i odmianowo-czynnikowych, która jest koordynowana przez COBORU. Badania PDO realizowane są bezpośrednio na potrzeby praktyki rolniczej. W niniejszej pracy wyniki pochodzą z punktów doświadczalnych zlokalizowanych w Śląskim Okręgu Badania Odmian.

Wyniki wieloletnich i licznych doświadczeń odmianowych ze zbożami prowadzonych przez COBORU wskazują na występowanie istotnej reakcji na warunki środowiskowe na dużych obszarach kraju. Przyczyną tych reakcji są genetyczne właściwości odmian oraz zmienne układy warunków pogodowych i glebowych (Kaczmarek, 1999; Kaczyński, 1999). Szczególnie w ostatnich latach, kiedy obserwuje się dynamiczny postęp hodowlany u żyta, objawiający się coraz częstszym rejestrowaniem nowych odmian mieszańcowych, poznanie zmienności genotypowo-środowiskowej w skali makroregionalnej nabiera większego znaczenia (Kadłubiec i in., 1998). W Polsce aktualnie w rejestrze znajduje się dwadzieścia odmian żyta ozimego, a wśród nich trzynaście odmian populacyjnych oraz siedem mieszańców, w tym trzy rodzimej hodowli. Odmiany mieszańcowe wyraźnie wyżej plonują i należy się spodziewać w najbliższej przyszłości wzrostu ich znaczenia na rynku nasiennym. Żyto posiada mniejsze wymagania glebowo-klimatyczne od innych zbóż, ale grupa odmian heterozyjnych wykazuje się wyższą wrażliwością na mniej sprzyjające warunki środowiska (Grabiński, 1998). Badanie reakcji odmian w środowiskowej makroskali przy różnych poziomach agrotechnicznej intensywności staje się ważnym elementem z poznawczego jak i utylitarne punktu widzenia. Istnieje wiele sposobów szacowania interakcji genotypowo-środowiskowej, a wśród nich często wykorzystywane są modele opisywane w pracach Eberhart i Russela (1966), Shukli (1972), Mądrego (2003 a, 2003 b).

Celem niniejszych badań było określenie interakcji genotypowo-środowiskowej genotypów z miejscowościami dla plonowania populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego w warunkach standardowej i intensywnej uprawy w doświadczeniach Porejstrowego Doświadczalnictwa Odmianowego.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były przyjęte do programu PDO odmiany populacyjne: Wibro, Warko, Motto, Bosmo, Kier, Adar, Walet, Hegro, Zduno, Amilo, Dańkowskie Złote oraz mieszańcowe: Ursus, Nawid, Fernando Esprit, Luco, Klawo.

Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone metodą pasów prostopadłych w dwóch powtórzeniach w latach 2000–2001 w ośmiu miejscowościach (Lubliniec, Wrocikowo, Marianowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Głodowo, Wyczechy) na dwóch poziomach intensywności (a1 i a2). Poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy gleby, poziom intensywny a2 różnił się od poziomu a1 wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, dolistnym dokarmianiem oraz pełną chemiczną ochroną roślin przed chorobami i wyleganiem. Wielkość poletek do zbioru wynosiła 15 m². Otrzymane wyniki plonu ziarna w poszczególnych latach i miejscowościach opracowano statystycznie za pomocą programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych. Plony badanych odmian analizowano odrębnie dla standardowego i intensywnego poziomu uprawy. Rejon Śląski jest silnie zróżnicowany pod względem glebowo-klimatycznym, dlatego lata i lokacje doświadczeń połączono w jeden czynnik środowiskowy.

WYNIKI BADAŃ

Średnie wartości plonów 17 odmian żyta, w tym 11 populacyjnych i 6 mieszańcowych, z doświadczeń przeprowadzonych w 8 miejscowościach oraz średnie dla odmian i miejscowości z obydwu lat badań w standardowym i intensywnym wariacie uprawy przedstawiono odpowiednio w tabeli 1 i 2. Z zestawień tych widać korzystną reakcję zarówno odmian populacyjnych jak i mieszańcowych na wyższy poziom nawożenia i ochrony roślin. W standardowych warunkach uprawy wyraźnie wyższym plonem charakteryzują się odmiany mieszańcowe Ursus, Fernando i Klawo, chociaż na uwagę zasługuje również fakt, że odmiany populacyjne plonują na poziomie słabszych odmian mieszańcowych lub nieznacznie im ustępują. W przypadku zwiększenia poziomu agrotechniki i intensyfikacji uprawy obserwuje się wyraźny wzrost plonu zarówno odmian populacyjnych jak i mieszańcowych. Wyraźnie na podniesienie poziomu agrotechniki zareagowały odmiany mieszańcowe Esprit, Fernando i Luco i Ursus, których plon przekroczył lub zbliżał się do 80 dt/ha. Porównując plony odmian populacyjnych na obydwu poziomach intensywności uprawy, zauważono bardzo wyraźny przekraczający (16 dt/ha) wzrost plonu tych odmian pod wpływem wyższego nawożenia i ochrony roślin. Można tu wyróżnić odmianę Bosmo, dla której poprawa warunków uprawy może poprawić jej plonowanie nawet o 18 dt/ha.

Tabela 1

Średnie wartości plonów (dt/ha) odmian żyta ozimego w standardowym wariancie uprawy w latach 2000, 2001

Mean yield values (dt/ha) for the analyzed winter rye cultivars at standard cultivation (2000, 2001)

Genotypy Genotypes	Wrociko- wo	Mariano- wo	Sulejów	Tomaszów Bol.	Pokój	Głódowo	Wyczechy	Lubliniec	Średnia Mean
Ursus (H)	76,54	67,72	69,89	71,98	72,15	75,74	65,41	62,27	70,21
Nawid (H)	66,69	57,16	64,25	66,45	54,28	69,04	58,09	52,60	61,07
Wibro (P)	66,17	59,05	66,11	59,63	61,18	64,89	54,96	51,52	60,31
Warko (P)	67,20	56,42	64,57	61,34	62,62	68,12	52,76	51,25	60,53
Fernando (H)	71,55	68,60	68,02	74,58	60,06	78,59	64,08	66,95	69,30
Motto (P)	67,28	61,66	63,85	62,24	59,29	65,79	53,40	59,76	61,59
Bosmo (P)	71,83	55,86	62,29	54,25	54,95	62,29	53,63	59,59	59,18
Kier (P)	70,66	59,92	65,15	60,88	60,78	62,66	57,41	53,01	61,31
Adar (P)	64,23	56,65	63,83	62,13	50,10	63,25	52,41	51,53	58,02
Esprit (H)	68,58	67,66	67,79	56,63	59,14	75,14	58,49	60,80	65,40
Luco (H)	66,78	62,25	65,28	67,74	59,19	68,05	52,23	53,83	61,92
Walet (P)	68,27	57,10	66,37	63,91	53,84	68,28	58,79	51,62	61,10
Hegro (P)	68,76	56,11	63,40	61,58	57,44	63,65	56,53	55,42	60,36
Zduno (P)	67,74	57,20	63,39	60,61	61,13	66,90	50,96	59,39	60,91
Klawo (H)	70,82	62,80	65,23	72,78	77,96	70,75	59,95	58,56	67,39
Amilo (P)	66,15	55,51	59,39	61,12	58,15	63,72	54,30	54,71	59,13
Dańkowskie Złote (P)	63,60	63,60	66,20	61,15	53,92	62,42	57,35	53,11	59,28
Średnia Mean	68,40	59,93	65,00	64,00	59,83	67,60	56,50	56,19	

P — Odmiana populacyjna; Population cultivar

H — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

Tabela 2

Średnie wartości plonów (dt/ha) odmian żyta ozimego w intensywnym wariancie uprawy w latach 2000, 2001

Mean yield values (dt/ha) for the analyzed winter rye cultivars at intensive cultivation (2000, 2001)

Genotypy Genotypes	Wrociko- wo	Mariano- wo	Sulejów	Tomaszów Bol.	Pokój	Głódowo	Wyczechy	Lubliniec	Średnia Mean
Ursus (H)	84,50	78,37	93,51	83,03	75,72	86,90	85,82	73,86	82,71
Nawid (H)	77,69	71,85	88,94	78,14	77,21	79,29	73,56	66,29	76,62
Wibro (P)	79,39	67,11	91,37	81,08	73,44	78,39	73,84	66,39	76,38
Warko (P)	81,07	67,54	91,26	77,33	76,26	78,66	75,48	69,47	77,13
Fernando (H)	83,11	78,94	91,07	86,63	87,49	83,51	77,70	76,51	83,12
Motto (P)	78,82	76,47	94,73	77,07	72,22	82,45	73,64	71,31	78,34
Bosmo (P)	85,56	67,16	91,31	74,04	76,38	83,99	76,25	68,22	77,86
Kier (P)	82,54	71,65	96,70	78,50	73,41	76,41	75,96	66,60	77,76
Adar (P)	80,55	69,53	90,30	76,54	74,61	77,29	72,95	64,05	75,73
Esprit (H)	79,57	82,43	96,49	78,22	82,05	89,35	80,89	76,81	83,23
Luco (H)	77,62	71,56	89,51	80,88	84,41	86,29	75,99	69,03	79,41
Walet (P)	83,28	73,03	92,11	78,58	73,99	79,28	76,34	71,59	78,52
Hegro (P)	81,41	70,75	94,13	80,31	75,31	79,00	76,56	63,77	77,65
Zduno (P)	80,44	71,74	90,36	76,39	71,50	78,95	73,52	66,10	76,12
Klawo (H)	86,09	73,94	95,11	81,50	80,33	85,99	86,04	71,14	72,52
Amilo (P)	78,57	67,86	90,78	78,53	66,05	77,11	75,90	67,91	75,34
Dańkowskie Złote (P)	80,35	66,32	90,43	79,63	74,45	82,69	75,79	67,05	77,09
Średnia Mean	81,23	72,13	92,24	79,20	76,17	81,50	76,84	69,18	

P — Odmiana populacyjna; Population cultivar

H — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

W tabeli 3 przedstawiono średnie kwadraty z łącznej analizy wariancji, które pozwoliły na weryfikację hipotez ogólnych dotyczących braku zróżnicowania efektów środowisk (E), genotypów (G) oraz interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$). Jak wynika z rezultatów przedstawionych w tej tabeli wszystkie hipotezy zerowe zarówno w standardowym jak i intensywnym wariancie uprawy, zostały odrzucone.

Tabela 3

Średnie kwadraty dla źródeł zmienności w łącznej analizie wariancji
Mean squares in the combined analysis of variance

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares	
		wariant standardowy standard variant	wariant intensywny intensive variant
Lata — Years	1	6181,40*	332,49
Miejscowości — Station	7	768,07**	1658,16
Środowiska — Environments	7	1018,09**	1670,50**
Genotypy — Genotypes	16	211,47**	115,26**
Genotypy $\times$ lata — Genotypes $\times$ years	16	38,02**	82,15**
Genotypy $\times$ miejscowości Genotypes $\times$ station	112	18,84**	16,35**
Genotypy $\times$ środowiska Genotypes $\times$ environments	112	14,38**	15,28**
Regresja względem środowiska Regression on environments	16	16,66**	11,36
Odchylenie od regresji Regression deviation	96	14,00**	15,94**
Błąd doświadczeń — Experimental error	256	5,22	10,54

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at the level $\alpha = 0,05$

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at the level $\alpha = 0,01$

Analizy dotyczące poszczególnych odmian i ich współdziałania ze środowiskami glebowo-pogodowymi przedstawiono w tabeli 4. Oceniając przeciętną wysokość plonowania genotypów żyta ozimego za pomocą wartości efektów głównych oraz odpowiednich wartości statystyki F, można stwierdzić, że zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie uprawy odmiany mieszańcowe Ursus, Fernando, Klawo i Esprit odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych analizowanych obiektów. Odmiany te w standardowych warunkach uprawy charakteryzowały się jednak gorszą stabilnością plonowania, czyli większym odstępstwem reakcji plonu na środowiska od reakcji stabilnej rolniczo (Beckas i Leom, 1986), o czym świadczą istotne wartości F dla interakcji ze środowiskiem (tab. 4). W intensywnym wariancie uprawy odmiany Ursus i Esprit wykazały się lepszą stabilnością, ponieważ nie stwierdzono dla nich istotnej interakcji genotypowo-środowiskowej. Dalszą analizę stabilności plonowania badanych odmian żyta przeprowadzono za pomocą regresji łącznej interakcji poszczególnych genotypów względem efektów środowiska. Niskie i nieistotne współczynniki regresji zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie uprawy świadczą o braku regresyjnej zależności między efektami interakcyjnymi plonowania analizowanych odmian a efektami środowiska (tab. 5).

Tabela 4

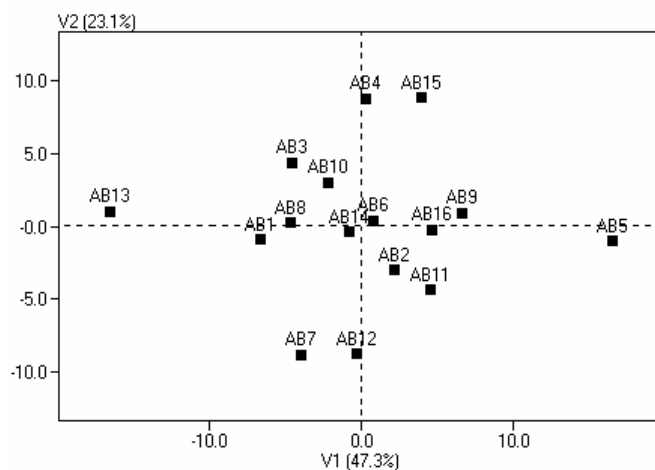
Testowanie odmian żyta ozimego i ich interakcji ze środowiskami
Testing of winter rye cultivars and their interactions with environments

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy Standard variant			Wariant intensywny Intensive variant		
	ocena efektu głównego main effect estimation	statystyka F dla: statistic F for:		ocena efektu głównego main effect estimation	statystyka F dla: statistic F for:	
		efektu głównego main effect	interakcji ze środowiskami interaction with environments		efektu głównego main effect	interakcji ze środowiskami interaction with environments
Ursus (H)	8,03	77,25*	2,72*	4,15	17,31*	1,61
Nawid (H)	-1,11	5,67	0,71	-1,94	4,01	1,52
Wibro (P)	-1,87	6,92*	1,65	-2,19	3,34	2,31*
Warko (P)	-1,65	7,34*	1,21	-1,43	3,39	0,97
Fernando (H)	7,12	40,86*	4,04*	4,56	15,10*	2,22*
Motto (P)	-0,52	0,57	1,58	-0,22	0,06	1,33
Bosmo (P)	-3,00	10,20	2,88*	-0,70	0,45	1,74
Kier (P)	-0,87	1,71*	1,45	-0,80	0,06	1,72
Adar (P)	-4,17	44,77*	1,26	-2,83	11,86*	1,09
Esprit (H)	3,22	6,11*	5,53*	4,67	141,06*	0,25
Luco (H)	-0,26	0,04	5,71*	0,85	1,67	0,70
Walet (P)	-1,08	1,93	1,99	-0,04	0,00	0,84
Hegro (P)	-1,82	7,44*	1,45	-0,91	1,06	1,25
Zduno (P)	-1,27	4,00	1,31	-2,44	5,36	1,79
Klawo (H)	5,21	8,00*	11,06*	3,96	7,02*	3,59*
Amilo (P)	-3,05	22,30*	1,36	-3,22	16,79*	1,00
Dańkowskie Złote (P)	-2,90	29,49*	0,93	-1,47	4,80	0,73
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$ Critical value at $\alpha = 0.05$		5,59	2,05		5,59	2,05

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant at the level $\alpha = 0.05$

Wyniki te świadczą o stabilności plonowania tych badanych odmian żyta ozimego, dla których nie stwierdzono istotnej interakcji. Istotne odchylenia od regresji zaobserwowano dla pięciu odmian mieszańcowych (Ursus, Fernando, Esprit, Luco i Klawo) i jednej populacyjnej (Walet) w warunkach standardowych. W intensywnych warunkach uprawy istotne odchylenia od regresji wystąpiły dla dwóch odmian mieszańcowych (Fernando i Klawo) i jednej populacyjnej (Wibro). Odmiany, dla których stwierdzono istotne wariacje odchyleń regresyjnych wobec nieistotnych współczynników regresji są odmianami nieprzewidywalnymi, o nieregularnej reakcji na środowisko.

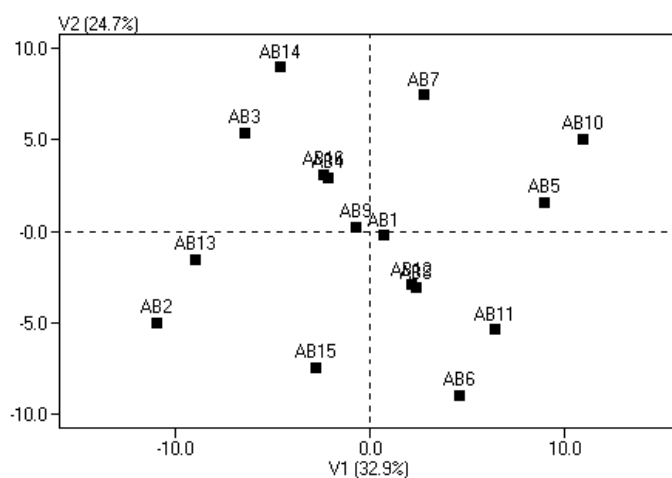
Przeprowadzono badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) za pomocą analizy składowych głównych w celu uzyskania większej ilości informacji o zachowaniu się odmian żyta w zróżnicowanych warunkach glebowo-pogodowych. Uwzględniając dwa pierwsze kontrasty o najwyższym udziale w statystyce F, przedstawiono rozmieszczenie środowisk w układzie składowych głównych (rys. 1 i 2). W standardowym wariancie uprawy znaczne odległości między punktami obrazującymi plonowanie odmian w Tomaszowie Bolesławieckim (punkty AB4, AB12 na rysunku 1), Wyczechach (AB7, AB15) i Pokoju (AB5, AB13) świadczą o dużym zróżnicowaniu plonowania odmian żyta ozimego w tych miejscowościach w 2001 i 2002 roku (rys. 1).



Środowiska; Environments:

AB1 — Wroclikowo	2001	AB9 — Wroclikowo	2002
AB2 — Marianowo	2001	AB10 — Marianowo	2002
AB3 — Sulejów	2001	AB11 — Sulejów	2002
AB4 — Tomaszów Bol.	2001	AB12 — Tomaszów Bol.	2002
AB5 — Pokój	2001	AB13 — Pokój	2002
AB6 — Głodowo	2001	AB14 — Głodowo	2002
AB7 — Wyczechy	2001	AB15 — Wyczechy	2002
AB8 — Lubliniec	2001	AB16 — Lubliniec	2002

Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant standardowej uprawy
Fig. 1. Representation of environments „Station” in the system of principal components — standard cultivation variant



Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant intensywnej uprawy
Fig. 2. Representation of environments „Station” in the system of principal components — intensive cultivation variant

Natomiast doświadczenia przeprowadzone w Głuchowie (AB6, AB14) w obydwu latach badań charakteryzowały się dużą stabilnością plonowania badanych odmian żyta. Analizując uzyskane wyniki dla intensywnego wariantu uprawy można zauważyć znaczne zróżnicowanie plonowania odmian żyta w poszczególnych latach (rys. 2). Świadczą o tym duże odległości od początku układu współrzędnych oraz między sobą punktów obrazujących miejscowości. Na uwagę zasługuje duża stabilność plonów badanych odmian żyta ozimego w miejscowości Wrocikowo w obydwu latach badań (punkty AB1 i AB9 na rysunku 2).

Tabela 5

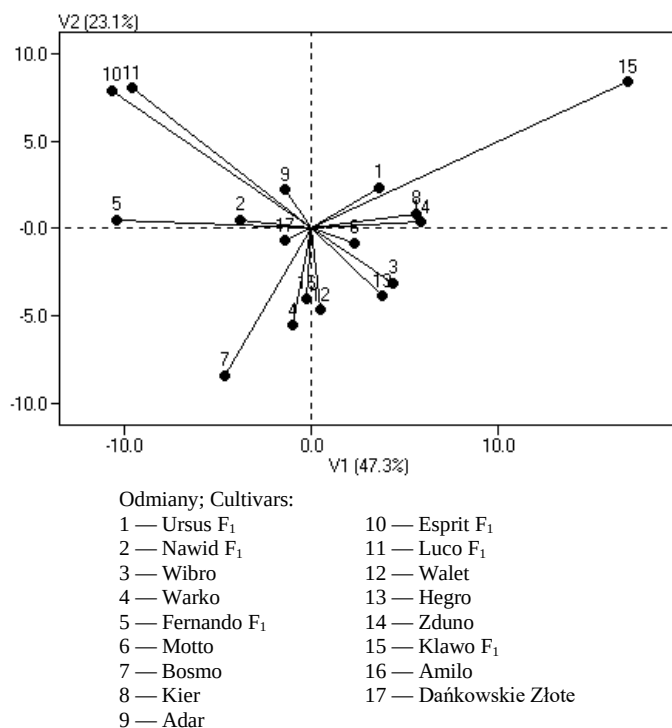
Testowanie regresji interakcji odmian żyta ozimego względem środowiska
Testing of the regression of interaction for winter rye cultivars

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy Standard variant				Wariant intensywny Intensive variant			
	współczynnik coefficient of:		statystyka F dla: statistic F for:		współczynnik coefficient of:		statystyka F dla: statistic F for:	
	regresji regression	determinacji % determination	regresji regression	odchyleń deviations	regresji regression	determinacji % determination	regresji regression	odchyleń deviations
Ursus (H)	0,046	0,94	0,06	3,14*	0,085	4,44	0,28	1,79
Nawid (H)	0,012	0,23	0,01	0,83	-0,011	0,08	0,00	1,77
Wibro (P)	-0,101	7,62	0,05	1,78	0,183	14,38	1,01	2,30*
Warko (P)	-0,138	19,33	1,44	1,14	-0,096	9,45	0,63	1,02
Fernando (H)	-0,035	0,38	0,02	4,70*	0,032	0,46	0,03	2,58*
Motto (P)	-0,151	17,64	1,29	1,52	-0,074	4,10	0,26	1,49
Bosmo (P)	-0,319	43,16	4,56	1,91	0,010	0,06	0,00	2,03
Kier (P)	-0,021	0,38	0,02	1,69	-0,217	27,17	2,24	1,46
Adar (P)	0,189	34,68	3,18	0,96	0,159	22,87	1,78	0,98
Esprit (H)	0,263	15,30	1,08	5,47*	0,031	3,76	0,23	0,28
Luco (H)	0,230	11,30	0,76	5,91*	-0,060	5,08	0,32	0,77
Walec (P)	-0,088	4,80	0,30	2,21*	-0,165	32,09	2,84	0,66
Hegro (P)	-0,171	24,44	1,94	1,28	0,230	41,90	4,33	0,85
Zduno (P)	-0,010	0,10	0,01	1,53	-0,104	5,97	0,38	1,96
Klawo (H)	0,498	27,30	2,25	9,38*	-0,163	7,36	0,48	3,89*
Amilo (P)	-0,185	30,67	2,65	1,10	0,083	6,82	0,44	1,08
Dańkowskie Złote (P)	-0,017	0,37	0,02	1,08	0,077	8,13	0,53	0,78
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$				5,99	2,13	5,99		
Critical value at $\alpha = 0.05$				5,99	2,13	5,99		

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

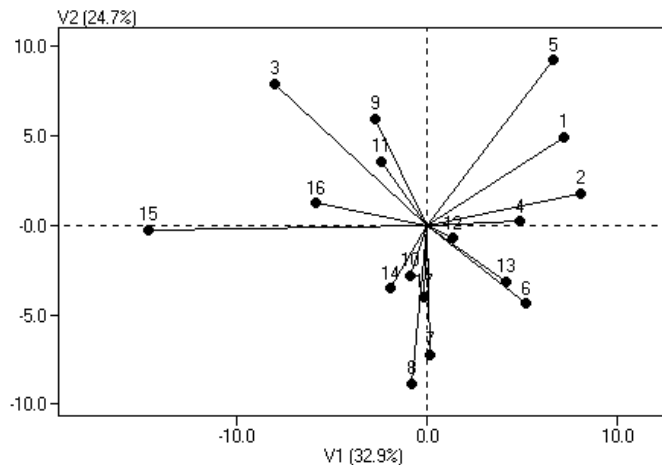
* Significant at the level $\alpha = 0.05$

Wektorowe rozmieszczenie odmian żyta ozimego w układzie dwóch pierwszych składowych głównych dla standardowych i intensywnych warunków uprawy przedstawiono odpowiednio na rysunkach 3 i 4. Znaczne oddalenie od środka układu współrzędnych odmian mieszańcowych Esprit, Luco, Klawo, Fernando i populacyjnej Bosmo wskazuje na dużą interakcję tych odmian z badanymi środowiskami w standardowych warunkach uprawy (rys. 3). Odmiany te charakteryzują się większym od pozostałych obiektów odstępstwem reakcji plonów na poszczególne warunki glebowo-pogodowe od reakcji stabilnej.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie odmian żyta ozimego w układzie składowych głównych — wariant standardowej uprawy

Fig. 3. Vector representation of winter rye cultivars in the system of principal components — standard cultivation variant



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie odmian żyta ozimego w układzie składowych głównych — wariant intensywnej uprawy

Fig. 4. Vector representation of winter rye cultivars in the system of principal components — intensive cultivation variant

Najniższym poziomem interakcji genotypowo-środowiskowej wykazała się odmiana Dańkowskie Złote, natomiast pozostałe charakteryzowały się nieco wyższą, ale zbliżoną do siebie wielkością interakcji $G \times E$. Intensywny wariant uprawy spowodował znaczne zróżnicowanie plonowania odmian mieszańcowych Fernando i Klawo oraz populacyjnych Wibro i Kier w badanych środowiskach, o czym świadczą znaczne odległości od początku układu współrzędnych (rys. 2). Najniższą interakcję genotypowo-środowiskową zaobserwowano u odmiany Walet. Znaczne odległości pomiędzy punktami obrazującymi badane odmiany żyta ozimego w obu wariantach uprawy wskazują, że różnice w ich plonowaniu są modyfikowane warunkami glebowo-klimatycznymi.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych odmian żyta ozimego we wszystkich doświadczeniach. Wykazano istotne zróżnicowanie efektów środowisk (kombinacji miejscowości z latami) oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) dla obydwu wariantów uprawy.
2. Reakcja plonowania odmian mieszańcowych w stosunku do populacyjnych jest niepodobna do reakcji stabilnej rolniczo w standardowych warunkach uprawy. Wzrost stopnia intensywności uprawy wpływa na większe podobieństwo reakcji plonowania na środowiska do reakcji stabilnej.
3. Odmiany populacyjne plonują bardziej stabilnie niż mieszańcowe, ale na wyraźnie niższym poziomie.
4. Stwierdzono, że obok wpływu poziomu agrotechniki istotne znaczenie na plonowanie odmian żyta ozimego miały również warunki glebowo-klimatyczne.
5. Na podstawie dwuletnich doświadczeń nie można jeszcze rekomendować odmian do uprawy, ale wstępne preferencje w standardowych i intensywnych warunkach uprawy otrzymać mogą odmiany Ursus, Fernando, Esprit i Klawo.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. IGR Poznań.
- Eberhart S. A., Russel W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.* 6: 36 — 40.
- Grabiński J. 1998. Przydatność odmian żyta do uprawy przy małym zużyciu środków produkcji. *Biul. IHAR* 205/206: 125 — 129.
- Kaczmarek J. 1999. Warunki przyrodnicze na Dolnym Śląsku i charakterystyka punktów doświadczalnych. Podstawy organizacji i planowania doświadczalnictwa z zarejestrowanymi odmianami roślin rolniczych na Dolnym Śląsku. *Zesz.* 1: 25 — 33.
- Kaczyński L. 1999. Reakcja odmian roślin rolniczych na czynniki środowiska, niezbędny zakres doświadczeń PDO na Dolnym Śląsku. Podstawy organizacji i planowania doświadczalnictwa z zarejestrowanymi odmianami roślin rolniczych na Dolnym Śląsku. *Zesz.* 1: 35 — 46.
- Kadłubiec W., Bujak H., Kaczmarek J., Grochowski L. 1998. Ocena podobieństwa populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego. *Biul. IHAR* 205/206: 23 — 29.
- Mądry W. 2003 a. Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów. *Cz. I. Podstawy teoretyczne. Biul. IHAR* 226/227: 7 — 14.

- Mądry W. 2003 b. Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów. Cz. II. Przykład dla pszenicy jarej. Biul. IHAR 226/227: 15 — 23.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity 89: 327 — 345.

ANDRZEJ RAFALSKI**MAŁGORZATA GAWEL****IWONA WIŚNIEWSKA**

Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Analiza zróżnicowania genetycznego komponentów mieszańców żyta

The analysis of genetic diversity of components of rye hybrids

Badania zróżnicowania genetycznego obejmowały 26 mieszańców matecznych i 8 restorerów oraz 17 linii męskosterylnych i 13 linii dopełniających. Badane materiały pochodziły z trzech ośrodków heterozyjnej hodowli żyta: Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin (IHAR), Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o. (PHR) i Hodowli Roślin DANKO Sp. z o.o. (Danko). Analizę dystansu genetycznego składników mieszańców przeprowadzono techniką PCR z zastosowaniem starterów semi-specyficznych ukierunkowanych na powielanie fragmentów genów żyta. Ocenę dystansu genetycznego mieszańców i restorerów przeprowadzono na podstawie analizy 317, a analizę linii 370 fragmentów DNA. Zarówno ocena dystansu genetycznego badanych materiałów jak też wyniki analizy skupień wskazują, że prowadzona niezależnie w trzech ośrodkach hodowla doprowadziła do wytworzenia nieco odmiennych pul genowych.

Słowa kluczowe: heterozja, mieszańce, linie, semi-specyficzny PCR, żyto

The genetic diversity among 26 maternal single crosses, 8 restorers, 17 male sterile inbred lines and 13 nonrestorer inbred lines was evaluated using PCR marker analysis. These materials were the components of rye hybrids investigated in the preofficial trials at the Plant Breeding and Acclimatization Institute (IHAR), Danko Breeding Co. Ltd (Danko) and Poznań Breeding Co. Ltd (PHR) during the growing seasons 2001–2002. For the evaluation of genetic diversity of rye breeding materials the semi-specific PCR system using primers targeting intron-exon sequences of plant genes was applied. The evaluation of genetic diversity among maternal hybrids and restorers was based on analysis of 317 DNA fragments, and the genetic distances among inbred lines were calculated from analysis of 370 DNA fragments. Both the estimated data of genetic distances of materials and the cluster analysis based on PCR data, indicated that hybrid components from different breeding centres exhibited somewhat different genetic characters.

Key words: heterosis, hybrids, inbred lines, rye, semi-specific PCR

WSTĘP

Wprowadzenie heterozyjnej hodowli żyta stało się możliwe dzięki wykryciu zjawiska genowo-cytoplazmatycznej męskosterylności (Geiger i Schnell, 1970). Jakkolwiek opisano szereg innych źródeł męskiej sterylności u żyta to tylko męskosterylność typu „Pampa” (P) ma dotychczas znaczenie praktyczne. Męskosterylność typu P jest dość łatwo wprowadzana, gdyż genotypy utrzymujące sterylność na tej cytoplazmie występują dość powszechnie we wszystkich populacjach wykorzystywanych przez hodowlę europejskie. Znaczną trudność stwarza natomiast znalezienie zapylaczy przywracających płodność (restorerów) o korzystnych cechach hodowlanych. Stąd, jako zapylacze stosuje się populacje, linie lub zestawy linii o korzystnych cechach agronomicznych, lecz często ograniczonej zdolności do przywracania płodności. Trudności wynikają również z tego, że na poziom płodności mieszańców wpływ ma zarówno genotyp restorera jak też cechy linii męskosterylnych oraz znaczny wpływ czynników środowiskowych (Geiger i Miedaner, 1996; Kolasińska, 2001). Niepełne przywracanie płodności prowadzi do obniżenia plonu ziarna mieszańców, a w niesprzyjających warunkach pogodowych sprzyja zakażeniom sporyszem.

Pomimo wymienionych trudności związanych z mieszańcową hodowlą żyta, wysoki efekt heterozji obserwowany u mieszańców powoduje, że stają się one znacznie bardziej atrakcyjne niż odmiany populacyjne. Hodowla heterozyjna żyta jest najbardziej zaawansowana w Niemczech, gdzie kilkanaście odmian mieszańcowych uprawianych jest na ponad 60% areалу żyta. Jednocześnie średni plon ziarna żyta w Niemczech był w roku 1995 około dwukrotnie wyższy niż w Polsce i Białorusi i prawie trzykrotnie wyższy niż w Rosji (Madej, 1996). W Polsce w ostatnich latach (1999–2001) do Rejestru Odmian Roślin Uprawnych przyjęto cztery mieszańce żyta i rozpoczęto komercyjną produkcję nasion tych mieszańców. Podobnie jak w kukurydzy, w heterozyjnej hodowli żyta stwierdzono, że dla uzyskania maksymalnego efektu heterozji celowe jest wyprowadzenie komponentów rodzicielskich z odmiennych pul genowych. Sukcesy niemieckiej mieszańcowej hodowli żyta wynikają między innymi z wykorzystania odmiennych genetycznie materiałów pochodzących z grup „Petkus” i „Carsten” (Geiger i Miedaner, 1999). W Polsce hodowla mieszańców żyta prowadzona jest w trzech ośrodkach hodowlanych: w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie (IHAR), w Hodowli Roślin Danko Sp. z o.o. (Danko) i w Poznańskiej Hodowli Roślin Sp. z o.o. (PHR).

Celem przedstawionych badań było sprawdzenie przydatności metody PCR z zastosowaniem starterów semi-specyficznych w badaniach genetycznego różnicowania komponentów mieszańców i populacyjnych odmian żyta. Ocena różnicowania materiałów pochodzących z trzech ośrodków hodowlanych miała również na celu oszacowanie, czy niezależnie prowadzona hodowla doprowadziła do powstania odrębnych pul genowych, które mogłyby zostać wykorzystane w dalszych wspólnych programach hodowlanych. Efekt heterozji u mieszańcowych odmian żyta zależy głównie od dystansu genetycznego między liniami tworzącymi męskosterylny mieszaniec mateczny a zapylaczem. Stąd, pierwszy blok badanych materiałów obejmował mieszańce i zapylacze

pochodzące z trzech ośrodków hodowlanych, natomiast drugi linie dopełniające i ich męskosterylne analogi.

MATERIAŁ I METODY

W pierwszym etapie badań przeprowadzono ocenę dystansu genetycznego 16 mieszańców maticznych i 5 restorerów z hodowli IHAR, 5 mieszańców i 2 restorerów z Danko oraz 5 mieszańców i jednego restorera z PHR. Drugi etap doświadczeń obejmował 12 linii męskosterylnych i 6 dopełniaczy pochodzących z hodowli IHAR, 4 linie męskosterylne i 2 linie dopełniające pochodzące z Danko oraz jedną linię męskosterylną i 5 linii dopełniających z PHR.

Preparatykę DNA przeprowadzano według metodyki opisanej przez Davisa i wsp. (1986). DNA otrzymywano z liści 20–30 siewek rosnących na pożywce płynnej przez 5–7 dni. Stężenie DNA oznaczano fluorymetrycznie zgodnie z instrukcją fluorymetru TKO 100 (Hoefer Scientific Instruments, San Francisco, USA).

Powielanie fragmentów DNA przeprowadzano w termocyklerze UNO II (Biometra, Göttingen, Niemcy). Powielania prowadzono w układzie zawierającym w objętości 20 µl: 15 ng DNA roślinnego, 1 × bufor, 2,5 mM MgCl₂, 200 µM dATP, dGTP, dCTP, dTTP, 1,2 µM startera i 1 jednostkę termostabilnej polimerazy (MBI Fermentas, Wilno). Powielanie przy użyciu starterów semi-specyficznych przeprowadzano dwustopniowo, w pierwszych siedmiu cyklach temperatura przyłączania startera była o 2°C wyższa od wyliczonej na podstawie sekwencji i długości startera, a w następnych 33 cyklach tę temperaturę podwyższano o dalsze 4°C. We wszystkich cyklach powielania denaturację przeprowadzano przez 40 sek. w temperaturze 94°C, przyłączanie startera trwało 1 min., a wydłużanie łańcuchów DNA 2 min. w 72°C. Powielania kończono 10 min. inkubacją w temperaturze 72°C.

Produkty amplifikacji rozdzielano elektroforetycznie w 1,5% żelu agarozowym w buforze TBE i wizualizowano przy użyciu bromku etydyny. Fotografie rozdziałów elektroforetycznych analizowano przy użyciu programu „Fragment NT” (Molecular Dynamics, Sunnyvale, CA, USA). Przy użyciu tego programu tworzone macierz wyników przedstawioną systemem dwójkowym, gdzie obecność fragmentu o określonej wielkości oznaczano jako „1”, a brak tego fragmentu jako „0”. Wyniki te stanowiły podstawę do wyliczenia, przy użyciu programu „Excel”, współczynników dystansu genetycznego według wzoru:

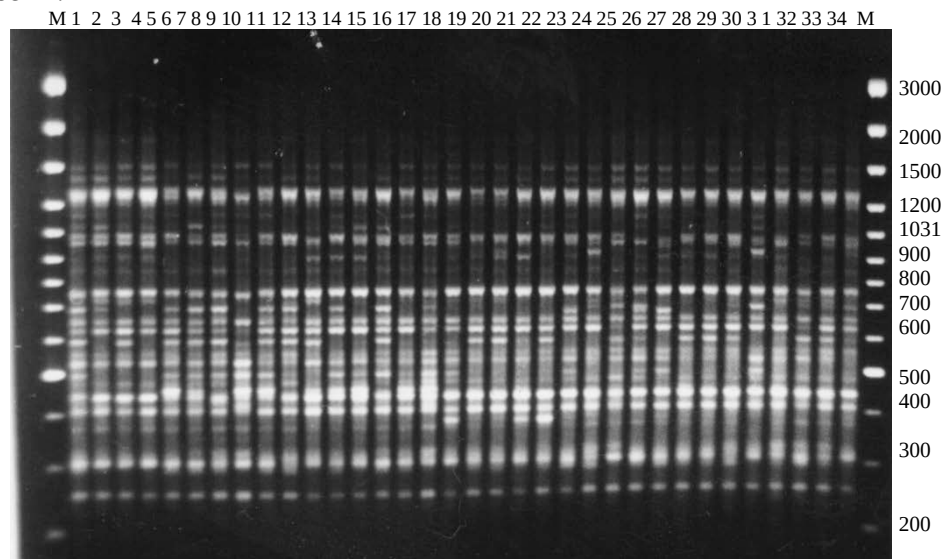
$$DG_{(a,b)} = 1 - (2N_{(a,b)} / (N_{(a)} + N_{(b)})),$$

gdzie $2N_{(a,b)}$ oznacza liczbę pasm wspólnych dla genotypów a i b, a $(N_{(a)} + N_{(b)})$ liczbę wszystkich pasm występujących w obu genotypach (Nei i Li, 1979).

WYNIKI

Powielenie DNA 34 mieszańców i restorerów przeprowadzono stosując startery 15 i 18 nukleotydowe. Przykład rozdziału elektroforetycznego produktów powielenia przedstawia rysunek 1. Współczynniki dystansu genetycznego wyliczono na podstawie analizy 317

fragmentów DNA. Szczegółowe dane obejmowały 561 współczynników dystansu genetycznego. Zakres genetycznego zróżnicowania komponentów mieszańców w obrębie ośrodków hodowli żyta oraz różnice między materiałami pochodzącymi z tych ośrodków przedstawiono w tabeli 1.



1 - M(130 × 339) (R), 2 - M(130 × 2130) (R), 3 - M(130 × 5114) (R), 4 - M(130 × 51527) (R), 5 - M(167 × 463) (R), 6 - M(167 × 2130) (R), 7 - M(343 × 399) (R), 8 - M(463 × 130) (R), 9 - M(463 × 399) (R), 10 - M(463 × 5491) (R), 11 - M(463 × 51527) (R), 12 - M(482 × 463) (R), 13 - M(620 × 463) (R), 14 - M(2130 × 399) (R), 15 - M(2799 × 463) (R), 16 - M(5491 × 463) (R), 17 - Res. syn. 5 (R), 18 - Res. syn. 9 (R), 19 - Res. syn. 10 (R), 20 - Res. syn. 11 (R), 21 - Res. 3332 (R), 22 - M(CSIN 396) (D), 23 - M(CSIN 297) (D), 24 - M(CSIN 397) (D), 25 - M(CSIN 1297) (D), 26 - M(CSIN 1397) (D), 27 - Res. Walet (D), 28 - Res. Kier (D), 29 - M(NSIN 596) (P), 30 - M(NSIN 490) (P), 31 - M(NSIN 0001) (P), 32 - M(NSIN 0002) (P), 33 - M(NSIN 0002) (P), 34 - Res. WM1R (P).

Rys. 1. Wyniki powielania DNA mieszańców matecznych (M) i restorerów (Res) przy użyciu startera ET18/15 (5'ACTTACTTGGCACCG3'). M — wzorzec wielkości DNA (pary zasad). Materiały IHAR — (R), materiały Danko — (D), materiały z PHR — (P)

Fig. 1. Amplification of DNA of male sterile single crosses (M) and restorers (Res) using primer ET18/15 (5'ACTTACTTGGCACCG3'). M — DNA size standard. Accessions from IHAR — (R) accessions from Danko — (D) accessions from PHR — P

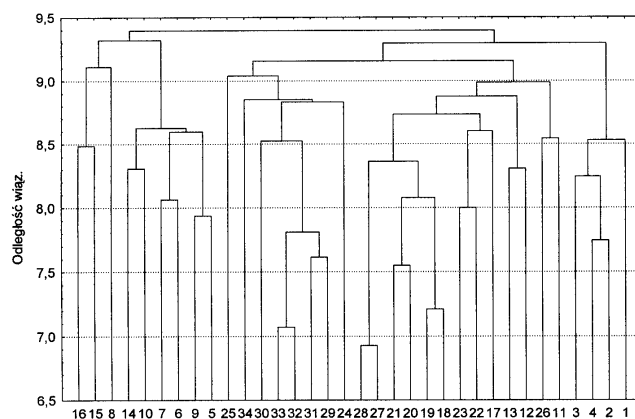
Współczynniki dystansu genetycznego 16 mieszańców pochodzących z IHAR wynoszą od 0,153 do 0,264 (średnio 0,206). Dystans genetyczny mieszańców z firmy Danko jest nieco niższy i wynosi od 0,150 do 0,228 (średnio 0,190), a dla mieszańców z PHR od 0,126 do 0,216 (średnio 0,160). Dystans genetyczny między mieszańcami pochodzącymi z różnych ośrodków był nieco wyższy niż zróżnicowanie materiału w obrębie poszczególnych hodowli. Średni dystans genetyczny między mieszańcami pochodzącymi z PHR i Danko wynosił 0,194, natomiast różnice między mieszańcami IHAR a mieszańcami z PHR i Danko były nieco wyższe i wynosiły odpowiednio 0,213 i 0,219. Jakkolwiek mieszańce pochodzące z trzech ośrodków heterozyjnej hodowli żyta liczbowo były reprezentowane w różnym stopniu, to wyniki dystansów między hodowlami

wskazują, że materiały te tworzą nieco odrębne pule genowe. Wyniki analizy skupień uzyskane na podstawie otrzymanych danych potwierdzają tę sugestię.

Tabela 1

Zróżnicowanie genetyczne komponentów mieszańców żyta w ośrodkach hodowli i różnice między ośrodkami
The genetic diversity of components of rye hybrids in breeding centres and their differences between breeding centres

Komponenty Components	Ośrodki hodowli Breeding centres	Zakres zróżnicowania Range of diversity	Średni współczynnik dystansu Average dissimilarity index
Mieszańce mateczne Maternal single crosses	Danko	0,150–0,228	0,190
	PHR	0,126–0,216	0,160
	IHAR	0,153–0,264	0,206
	Danko–PHR	0,175–0,231	0,194
	Danko–IHAR	0,173–0,265	0,219
	IHAR–PHR	0,179–0,251	0,213
Linie wsobne Inbred lines	Danko	0,158–0,270	0,239
	PHR	0,183–0,301	0,237
	IHAR	0,175–0,325	0,248
	Danko–PHR	0,213–0,323	0,277
	Danko–IHAR	0,233–0,366	0,283
	IHAR–PHR	0,218–0,375	0,265



Mieszańce i restorery w kolejności jak na rysunku 1; Accessions numbered like in Fig. 1

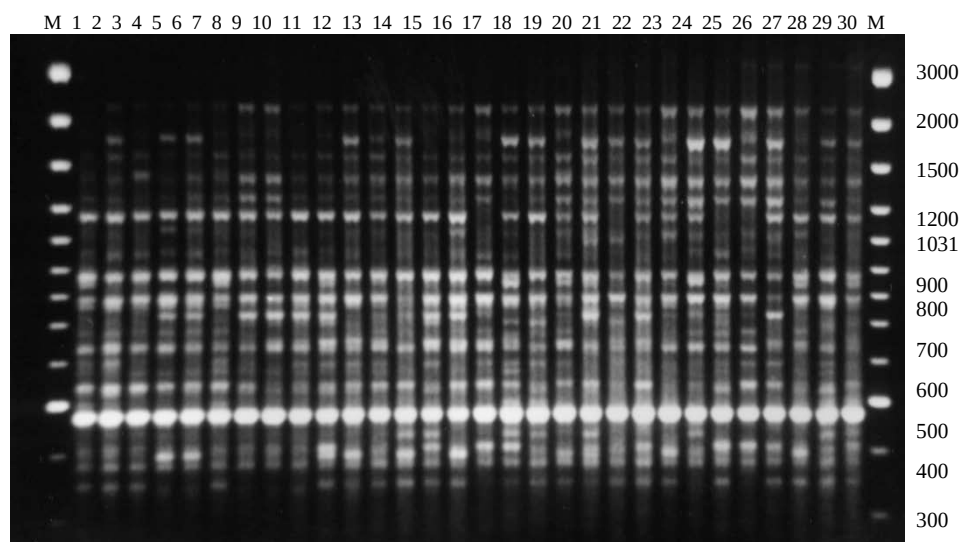
Rys. 2. Diagram podobieństwa badanych mieszańców i restorerów wyliczony metodą średnich połączeń na podstawie analizy 317 fragmentów DNA

Fig. 2. Association among single crosses (M) and restorers (Res) of rye revealed by UPGMA cluster analysis of 317 DNA fragments

Wyniki analizy skupień badanych komponentów mieszańców przedstawia rysunek 2. Wyraźnie wyodrębnioną grupę stanowią mieszańce i restorer pochodzący z PHR. Mieszańce pochodzące z hodowli IHAR tworzą dwie grupy w przeciwległych rejonach

dendrogramu, przy czym wspólną cechą czterech mieszańców w prawej części dendrogramu jest występowanie w ich składzie tej samej linii matecznej. Odrębną grupę tworzą restorery z hodowli IHAR, w grupie tej znalazły się również dwa restorery populacyjne pochodzące z firmy Danko. Badane mieszańce i restorery z Danko nie tworzą wyraźnie wyodrębnionej grupy.

Analiza linii obejmowała 30 obiektów. Przykład elektroforetycznego rozdziału powielonych fragmentów DNA przedstawia rysunek 3. Współczynniki dystansu genetycznego linii (435 wyników) wyliczone zostały na podstawie analizy 380 fragmentów DNA. Zakres genetycznego zróżnicowania i średnie wartości współczynników przedstawiono w tabeli 1. W liniach pochodzących z firmy Danko współczynniki dystansu genetycznego wynosiły od 0,158 do 0,270, a w materiałach z PHR od 0,183 do 0,301. Najniższe wartości wykazują dystanse między liniami męskosterylnymi i ich analogami. Dystanse genetyczne linii pochodzących z hodowli w IHAR wynoszą od 0,175 do 0,325. W przypadku czterech par linii będących analogami dystanse genetyczne są również niskie i wynoszą około 0,2, a w przypadku dwóch pozostałych par są nieco wyższe i wynoszą około 0,24. Najniższy dystans genetyczny (0,158) wyliczono dla analogów pochodzących z hodowli Danko.



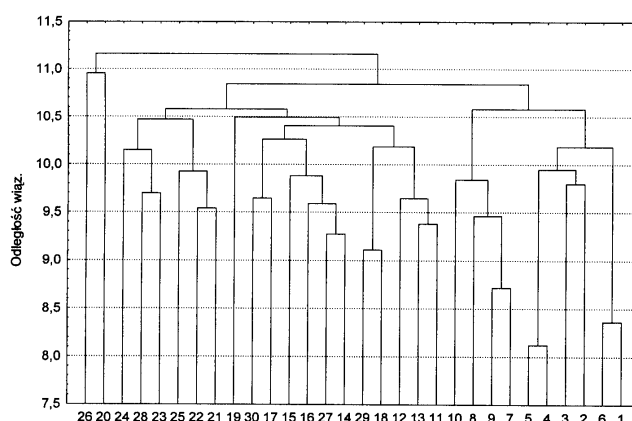
Linie żyta: 1 - S105P/91(D), 2 - S67P/94(D), 3 - S76P/95(D), 4 - S93N/95(D), 5 - S93P/95(D), 6 - S105N/91(D), 7 - NS426P(P), 8 - NS426N(P), 9 - NS456N(P), 10 - NS66N/85(P), 11 - NS267N/88, 12 - NS79N/85, 13 - 130P(R), 14 - 167P(R), 15 - 343P(R), 16 - 463P(R), 17 - 482P(R), 18 - 620P(R), 19 - 2799P(R), 20 - 5491P(R), 21 - 2130P(R), 22 - 399P(R), 23 - 5114P(R), 24 - 51524P(R), 25 - 2130N(R), 26 - 463N(R), 27 - 399N(R), 28 - 5114N(R), 29 - 620N(R), 30 - 482N(R)

Rys. 3. Wyniki powielania DNA 30 linii żyta przy użyciu startera IT31/15 (5'GAAGCCGAGGTAAG³). M — wzorec wielkości DNA. Materiały IHAR — (R), materiały Danko — (D), materiały z PHR — (P)

Fig. 3. Amplification of DNA of 30 inbred lines of rye using primer IT31/15 (5'GAAGCCGAGGTAAG³). M — DNA size standard. Inbred lines from IHAR — (R) inbred lines from Danko — (D) inbred lines from PHR — (P)

Średnia wartość współczynników dystansu genetycznego między liniami pochodzącymi z IHAR a liniami z firmy Danko wynosi 0,283, a między liniami z IHAR a liniami z PHR 0,265. Wartości współczynników dystansu genetycznego między liniami z PHR a liniami z firmy Danko były niższe i wynosiły średnio 0,277. Wartości te są we wszystkich trzech przypadkach wyższe od średnich wartości współczynników zróżnicowania genetycznego linii w obrębie poszczególnych hodowli.

Z dendrogramu (rys. 4) wynika, że linie pochodzące z trzech ośrodków hodowlanych tworzą wyraźnie odrębne grupy. Wyjątek stanowi pochodząca z hodowli IHAR linia męskosterylna 130P (13), która na dendrogramie znalazła się w grupie linii pochodzących z PHR. Odmienność genetyczna tej linii ujawniła się również w badaniach zróżnicowania mieszańców, gdyż jak wspomniano powyżej, mieszańce których linią mateczną była linia 130P, tworzyły wyraźnie odmienną grupę.



Linie w kolejności jak na rysunku 3; Inbred lines numbered like in Fig. 3

Rys. 4. Diagram podobieństwa badanych linii żyta wyliczony metodą średnich połączeń na podstawie analizy 380 fragmentów DNA

Fig. 4. Association among inbred lines of rye revealed by UPGMA cluster analysis of 380 DNA fragments

DYSKUSJA

W przypadku takich roślin jak żyto zalety systemu PCR z zastosowaniem starterów semi-specyficznych ukierunkowanych na sekwencje genów roślinnych są szczególnie widoczne. Wynika to najprawdopodobniej z dużego udziału sekwencji powtarzających się, które w genomie żyta stanowią ponad 90% (Flavell i in., 1974). Startery o sekwencji przypadkowej (RAPD) powielają DNA takich sekwencji występujących w genomie w znacznej liczbie kopii, tworząc obraz o małym udziale pasm polimorficznych. Podobnie wyjaśnić można przyczyny, dzięki którym startery semi-specyficzne dość łatwo ujawniają wewnątrzgatunkowy polimorfizm w roślinach zbożowych o dużych i złożonych genomach takich jak pszenica i pszenżyto (Gaweł i in., 2002).

W badaniach genetycznego zróżnicowania komponentów mieszańców żyta stosowano startery ET i IT o długości 15 i 18 zasad. Niektóre 18-nukleotydowe startery z grupy ET generowały bardzo złożone i polimorficzne obrazy fragmentów DNA. Jakkolwiek doświadczenia takie dostarczały znacznej liczby informacji o zróżnicowaniu genetycznym badanych materiałów, to ich interpretacja i analiza komputerowa była dość trudna. Dość polimorficzne i klarowne obrazy powielonych fragmentów uzyskiwano stosując startery 15 nukleotydowe i niektóre startery ET18.

Wyliczenia współczynników dystansu genetycznego komponentów mieszańców wskazują, że różnice między ośrodkami hodowli są nieco wyższe niż zróżnicowanie w obrębie każdej hodowli. W nieco wyższym stopniu ujawnia to analiza linii niż analiza mieszańców matecznych.

Zróżnicowanie mieszańców matecznych jak i linii jest znacznie większe niż różnice genetyczne między populacyjnymi odmianami żyta (Rafalski i in., 2002). Dotychczas wprowadzone odmiany mieszańcowe plonują znacznie lepiej niż odmiany populacyjne (Arseniuk i Oleksiak, 2001), a zróżnicowanie genetyczne komponentów mieszańców wskazuje na możliwość dalszego postępu w tej hodowli. Zarówno wyliczenia współczynników dystansu genetycznego między komponentami mieszańców pochodzących z trzech ośrodków heterozyjnej hodowli żyta, jak też wyniki analizy skupień wyraźnie wskazują, że prowadzona niezależnie selekcja doprowadziła do stworzenia materiałów o nieco odmiennych cechach genetycznych.

Przedstawione wyniki wskazują również na celowość współpracy między ośrodkami. Podstawę do ustaleń na ten temat stanowią szczegółowe wyniki analizy, tj. tabele współczynników dystansu genetycznego między wszystkimi badanymi obiektami (561 i 435 danych).

WNIOSKI

1. System PCR z zastosowaniem starterów semi-specyficznych stwarza możliwość szybkiej i dokładnej oceny zróżnicowania materiałów hodowlanych żyta.
2. Zarówno wyliczenia współczynników dystansu genetycznego między komponentami mieszańców pochodzących z trzech ośrodków heterozyjnej hodowli żyta, jak też wyniki analizy skupień wyraźnie wskazują, że prowadzona niezależnie selekcja doprowadziła do stworzenia materiałów o nieco odmiennych cechach genetycznych.

LITERATURA

- Arseniuk E., Oleksiak T. 2001. Rye production and breeding in Poland. Proc. EUCARPIA Rye Meeting, Radzików, Poland: 11 — 18.
- Davis L. G., Dibner M. D., Battey J. F. 1986. Basic methods in molecular biology. Elsevier Sci. Publ., New York: 42 — 43.
- Flavell R. B., Bennett M. D., Smith J. B., Smith D. B. 1974. Genome size and the proportion of repeated nucleotide sequence DNA in plants. Biochemical Genetics 12: 257 — 269.
- Gaweł M., Wiśniewska I., Rafalski A. 2002. Semi-specific PCR for the evaluation of diversity among cultivars of wheat and triticale. Cell. Mol. Biol. Lett. 7: 577 — 582.

- Geiger H. H., Schnell F. W. 1970. Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). Crop Sci. 10: 590 — 593.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male-fertility restoration in rye. Proc. Intl. Symp. on Rye Breeding and Genetics. Vort. Pflanzenzüchtg. 35: 27 — 38.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1999. Hybrid rye and heterosis. In: The genetics and exploitation of heterosis in crops. ASA-CSSA-SSSA, Madison, WI: 439 — 450.
- Kolasieńska I. 2001. Przywracanie płodności pyłku u mieszańców żyta CMS-Pampa × restorer. Biul. IHAR 218/219: 341 — 349.
- Madej L. J. 1996. Worldwide trends in rye growing and breeding. In: Proc. Intl. Symp. on Rye Breeding and Genetics. Vortr. Pflanzenzüchtg 35: 1 — 6.
- Nei M., Li W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 76: 5269 — 5273.
- Rafalski A., Madej L., Wiśniewska I., Gawel M. 2002. The genetic diversity of components of rye hybrids. Cell. Mol. Biol. Lett. 7: 471 — 475.

IWONA WIŚNIEWSKA**ANDRZEJ RAFALSKI**

Zakład Biochemii i Fizjologii Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Chromosomowa lokalizacja markerów tolerancyjności na glin u żyta

The chromosomal location of markers of aluminium tolerance in rye

W badaniach mających na celu lokalizację fragmentów DNA na chromosomach żyta wykorzystuje się zwykle zestaw linii addycyjnych pszenica-żyto i bardziej stabilne zestawy linii substytucyjnych pszenżyta. Pochodzenie fragmentu DNA z określonego chromosomu żyta potwierdza jego hybrydyzacja z DNA linii addycyjnej przy jednoczesnym obniżeniu intensywności sygnału do analogicznej linii substytucyjnej pszenżyta. Spontaniczna utrata chromosomów żyta w liniach addycyjnych stwarza konieczność weryfikacji posiadanego materiału. Obecność addycji chromosomów żyta w pszenicy Chinese Spring potwierdzono metodą hybrydyzacji przy użyciu dwóch sond molekularnych charakterystycznych dla żytniej sekwencji powtarzającej się typu rozproszonego. Wyniki analiz DNA 103 pojedynczych siewek linii addycyjnych przy użyciu obu sond były zgodne i wykazały znaczne zróżnicowanie obecności DNA żyta. Do badań nad lokalizacją fragmentów DNA na chromosomach żyta wybrano DNA pojedynczych siewek linii addycyjnych, które z sondami charakteryzującymi żyto dawały silny i podobny sygnał hybrydyzacyjny. Spośród 18 fragmentów różnicujących tolerancyjne i wrażliwe formy żyta 4 wykazywały wzrost intensywności hybrydyzacji do DNA linii addycyjnej z chromosomami 4R przy jednoczesnym obniżeniu tego efektu dla substytucji 4R/4D. W pozostałych przypadkach nie obserwowano zmian intensywności sygnału hybrydyzacyjnego lub różnice ujawniające się w liniach addycyjnych i substytucyjnych nie były ze sobą zgodne.

Słowa kluczowe: hybrydyzacja, lokalizacja na chromosomach, markery, tolerancyjność na glin, żyto

The hybridization to DNA of the set of wheat-rye addition lines is the technique commonly used for chromosomal location of DNA based markers in rye. The other approach is the hybridization to the DNA of available set of substitution lines of triticale. Because of the tendency to spontaneous loss of alien chromosomes in wheat-rye addition lines, their presence was verified by Southern dot-blot hybridization using two DNA probes characteristic of rye specific dispersed repetitive sequence. Both probes revealed identical or similar hybridization signals during the analysis of DNA obtained from 103 single seedlings of wheat-rye addition lines. These results confirmed the total or partial loss of rye DNA in some seedlings. The DNA of single seedlings which showed strong and uniform hybridization signal was selected for chromosomal location of rye fragments. The DNA of the set of D/R substitution lines of triticale was also included in these experiments. Four of 18 fragments used as the probes showed increase of hybridization signal to DNA of 4R addition line of wheat with simultaneous decrease of the signal to DNA of 4R/4D substitution line of triticale. The hybridization pattern of the remaining

fragments was not informative because of similar intensity of signals to all additions and substitutions or of not consistent differences in intensity of signals to some additions and substitutions.

Key words: aluminium tolerance, chromosomal location, hybridization, markers, rye

WSTĘP

Głównym czynnikiem hamującym rozwój roślin na glebach kwaśnych jest toksyczne działanie jonów glinu. Wpływ toksycznego działania jonów glinu przejawia się zahamowaniem wzrostu wierzchołków korzeni, co prowadzi w konsekwencji do niedoboru składników pokarmowych i podwyższonej wrażliwości na warunki stresowe (Anioł, 1981). Żyto jako zboże o wysokiej tolerancyjności na toksyczne działanie jonów glinu jest najlepszym dawcą tej cechy dla innych roślin, takich jak pszenżyto i pszenica. Do genomu pszenicy cechy żyta wprowadzane mogą być drogą introgresji fragmentów chromosomów żyta.

W obrębie żyta, podobnie jak u innych zbóż, obserwuje się znaczne zróżnicowanie reakcji genotypów żyta na działanie jonów. Różnice w reakcji linii i segregantów F_2 żyta na działanie jonów glinu w warunkach testu laboratoryjnego (Anioł, 1981) umożliwiły wytypowanie jako potencjalnych markerów tolerancyjności około 30 fragmentów DNA powielonych techniką PCR z zastosowaniem starterów semi-specyficznych (Rafalski i in., 1996). W badaniach tych stosowano zmodyfikowaną procedurę analizy zestawów segregantów F_2 opisaną przez Michelmores i wsp. (1991). W celu zwiększenia prawdopodobieństwa identyfikacji fragmentów sprzężonych z cechą tolerancyjności, powielanie przeprowadzono na DNA matrycowym otrzymanym z 3 par linii rodzicielskich oraz segregantów F_2 , pochodzących z krzyżowań tych linii. Porównanie spektrum obejmowało 4 lub 6 form wrażliwych i tę samą liczbę form tolerancyjnych. Jako potencjalne markery wybierano fragmenty takiej samej wielkości różnicujące co najmniej cztery formy tolerancyjne lub wrażliwe. Analiza wyników powielania przy użyciu 84 starterów semi-specyficznych o długości od 10 do 18 zasad umożliwiła wytypowanie fragmentów, które zostały powielone z DNA linii i segregantów tolerancyjnych lub ujawniały się tylko u form wrażliwych.

Celem prac prowadzonych obecnie jest lokalizacja wyizolowanych fragmentów DNA różnicujących wrażliwe i tolerancyjne formy żyta na chromosomach żyta. Powszechnie stosowaną metodą umożliwiającą przypisanie markerów do określonych chromosomów jest ich hybrydyzacja z zestawem linii addycyjnych pszenica-żyto (Gallego i in., 1998). Brak wyrównanej reakcji siewek linii addycyjnych na toksyczne działanie jonów glinu oraz różnice w intensywności sygnału hybrydyzacyjnego z sondami molekularnymi pochodzącymi z powielonych fragmentów żyta wskazywał na konieczność weryfikacji obecności DNA żyta w pszenicy Chinese Spring. Stąd, celem pierwszego etapu badań był wybór siewek linii addycyjnych o potwierdzonej obecności chromosomów żyta. W badaniach nad lokalizacją fragmentów DNA na chromosomach żyta wykorzystano również linie substytucyjne pszenżyta, w których chromosomy żytnie zastąpione są homeologicznymi chromosomami z genomu D pszenicy. Badania te stanowią etap

poprzedzający określenie sprzężeń markerów z genami tolerancyjności na toksyczne działanie jonów glinu.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do wytworzenia sond charakterystycznych dla żyta stanowiły dwie odmiany pszenicy: Chinese Spring i Korweta oraz dwie odmiany żyta: Dańkowskie Złote i Amilo.

Sondy molekularne utworzono z ponad 30 fragmentów DNA, które różnicowały tolerancyjne i wrażliwe na toksyczne działanie jonów glinu linie i segreganty F₂ żyta.

Do chromosomowej lokalizacji markerów użyto DNA zestawu linii addycyjnych pszenicy Chinese Spring z chromosomami żyta Blanco oraz pszenicy Grana z chromosomami żyta Dańkowskie Złote. Do badań tych włączono również DNA otrzymane z zestawu linii substytucyjnych pszenżyta Presto z chromosomami pszenicy Begra.

Preparatykę DNA przeprowadzono wg metodyki opisanej przez Davisa i wsp. (1986). Ilość DNA oznaczano fluorymetrycznie zgodnie z instrukcją fluorymetru TKO 100 (Hoefer Scientific Instruments).

Amplifikację fragmentów DNA przeprowadzano w układzie zawierającym w objętości 20 µl: 15 ng DNA roślinnego, 1 × bufor (MBI Fermentas, Wilno), 2,5 mM MgCl₂, 200 µM dATP, dGTP, dCTP, dTTP, 1–1,2 µM startera i 1 jednostkę termostabilnej polimerazy (MBI Fermentas). Powielanie prowadzono w termocyklerze UNO II (Biometra, Getynga) w warunkach opisanych uprzednio (Rafalski i in., 2002). Produkty amplifikacji rozdzielano elektroforetycznie w 1,5% żelu agarozowym w buforze TBE i wizualizowano przy użyciu bromku etydyny.

Wyizolowane fragmenty DNA znakowano dUTP-digoksygeniną według procedury opisanej przez producenta zestawu do znakowania i detekcji (DIG DNA labeling and detection kit: Roche, Mannheim, Niemcy). Mieszanina do znakowania zawierała w 20 µl około 50 ng znakowanego fragmentu DNA. Inkubację prowadzono przez 18 godzin. Znakowanie DNA wyizolowanych fragmentów przy wykorzystaniu łańcuchowej reakcji polimerazy przeprowadzono wg metody opisanej przez Saiki i wsp. (1985).

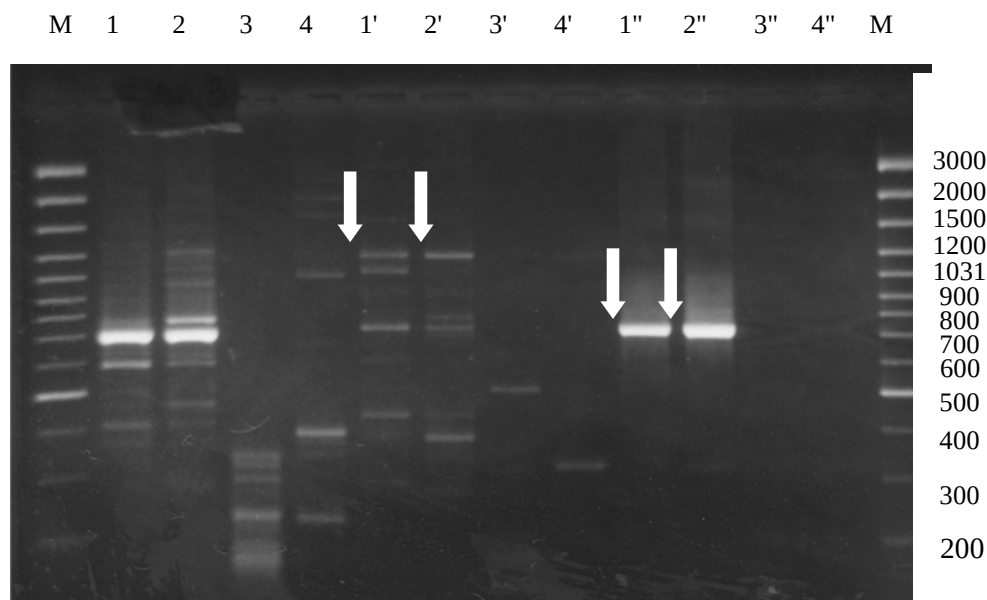
Zdenaturowane próbki DNA nakładano na membrany hybrydyzacyjne przy użyciu urządzenia Bio-Dot (Bio-Rad, Hercules, CA, USA). DNA linii addycyjnych pszenicy i zestawu linii substytucyjnych pszenżyta nakładano w ilości 40 i 80 ng natomiast DNA wrażliwych i tolerancyjnych linii i segregantów F₂ żyta w ilości 25 i 50 ng.

Hybrydyzację, detekcję immunologiczną i reakcję wybarwiania przeprowadzano według instrukcji producenta zestawu (Roche, Mannheim). Modyfikacja procedury polegała na zmniejszeniu ilości odczynnika blokującego do 0,5% i dodaniu do buforu hybrydyzacyjnego sonikowanego DNA pszenicy Chinese Spring w stężeniu 5 µg/ml przy hybrydyzacji do DNA linii addycyjnych pszenicy i zestawu linii substytucyjnych pszenżyta. Hybrydyzację przeprowadzono przez 18 godzin w temperaturze 68°C. Płukania pohybrydyzacyjne przeprowadzono według metodyki opisanej przez Metzlaffa (1986).

WYNIKI

Analiza tolerancyjności na glin pojedynczych siewek zestawu linii addycyjnych pszenicy Chinese Spring z addycjami chromosomów żyta Blanco metodą testu laboratoryjnego wykazała, że reakcja siewek w obrębie każdej addycji jest zróżnicowana, a wyniki testowania są niejednoznaczne. Gdy sondy hybrydowano do DNA otrzymanego z 12–15 siewek każdej linii addycyjnej, interpretację wyników utrudniały stale występujące różnice sygnału hybrydacyjnego. Wyniki te sugerowały, że jakkolwiek linie addycyjne kontrolowane były cytologicznie na etapach poprzedzających namnażanie, to podczas namnażania materiału nastąpiła częściowa lub całkowita eliminacja chromosomów żytnich w niektórych roślinach. Dlatego też należało zweryfikować możliwość zastosowania tego zestawu do lokalizacji potencjalnych markerów na określonych chromosomach żyta.

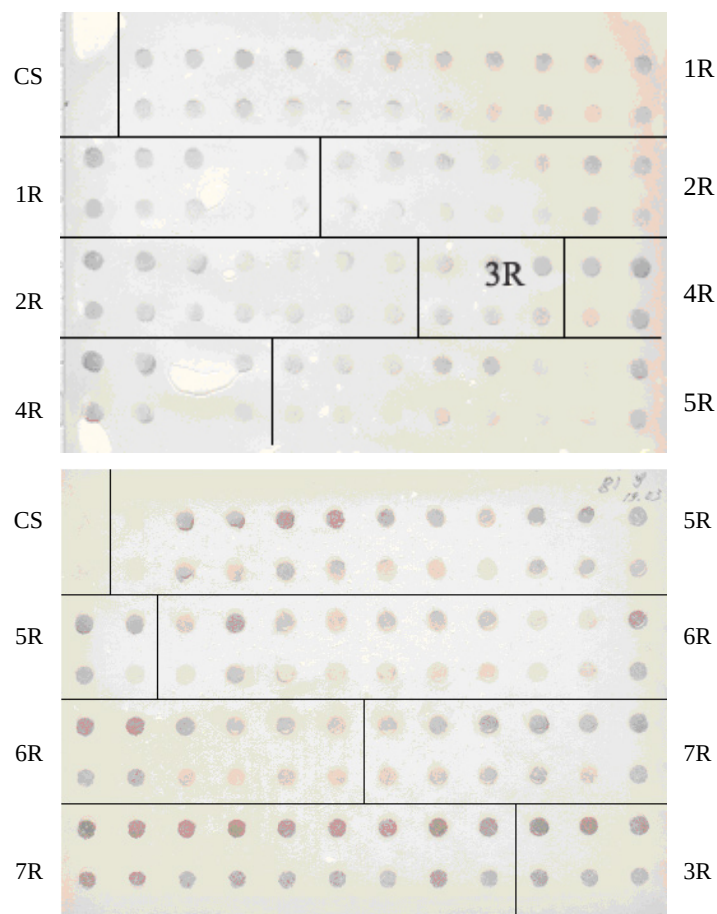
Powielenie DNA otrzymanego z dwóch odmian pszenicy (Chinese Spring i Korweta) oraz dwóch odmian żyta (Dańkowskie Złote i Amilo) przy użyciu starterów flankujących powtarzającą się sekwencję charakterystyczną dla żyta (Rogowsky i in., 1992) umożliwiło wytypowanie fragmentów DNA występujących wyłącznie w życie (rys. 1).



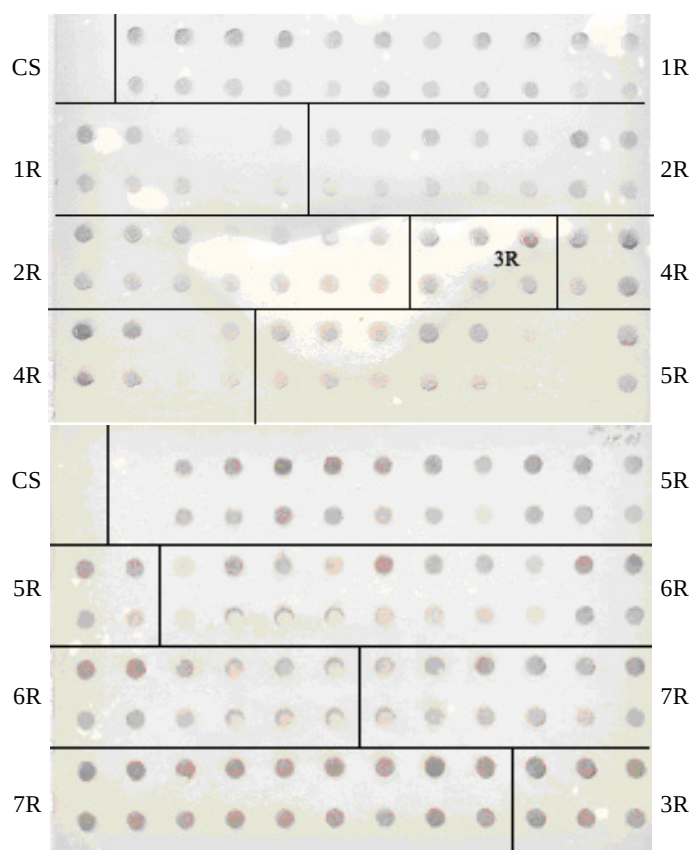
Rys. 1. Wyniki powielania DNA odmian żyta i pszenicy przy użyciu starterów flankujących sekwencje repetytywne żyta. 1 — Dańkowskie Złote, 2 — Amilo, 3 — Chinese Spring, 4 — Korweta. M — wzorzec wielkości DNA (ilość par zasad), linie 1–4: starter 1 (5'AAGCTTTAGCATGATCCTT^{3'}), linie 1'–4': starter 2 (5'GTTATTTAGAGTAACTTAAG^{3'}), linie 1''–4'': startery 1+2

Fig. 1. Amplification of DNA of varieties of rye and wheat using primers flanking disperse repetitive sequence of rye. 1 — Dańkowskie Złote, 2 — Amilo, 3 — Chinese Spring, 4 — Korweta. M-DNA size marker, lines 1–4: primer 1 (5'AAGCTTTAGCATGATCCTT^{3'}), lines 1'–4': primer 2 (5'GTTATTTAGAGTAACTTAAG^{3'}), lines 1''–4'': primers 1 + 2

Z dwóch takich fragmentów utworzono sondy molekularne specyficzne dla tego gatunku. Przy użyciu obu sond przeprowadzono hybrydyzacje do DNA 141 pojedynczych siewek obu zestawów linii addycyjnych pszenicy. Wyniki hybrydyzacji przy użyciu obu sond były identyczne lub bardzo podobne (rys. 2, 3). W przypadku pszenicy Chinese Spring z chromosomami żyta Blanco u części roślin brak sygnału hybrydyzacyjnego (jak w próbie pszenicy Chinese Spring) lub słaby sygnał hybrydyzacyjny wskazywał na całkowitą lub częściową utratę chromosomów żyta. Analiza ta umożliwiła dobór do badania chromosomowej lokalizacji markerów zestawu DNA z pojedynczych roślin, u których wyniki hybrydyzacji potwierdzają obecność chromosomów żyta.



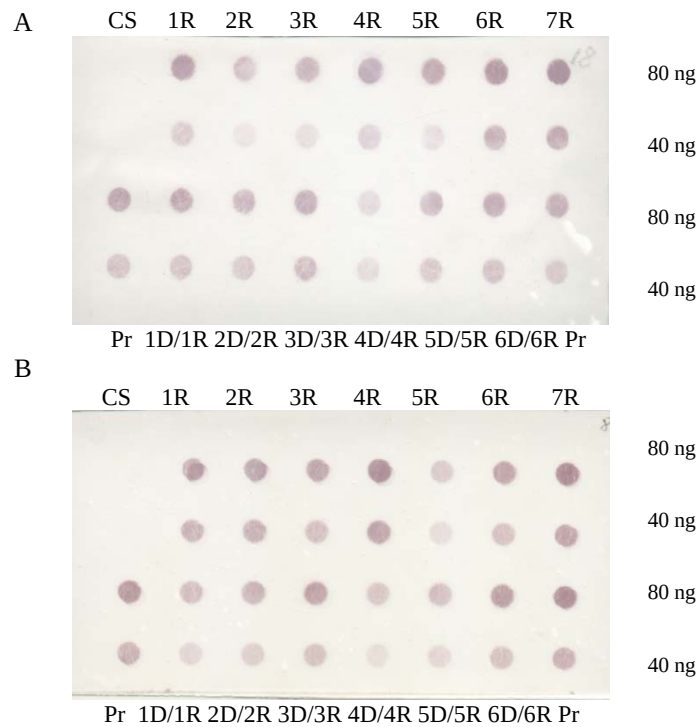
Rys. 2. Wyniki hybrydyzacji DNA pojedynczych siewek linii addycyjnych pszenicy Chinese Spring z chromosomami żyta Blanco (CS/B) z charakterystyczną dla żyta sondą A
Fig. 2. The results of hybridization of DNA of single seedlings wheat-rye addition lines (CS/Blanco) using rye specific probe A



Rys. 3. Wyniki hybrydyzacji DNA pojedynczych siewek linii addycyjnych pszenicy Chinese Spring z chromosomami żyta Blanco (CS/B) z charakterystyczną dla żyta sondą B
Fig. 3. The results of hybridization of DNA of single seedlings wheat-rye addition lines (CS/Blanco) using rye specific probe B

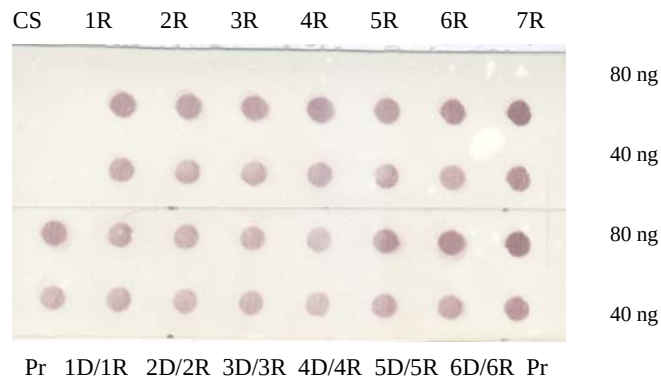
Zastosowanie w tych badaniach drugiego zestawu linii addycyjnych (pszenica Grana z chromosomami Dańkowskie Złote) nie było możliwe, gdyż w przeciwieństwie do Chinese Spring, DNA pszenicy Grana hybrydyzuje z większością sond z taką samą intensywnością sygnału jak wyprowadzony z niej zestaw linii addycyjnych (dane nie prezentowane). Stąd, za celowe uznano włączenie do badań nad chromosomową lokalizacją markerów zestawu linii substytucyjnych pszenżyta Presto, mimo że posiadany zestaw jest niepełny (brak substytucji 7D/7R).

Przeprowadzone dotychczas doświadczenia z zastosowaniem 18 sond utworzonych z fragmentów DNA różnicujących tolerancyjne i wrażliwe formy (linie i segreganty F_2 żyta) wykazały w czterech przypadkach wyraźny wzrost intensywności hybrydyzacji sond z linią addycyjną zawierającą chromosomy 4R przy jednoczesnym osłabieniu hybrydyzacji do DNA linii substytucyjnej pszenżyta 4D/4R. Przykłady działania dwóch takich sond przedstawia rysunek 4.



Rys. 4. Wyniki hybrydyzacji sond utworzonych z fragmentów DNA o ciężarze 627 par zasad (A) i 990 par zasad (B), wyizolowanych z tolerancyjnych form żyta

Fig. 4. The results of hybridization of DNA probes prepared from fragments 627 bp (A), 990 bp (B), specific for tolerant form of rye



Rys. 5. Wynik hybrydyzacji sondy utworzonej z fragmentu DNA o ciężarze 686 par zasad wyizolowanym z tolerancyjnych form żyta

Fig. 5. The result of hybridization of DNA probe prepared from fragment 686 bp specific for tolerant form of rye

W przypadku pozostałych sond wyniki są niejednoznaczne, co wskazuje, że wyizolowane fragmenty nie są unikalne. W większości przypadków nie obserwuje się różnic w intensywności sygnału hybrydizacyjnego sond do DNA zestawu linii addycyjnych i substytucyjnych (rys. 5). W niektórych przypadkach zróżnicowanie sygnału obserwowano tylko w liniach addycyjnych lub też różnice w intensywności sygnału do DNA linii addycyjnych i linii substytucyjnych nie były ze sobą zgodne.

DYSKUSJA

Zastosowanie linii addycyjnych pszenicy stwarza możliwość przypisania potencjalnych markerów tolerancyjności do określonych chromosomów żyta. Głównym problemem tych badań jest nietrwałość addycji objawiająca się skłonnością do utraty chromosomów żyta. Stąd konieczna okazała się weryfikacja posiadanych materiałów. Weryfikację taką przeprowadza się zwykle metodami cytologicznymi (Łukaszewski, 1988). Przedstawiona praca wskazuje, że po namnożeniu materiału obecność obcych chromosomów w pszenicy można stosunkowo szybko potwierdzić metodą hybrydizacji przy użyciu sond charakterystycznych dla żyta. Wyniki hybrydizacji przy użyciu dwóch różnych sond były bardzo zbieżne i umożliwiły wybór do doświadczeń pojedynczych roślin z potwierdzoną obecnością chromosomów żytnich. Do badań tych wybrano DNA tych roślin, które z dwiema sondami charakteryzującymi żyto wykazywały silny i podobny sygnał hybrydizacyjny. Badany materiał tj. linie addycyjne pszenicy jest również interesujący z tego względu, że wyniki hybrydizacji wykazały całkowitą utratę chromosomów żytnich u nielicznych roślin. Znaczna liczba badanych roślin wykazywała słaby sygnał hybrydizacyjny z sondami żytnimi, co sugeruje obecność niewielkich fragmentów chromosomów żyta.

Metoda zastosowana do weryfikacji obecności chromosomów żyta w liniach addycyjnych została zastosowana do lokalizacji fragmentów DNA powielonych techniką PCR na chromosomach żyta.

Obecność DNA charakterystycznego dla żyta w genomie pszenicy Grana uniemożliwił zastosowanie tego zestawu do badań związanych z chromosomową lokalizacją markerów tolerancyjności. Przydatny w tych badaniach okazał się natomiast zestaw linii substytucyjnych pszenżyta. Brak miejsc komplementarnych do badanej sondy wynikający z zastąpienia chromosomów żyta chromosomami genomu D pszenicy powodował wyraźne obniżenie intensywności sygnału hybrydizacyjnego.

Wszystkie sondy molekularne utworzone z wyizolowanych fragmentów nie hybrydizowały z DNA pszenicy Chinese Spring. Zastosowanie nadmiaru specyficznego czynnika blokującego jest niezbędne w badaniach z zastosowaniem sond utworzonych z całkowitego DNA pokrewnego gatunku (Ananthawat-Jonsson i in., 1990; Rafalski i in., 2000). Znaczny nadmiar nieznakowanego DNA pszenicy Chinese Spring w buforze hybrydizacyjnym skutecznie blokował również hybrydizację sond otrzymanych z żyta.

Lokalizacja czterech fragmentów DNA charakteryzujących formy tolerancyjne na 4 chromosomie żyta jest zgodna z ostatnio uzyskanymi danymi. Badania przeprowadzone

przy zastosowaniu techniki AFLP wskazują, że w życie główny gen lub geny tolerancyjności zlokalizowane są na chromosomie 4R (Miftahudin i in., 2002).

Większość analizowanych fragmentów nie wykazywała jednoznacznej tendencji do hybrydyzacji z określonymi chromosomami, mimo że w sposób wyraźny różnicowały tolerancyjne i wrażliwe na glin linie żyta. Chromosomy żyta w stosowanym zestawie linii addycyjnych pochodzą jednak z odmiany, która nie była obiektem analizy tolerancyjności i identyfikacji markerów. Odmiana ta, jak również żytni genom pszenżyta Presto, może wykazywać znaczne różnice wewnątrzgatunkowe w stosunku do badanych przez nas linii.

Analizowane fragmenty DNA izolowane były po rozdziale produktów PCR na żelu agarozowym. Jakkolwiek w warunkach takiego rozdziału elektroforetycznego wykazują one jednorodność, to ograniczona rozdzielczość metody powoduje możliwość heterogenności wyizolowanych fragmentów. Możliwość sprawdzenia jednorodności analizowanego fragmentu stwarza zastosowanie analizy restrykcyjnej metodą CAPS (cleaved amplified polymorphic sequences; Konieczny i Ausubel, 1993).

WNIOSKI

1. Metoda hybrydyzacji DNA-DNA okazała się użyteczna zarówno do weryfikacji obecności chromosomów żytnich w zestawie linii addycyjnych, jak również do lokalizacji powielonych fragmentów DNA na chromosomach żyta.
2. Wstępne wyniki wskazują, że cztery fragmenty DNA wyizolowane z form tolerancyjnych zlokalizowane są na czwartym chromosomie żyta.

LITERATURA

- Anamthawat-Jonsson K., Schwarzacher T., Leitch A. R., Bennett M. D., Heslop-Harrison J. S. 1990. Discrimination between closely related *Triticeae* species using genomic DNA as a probe. *Theor. Appl. Genet.* 79: 721 — 728.
- Anioł A. 1981. Metody określania tolerancyjności zbóż na toksyczne działanie jonów glinu. *Biul. IHAR* 143: 3 — 14.
- Davis L. G., Dibner M. D., Battey J. F. 1986. *Basic methods in molecular biology*. Elsevier Sci. Publ., New York: 42 — 43.
- Gallego F. J., Lopez-Solanilla E., Figueiras A. M., Benito C. 1998. Chromosomal location of PCR fragments as a source of DNA markers linked to aluminium tolerance genes in rye. *Theor. Appl. Genet.* 96: 426 — 434.
- Konieczny A., Ausubel F. A. 1993. A procedure for mapping *Arabidopsis* mutations using co-dominant ecotype-specific PCR-based markers. *The Plant Journal* 4: 403 — 410.
- Łukaszewski A. J. 1988. A comparison of several approaches in the development of disomic alien addition lines of wheat. *Proc. 7th Int. Wheat Genet. Symp.* Cambridge, England: 363 — 367.
- Metzlaff M., Troebner W., Baldauf F., Schlegel R., Cullum J. 1986. Wheat specific repetitive DNA sequences — construction and characterisation of four different genomic clones. *Theor. Appl. Genet.* 72: 207 — 210.
- Michmore R. W., Paran I., Kessell R. V. 1991. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88: 9828 — 9832.
- Miftahudin, Scoles G. J., Gustafson, J. P. 2002. AFLP markers tightly linked to the aluminium-tolerance gene *Alt3* in rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 104: 626 — 631.
- Rafalski A., Wiśniewska I., Anioł A. 1996. Screening for molecular markers of aluminium tolerance in rye. *J. Appl. Genet.* 37A: 79 — 81.

- Rafalski A., Wiśniewska I., Sikora T., Łapiński B. 2000. Molecular probes for detection of wheat chromosomal fragments in rye. *Plant Breeding and Seed Science* 44: 27 — 38.
- Rafalski A., Madej L., Wiśniewska I., Gaweł M. 2002. The genetic diversity of components of rye hybrids. *Cell. Mol. Biol. Lett.* 7: 471 — 475.
- Rogowsky P. M., Shepard K. W., Langridge P. 1992. Polymerase chain reaction mapping of rye involving repeated DNA sequences. *Genome* 35: 621 — 626.
- Saiki R. K., Scharf S., Faloona F., Mullis K. B., Horn G. T., Erlich H. A., Arnheim N. 1985. Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction analysis of sickle-cell anemia. *Science* 230: 1350 — 1354.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**ANDRZEJ BICHONSKI**

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Zastosowanie analizy ścieżek do oceny współzależności między wybranymi cechami jęczmienia jarego browarnego

A path coefficient analysis to estimate the relations of some traits in spring brewery barley

Wykonano analizę ścieżkową na podstawie korelacji genotypowych pomiędzy ekstraktem mąki a 6 cechami: celnością ziarna, białkiem słodu, kruchością słodu, lepkością brzeczki, siłą diastatyczną, odfermentowaniem brzeczki. Materiałem badawczym było ziarno jęczmienia jarego browarnego z 3 serii doświadczeń; kolekcji jęczmienia jarego browarnego, przedwstępnych i wstępnych przeprowadzonych w latach 1996–1998. Stwierdzono wysoce istotne, dodatnie współczynniki korelacji genotypowej oraz wysoce istotne dodatnie bezpośrednie efekty pomiędzy ekstraktem mąki a kruchością słodu w 3 badanych seriach jęczmienia jarego browarnego. Okazało się również, że kruchość słodu pośrednio wpływa na zawartość białka w słodzie. Według przeprowadzonej analizy ścieżkowej cecha kruchości słodu określająca stopień rozluźnienia słodu może być ważną cechą przydatną do celów selekcyjnych rodów jęczmienia browarnego.

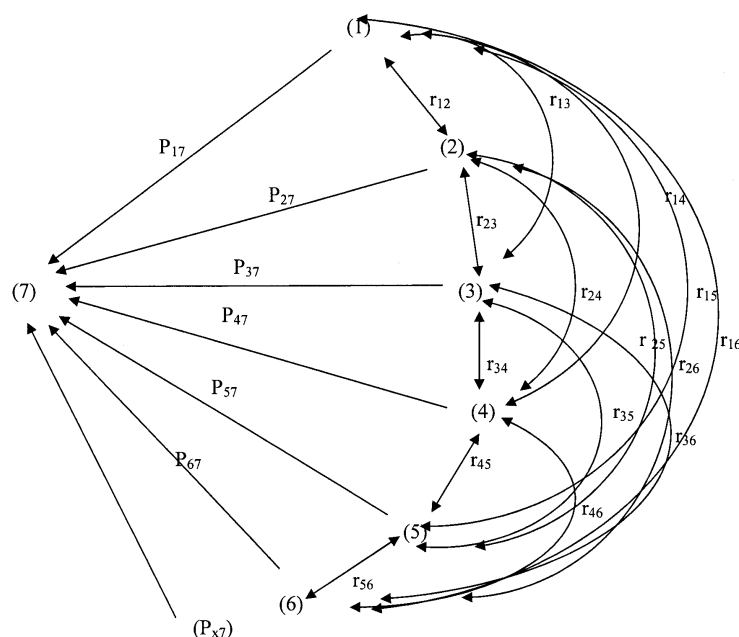
Słowa kluczowe: analiza ścieżkowa, cechy jakości browarnej, jęczmień jary browarny

A path coefficient analysis based on the genotypic correlation between fine grain extract and 6 traits: grain filling, protein content of malt, malt friability, wort viscosity, diastatic power and fermentability in spring brewery barley was done. The investigated material was the grain from 3 series of experiments: barley collection, first preliminary trials and second preliminary trials, performed in the years 1996–1998. Highly significant positive coefficients of genotypic correlation as well as highly significant direct effects between fine grain extract and malt friability were found. Malt friability in the examined samples, excepting those from the collection, had indirect effects on protein content of malt. The path analysis showed that malt friability may be considered as a useful trait in selecting valuable lines of spring brewery barley.

Key words: brewing traits, spring brewery barley, path analysis

WSTĘP

Oczekiwania oraz potrzeby odbiorców jęczmienia jarego browarnego w stosunku do producentów i hodowców jęczmienia narzucają bardzo rygorystyczne normy jakościowe partiom ziarna oferowanych w handlu i wykorzystywanym do słodowania, a następnie wytwarzania piwa (Kowalska i in., 1998; 1992; 2000; Bichoński i in., 2000). Dlatego ocenę wartości browarnej materiałów hodowlanych ziarna jęczmienia jarego browarnego przeprowadza się w oparciu o dokładne analizy, które obejmują 11 cech; masę 1000 ziaren, celność ziarna, procentową zawartość białka w ziarnie i w słodzie, zawartość białka rozpuszczalnego, liczbę Kolbacha, ekstrakt mąki, kruchość słodu, lepkość brzeczki, siłę diastatyczną i odfermentowanie brzeczki (Edney i in., 1996; Kowalska i in., 1973).



Współczynniki ścieżek obliczono z następującego układu równań (Dewey i Lu (1959))

The path coefficient were obtained by the following equations

$$1. r_{17} = P_{17} + r_{12}P_{27} + r_{13}P_{37} + r_{14}P_{47} + r_{15}P_{57} + r_{16}P_{67}$$

$$2. r_{27} = P_{27} + r_{12}P_{17} + r_{23}P_{37} + r_{24}P_{47} + r_{25}P_{57} + r_{26}P_{67}$$

$$3. r_{37} = P_{37} + r_{13}P_{17} + r_{23}P_{27} + r_{34}P_{47} + r_{35}P_{57} + r_{36}P_{67}$$

$$4. r_{47} = P_{47} + r_{14}P_{17} + r_{24}P_{27} + r_{34}P_{37} + r_{45}P_{57} + r_{46}P_{67}$$

$$5. r_{57} = P_{57} + r_{15}P_{17} + r_{25}P_{27} + r_{35}P_{37} + r_{45}P_{47} + r_{56}P_{67}$$

$$6. r_{67} = P_{67} + r_{16}P_{17} + r_{26}P_{27} + r_{36}P_{37} + r_{46}P_{47} + r_{56}P_{57}$$

$$1 = P_{x7} - P_{17}^2 - P_{27}^2 - P_{37}^2 - P_{47}^2 - P_{57}^2 - P_{67}^2 + 2P_{17}r_{12}P_{27} + 2P_{17}r_{13}P_{37} + 2P_{17}r_{14}P_{47} + 2P_{17}r_{15}P_{57} + 2P_{17}r_{16}P_{67} + 2P_{27}r_{23}P_{37} + 2P_{27}r_{24}P_{47} + 2P_{27}r_{25}P_{57} + 2P_{27}r_{26}P_{67} + 2P_{37}r_{34}P_{47} + 2P_{37}r_{35}P_{57} + 2P_{37}r_{36}P_{67} + 2P_{47}r_{45}P_{57} + 2P_{47}r_{46}P_{67} + 2P_{57}r_{56}P_{67}$$

P_{x7} — Efekt resztowy; Residual factors

Rys. 1. Diagram zależności i współzależności między cechami browarnymi (1–6) a ekstraktem mąki (7) jęczmienia jarego

Fig. 1. Path diagram for the independent brewing traits (1–6) and fine grain extract (7), the dependent character of the spring barley

Cechy te pozostają ze sobą w ścisłych związkach, których naruszenie w procesie hodowlanym może spowodować przekroczenie norm jakościowych a zatem pozbawienie cech browarnych wyhodowanego jęczmienia (Węgrzyn i in., 1982; Bichoński i in., 2000; Thomas i in., 1985). Przeprowadzone badania (Węgrzyn i in., 1982; Bichoński i in., 2000) wskazują na silne korelacje pomiędzy badanymi cechami. Niektóre z nich są również silnie uwarunkowane genetycznie (Węgrzyn i Bichoński, 2001), ale ich wpływ na jakość browarną jest nierównomierny (Molina-Cano, 1987). Spośród 11 badanych cech najważniejszą wskaźnikową cechą jakości browarnej jest ekstrakt mąki, a następnie; celność ziarna, białko słodu, kruchość słodu, lepkość brzeczki, siła diastatyczna i odfermentowanie brzeczki. Przyjęto założenie, że pomiędzy tymi cechami występują silne związki przyczynowo-skutkowe i współzależności. Zostały one przedstawione na wykresie zwanym diagramem ścieżek (rys. 1), za pomocą strzałki idącej od zmiennej objaśniającej (przyczynowej) do zmiennej objaśnianej (skutkowej) (Śmiałowski, 2002). Stosownie do założenia do zbadania związków przyczynowo-skutkowych między cechami pozostającymi w związkach biologicznych zastosowano jedną z metod statystycznych, którą jest analiza ścieżkowa. W oparciu o tą metodę wykonano badania, których celem była ocena wzajemnego związku oraz wpływu skorelowanych cech (6 zmiennych objaśniających; (1) celnością ziarna, (2) białkiem słodu, (3) kruchością słodu, (4) lepkością brzeczki, (5) siłą diastatyczną, (6) odfermentowaniem brzeczki) na cechą objaśnianą (7) ekstrakt mąki) (rys. 1), otrzymanych w wyniku oceny laboratoryjnej ziarna jęczmienia badanego w 3 seriach doświadczeń; kolekcji jęczmienia jarego browarnego, przedwstępnych i wstępnych. Ponieważ w polskiej literaturze naukowej nie są znane publikacje opisujące analizę ścieżkową w oparciu o wyniki analiz otrzymanych z polskich materiałów jęczmienia browarnego niniejsza praca uzupełnia tę lukę.

MATERIAŁ I METODY

Założenia statystyczne metody współczynników ścieżek dla metod genetycznych opracował Wright w 1921 roku, a w hodowli roślin jako pierwszy zastosował Dewey i Lu (1959). W Polsce przykłady zastosowań metody współczynników ścieżek Wrighta podaje Żuk (1966). Analizę ścieżkową w układach przyczynowo-skutkowych opisał w swojej pracy Konys i wsp. (1984). Autorzy innych badań (Binek, 1983; Kadłubiec i in., 1983; Jedyński, 2001; Gołaszewski i in., 1993; 1996; Mądry i in., 1995; Węgrzyn i in., 1996) przeprowadzali analizę skutkowo-przyczynową wykorzystując współczynniki korelacji fenotypowych. Dewey i wsp. (1959); Sidwell i wsp. (1976); Johnson i wsp. (1983); Śmiałowski (2002) przeprowadzili analizę ścieżkową w oparciu o genotypowe współczynniki korelacji. Przytoczone prace pomijają jednak informacje dotyczące współzależności cech u jęczmienia jarego browarnego. W niniejszej pracy w analizie ścieżkowej rozpatrzono wpływ bezpośredni poszczególnych zmiennych przyczynowych ($X_1, X_2, \dots, X_n$ — celność, białko itd.) na zmienną skutkową (Y — ekstrakt mąki), a także wpływ pośredni każdej z nich przez pozostałe zmienne przyczynowe (Mądry i Rozbicki, 1995). W sumie efekt bezpośredni danej zmiennej tzw. ścieżka prosta oraz efekty pośrednie tzw. ścieżki

złożone składają się na strukturę korelacji danej cechy z cechą wynikową (Gołaszewski, 1996).

Do naszych badań wykorzystano współczynniki korelacji genotypowych obliczonych pomiędzy wybranymi cechami jakości browarnej otrzymanymi w wyniku przeprowadzenia analiz 3 serii doświadczeń; kolekcji, przedwstępnych i wstępnych w 3 latach 1996–1998 i w 3 miejscowościach. Materiał badawczy i metodykę oraz wyniki opisano w pracy Bichońskiego i wsp. (2000).

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono średnie wartości cech, zakresy zmienności i współczynniki zmienności. Największą zmiennością charakteryzowała się aktywność enzymów amylolitycznych słodu (> 20% CV). Dla pozostałych cech, tj. zawartości białka w słodzie, kruchości słodu, ostatecznego stopnia odfermentowania brzeczki, celności ziarna i ekstraktu mąki stwierdzono niskie wartości współczynników zmienności, poniżej CV 10%, co było spowodowane małą różnicą genetyczną badanych materiałów (Bichoński i in., 2000). Na to niepokojące zjawisko występujące u jęczmienia browarnego szczególnie zwraca uwagę Kowalska i wsp. (2000).

Tabela 1

Średnie wartości, zakresy cech i współczynniki zmienności dla wybranych cech browarnych jęczmienia jarego

Mean values, ranges and coefficient of variability for selected traits of brewery spring barley

Cechy Traits	Kolekcja jęczmienia browarnego Spring barley collection				Przedwstępne doświadczenie First preliminary trials				Wstępne doświadczenie Second preliminary trials			
	$\bar{X}$	min	max	CV (%)	$\bar{X}$	min	max	CV (%)	$\bar{X}$	min	max	CV (%)
Celność ziarna Grain filling	89,9	26,7	99,2	10,4	92,9	32,7	99,9	7,9	91,8	68,2	100,0	7,6
Białko słodu Malt protein	11,6	8,5	15,9	4,2	10,9	8,0	14,2	7,9	11,6	7,8	14,7	3,8
Kruchość słodu Malt friability	68,2	52,8	86,0	7,2	81,6	45,2	97,6	8,5	73,1	43,0	91,0	8,6
Lepkość brzeczki Wort viscosity	1,5	1,4	1,8	3,2	1,5	1,36	1,9	4,1	1,5	1,37	2,0	2,8
Siła diastatyczna Diastatic power	391	206	620	26,4	343	117	576	24,5	336	152	533	20,6
Odfermentowanie Fermentability	81,1	75,4	88,4	9,6	80	68,2	86,4	3,2	80,4	73,8	85,3	2,8
Ekstrakt mąki Fine grid extract	82,4	75,9	86,0	2,14	81,6	70,1	85,9	2,9	80,8	76,9	85,0	1,4

Zatem zachodzi pilna potrzeba poszukiwania nowych źródeł zmienności w celu uzyskania rodów charakteryzujących się lepszymi wartościami tego ważnego parametru.

W tabeli 2 przedstawiono fenotypowe i genotypowe współczynniki korelacji pomiędzy wybranymi 6 cechami jakości browarnej a ekstraktem mąki. Pomimo niskiej zmienności badanych cech odnotowano wysoce istotnie zarówno dodatnie korelacje fenotypowe i genotypowe pomiędzy kruchością słodu i odfermentowaniem a ekstraktem mąki, jak

i ujemne pomiędzy zawartością białka w słodzie, lepkością brzeczki a ekstraktem mąki (tab. 2). Podobne ujemne zależności między ekstraktywnością a zawartością białka w ziarnie jęczmienia czy słodzie zaobserwowali również: Kowalska i Ruśniak (1973), Węgrzyn i wsp. (1982). Opisane właściwości dla takich cech, jak ekstraktywność siodu i rozpuszczalność substancji białkowych są ważne dla jakości piwa, ponieważ cechy te mają wpływ na barwę piwa i właściwości piany piwa (Edney i in., 1996; Kowalska, Ruśniak, 1973).

Tabela 2

Współczynniki korelacji fenotypowych (rP) i genotypowych (rG) pomiędzy wybranymi 6 cechami jakości browarnej a ekstraktem mąki w doświadczeniach z rodami w kolekcji, przedwstępnych i wstępnych w latach 1996–1998

Phenotypic (rP) and genotypic (rG) correlation of the 6 traits of brewing quality and fine grain extract in spring barley collection and first and second preliminary trials in 1996–1998

Cechy Traits	Współczynniki korelacji pomiędzy cechami a ekstraktem mąki Correlation coefficient for traits and fine grain extract					
	kolekcja collection		przedwstępne first preliminary trials		wstępne second preliminary trials	
	rP	rG	rP	RG	rP	RG
Celność ziarna Grain filling	0,24	0,33	-0,12	0,36**	0,15	0,20
Białko siodu Malt protein	-0,41*	-0,67**	-0,18	-0,66**	-0,41**	-0,63**
Kruchość siodu Malt friability	0,56**	0,79**	0,56**	0,70**	0,56**	0,71**
Lepkość brzeczki Wort viscosity	-0,24	-0,39*	-0,01	-0,24*	-0,05	-0,54**
Siła diastatyczna Diastatic power	-0,02	-0,03	0,02	0,07	0,08	0,10
Odfermentowanie Fermentability	0,08	0,56**	0,06	0,21*	0,23	0,37*

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

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

W celu wyjaśnienia wzajemnych zależności ważnych dla jakości piwa cech przeprowadzono w oparciu o współczynniki korelacji genotypowych analizę ścieżkową dla form badanych w kolekcji jęczmienia (tab. 3) w doświadczeniu przedwstępnym (tab. 4) i wstępnym (tab. 5). Analiza ścieżkowa dla kolekcji (tab. 3) wykazała, że istotnej korelacji pomiędzy celnością ziarna a ekstraktem mąki ($rG = 0,330^*$) odpowiada wysoce istotny efekt bezpośredniego działania (odpowiednio $P_{17} = 0,584^{**}$). Również wysoce istotna korelacja pomiędzy białkiem siodu i ekstraktem mąki ($rG = -0,670^{**}$) uwarunkowana jest wysoce istotnym efektem bezpośrednim ($P_{27} = -0,722^{**}$). Oznacza to, że w kolekcji celność ziarna i białko siodu w silny bezpośredni sposób wpływała na wartość ekstraktu mąki. Zależność ta nie była maskowana przez efekty pośrednie innych cech. Analiza ścieżkowa kolejnej wysoce istotnej korelacji pomiędzy kruchością siodu a ekstraktem mąki ($rG = 0,790^{**}$) ujawniła, że zależność ta wynikała głównie z silniejszego wpływu pośredniego białka siodu ($P_{r27P37} = 0,433$), podobnie silna korelacja pomiędzy odfermentowaniem brzeczki a ekstraktem mąki ($rG = 0,560^{**}$) uwarunkowana

była również silniejszym wpływem pośrednim białka słodu ($P_{r26P27} = 0,462$) (tab. 3). Reasumując; w kolekcji rodów browarnych ekstrakt mąki w sposób bezpośredni nie maskowany innymi cechami związany był z poziomem białka w słodzie i celnością ziarna. Przedstawiona analiza regresji R^2 wyjaśniła 43,4%% zmienności ekstraktu mąki wywołanej 6 współzależnymi cechami jakościowymi.

Tabela 3

Efekty bezpośredniego i pośredniego wpływu 6 cech jakości browarnej jęczmienia jarego na ekstrakt mąki oraz współczynniki korelacji genotypowej w kolekcji jęczmienia jarego browarnego w latach 1996–1998

Direct and indirect effects the 6 traits determining brewing quality in spring barley on fine grain extract and correlation coefficients in the collection of barley in 1996–1998

Cechy Traits	Efekty bezpośrednie między cechami a ekstraktem mąki Direct effects of the traits on fine grain extract	Efekty pośrednie pomiędzy 6 cechami a ekstraktem mąki Indirect effects of traits on fine grain extract						(rG) między cechami a ekstraktem mąki (rG) between traits and fine grain extract
		1	2	3	4	5	6	
Celność ziarna Grain filling	0,584**	—	-0,20	0,007	-0,03	-0,024	-0,004	0,33*
Białko słodu Malt protein	-0,722**	0,166	—	-0,11	-0,028	0,063	-0,035	-0,67**
Kruchość słodu Malt friability	0,189	0,023	0,433	—	0,129	0,018	0,0001	0,79**
Lepkość brzezki Wort viscosity	-0,13	0,134	-0,152	-0,180	—	-0,04	-0,12	-0,39*
Siła diastatyczna Diastatic power	0,203	-0,07	-0,224	0,017	0,29	—	0,015	0,03
Odfermentowanie Fermentability	0,055	-0,047	0,462	0,0002	0,035	0,055	—	0,56**

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

*, ** Significant at $P = 0,05$ and $P = 0,01$, respectively

Efekt resztowy (P_{x7}) = 0,567

Residual factor

W tabeli 4 przedstawiono analizę ścieżkową przeprowadzoną dla rodów badanych w doświadczeniach przedwstępnych. Stwierdzono wysoce istotny ujemny współczynnik korelacji pomiędzy białkiem słodu a ekstraktem mąki ($rG = -0,630^{**}$), natomiast niski okazał się bezpośredni efekt pomiędzy tymi cechami ($P_{27} = -0,250^*$). Z powyższym efektem bezpośrednim sumował się stosunkowo silny pośredni wpływ kruchości słodu $P_{r23P37} = -0,472$, co w końcowym efekcie dawało wysoce istotny współczynnik korelacji pomiędzy białkiem słodu a ekstraktem mąki (tab. 4). Inny wysoce istotny współczynnik korelacji ($rG = 0,710^{**}$) pomiędzy kruchością słodu a ekstraktem mąki był silnie uwarunkowany tylko efektem bezpośrednim ($P_{37} = 0,657^{**}$ (tab. 4). Nie wzmacniały i nie osłabiały tej korelacji inne pośrednie efekty badanych cech. W przypadku kolejnej istotnej, ale słabej dodatniej korelacji pomiędzy odfermentowaniem a ekstraktem mąki ($rG = 0,370^*$) bezpośredni efekt działania okazał się nieznaczny ($P_{67} = -0,158$) (tab. 4). Analiza ścieżkowa ujawniła, że dodatni współczynnik korelacji pomiędzy odfermentowaniem a ekstraktem mąki wynikał głównie z silniejszego pośredniego wpływu kruchości słodu

$P_{r36P37} = 0,434$). Przeprowadzona analiza regresji R^2 wyjaśniła 85,0% obserwowanej zmienności ekstraktu mąki wywołanej współzależnością 6 badanych cech jakościowych jęczmienia jarego.

Tabela 4

Efekty bezpośredniego i pośredniego wpływu 6 cech jakości browarnej jęczmienia jarego na ekstrakt mąki oraz współczynniki korelacji genotypowej w doświadczeniach przedwstępnych jęczmienia jarego browarnego w latach 1996–1998

Direct and indirect effects the 6 traits determining brewing quality in spring barley on fine grain extract and correlation coefficients in first preliminary trials in 1996–1998

Cechy Traits	Efekty bezpośrednie pomiędzy 6 cechami a ekstraktem mąki Direct effects of traits on fine grain extract	Efekty pośrednie pomiędzy cechami a ekstraktem mąki Indirect effects of traits on fine grain extract						(rG) pomiędzy cechami a ekstraktem (rG) between traits and fine grain extract
		1	2	3	4	5	6	
Celność ziarna Grain filling	0,209*	—	-0,058	-0,053	-0,008	-0,033	0,036	0,200
Białko słodu Malt protein	-0,250*	0,048	—	-0,427	-0,002	-0,027	0,027	-0,630**
Kruchość słodu Malt friability	0,657**	0,017	0,136	—	0,017	-0,039	-0,104	0,710**
Lepkość brzeczki Wort viscosity	-0,033	0,050	-0,013	-0,342	—	0,085	0,133	-0,119
Siła diastatyczna Diastatic power	-0,157	0,044	-0,043	0,164	0,018	—	0,073	0,099
Odfermentowanie Fermentability	-0,158	-0,048	0,043	0,434	0,028	0,072	—	0,370*

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

*,** Significant at $P = 0,05$ and $P = 0,01$, respectively

Efekt resztowy (P_{x7}) = 0,404

Residual factor

W tabeli 5 przedstawiono analizę ścieżkową dla rodów jęczmienia badanych doświadczeniach wstępnych. Podobnie jak w serii 1 i 2 stwierdzono silną ujemną istotną korelację ($rG = -0,660^{**}$) pomiędzy białkiem słodu a ekstraktem mąki. Okazało się, że w tym przypadku wysoka korelacja pomiędzy białkiem słodu a ekstraktem mąki wynika z oddziaływania pośredniego efektu kruchości słodu ($P = r_{37P27} = -0,569$), który determinuje wysoką wartość korelacji pomiędzy białkiem słodu a ekstraktem mąki. Inny wysoce dodatni i istotny współczynnik korelacji pomiędzy kruchością słodu a ekstraktem mąki ($rG = 0,700^{**}$) jest uwarunkowany wysokim efektem bezpośrednim ($P_{37} = 0,875^{**}$). W tej samej serii doświadczeń wstępnych obserwujemy niski współczynnik korelacji pomiędzy celnością ziarna a ekstraktem mąki ($rG = 0,360^*$) (tab. 5). Analiza ścieżkowa ujawniła, że pomiędzy tymi cechami jednak istnieje silniejszy związek, na co wskazuje istotny wysoki efekt bezpośredni ($P_{17} = -0,488^{**}$). Podobne zjawisko wystąpiło w kolekcji (tab. 3). Zależności takiej nie obserwujemy w doświadczeniach przedwstępnych.

Tabela 5

Efekty bezpośredniego i pośredniego wpływu 6 cech jakości browarnej jęczmienia jarego na ekstrakt mąki oraz współczynniki korelacji genotypowej w wstępnych doświadczeniach jęczmienia jarego browarnego w latach 1996–1998

Direct and indirect effects the 6 traits determining brewing quality in spring barley on fine grain extract and correlation coefficients in second preliminary trials in 1996–1998

Cechy Traits	Efekty bezpośrednie pomiędzy 6 cechami a ekstraktem mąki Directs effects the traits on fine grid extract	Efekty pośrednie pomiędzy 6 cechami a ekstraktem mąki Indirect effects of traits on fine grain extract						(rG) między cechami a ekstraktem mąki (rG) between traits and fine grain extract
		1	2	3	4	5	6	
Celność ziarna Grain filling	-0,488**	—	-0,035	0,035	0,083	-0,001	0,046	-0,360**
Białko słodu Malt protein	-0,182	-0,093	—	-0,569	0,079	0,025	0,080	-0,660**
Kruchość słodu Malt friability	0,875**	-0,020	0,188	—	-0,199	0,029	-0,104	0,700**
Lepkość brzezki Wort viscosity	0,415	-0,098	-0,035	-0,420	—	-0,022	0,119	-0,050
Siła diastatyczna Diastatic power	0,133	0,005	-0,035	0,193	-0,100	—	-0,129	0,070
Odfermentowanie Fermentability	-0,221*	0,102	0,066	0,411	-0,224	0,076	—	0,201*
Współczynnik determinacji wielokrotnej liniowej $R^2 = 85,0\%$								
Multiple determination coefficient								

*, ** Istotne odpowiednio dla $P = 0,05$, $P = 0,01$

*, ** Significant at $P = 0,05$ and $P = 0,01$, respectively

Efekt resztowy (P_{x7}) = 0,141

Residual factor

Pomiędzy inną ważną zależnością odfermentowaniem brzezki a ekstraktem mąki w doświadczeniach wstępnych stwierdzamy dodatni, ale niski współczynnik korelacji ($rG = 0,201^*$) natomiast efekt bezpośredni jest ujemny ($P_{67} = -0,221$). Analiza otrzymanych wyników wskazuje, że ujemny efekt bezpośredni został zrekompensowany silnym pośrednim dodatnim wpływem kruchości słodu ($P_{36P67} = 0,411$) (tab. 5). Przedstawiona analiza regresji R^2 wyjaśniła tylko 59,6% zmienności ekstraktu mąki wywołanej współzależnością 6 badanych cech jakościowych jęczmienia jarego.

PODSUMOWANIE

1. Na podstawie analizy ścieżkowej współczynników korelacji genotypowych przeprowadzonych w oparciu o 7 cech jakości browarnej ziarna jęczmienia z wieloletnich doświadczeń z 3 seriami można stwierdzić, że istnieje silny związek przyczynowo-skutkowy pomiędzy ekstraktem mąki, kruchością słodu i białkiem słodu. Okazało się, że wysoce istotne współczynniki korelacji pomiędzy ekstraktem mąki a kruchością słodu są silnie wzmacniane przez bezpośrednie efekty (z wyjątkiem kolekcji). Zawartość białka w słodzie jest wysoce istotnie skorelowana z ekstraktem mąki i nie wykazała wysokich bezpośrednich efektów, natomiast jest w silny, ale pośredni sposób determinowana przez kruchość słodu (z wyjątkiem kolekcji). Zatem według

- przeprowadzonej analizy ścieżkowej cecha kruchości słoju określająca stopień rozluźnienia słoju może być ważną cechą przydatną do celów selekcyjnych. Prowadząc selekcję rodów browarnych w kierunku wyższej zawartości ekstraktu z mąki poprzez zwiększenie kruchości słoju należy się również liczyć z korzystnym pośrednim zmniejszeniem zawartości białka w słodzie, lub zmniejszając zawartość białka w słodzie w sposób pośredni zwiększamy rozluźnienie słoju i w konsekwencji zwiększymy wartość ekstraktu z mąki.
2. Pozostałe korelacje pomiędzy badanymi cechami, jeśli są wysoce istotne, na ogół charakteryzują się niskimi wartościami efektów bezpośrednich. Oznacza to, że nie jest możliwa selekcja pośrednia w kierunku zwiększenia zawartości ekstraktu mąki przy wykorzystaniu pozostałych badanych cech jakości browarnej jęczmienia jarego.
 3. Analiza ścieżkowa okazała się przydatna dla poznania zależności i współzależności pomiędzy cechami jakości browarnej jęczmienia jarego.

LITERATURA

- Bichoński A., Burek J. 2000. Wartość browarna i plonowanie rodów jęczmienia ozimego ocenianych w latach 1989–1998. Biul. IHAR 215: 153 — 160.
- Bichoński A., Burek J. 2000. Zmienność i współzależność pomiędzy wybranymi cechami jakościowymi jęczmienia ozimego browarnego. Biul. IHAR 215: 161 — 166.
- Binek A. 1983. Korelacja i analiza współczynników ścieżek pomiędzy cechami warunkującymi strukturę plonu nasion esparcety siewnej. PNR Zesz. Probl. 290: 112 — 124.
- Dewey D. R., Lu K. H. 1959. A correlation and path-coefficient analysis of components of created wheatgrass seed production. Agron. J.: 515 — 517.
- Edney M. J., Barley W., Henry R. J., Kettlewell P. S. 1996. Cereal grain quality. Chapman and Hall, London.
- Gołaszewski J., Koczowska I., Korona A., Idzkowska M. 1993. Metoda współczynników ścieżek w ocenie współzależności wybranych cech żyta ozimego i pszenżyta jarego. Zesz. Nauk. AR Wrocław. Nr 223: 157 — 163.
- Gołaszewski J., Puzio-Idzkowska M. 1996. Analiza ścieżkowa w ocenie współzależności niektórych komponentów plonu nasion grochopeluski. Biul. IHAR 200: 314 — 317.
- Jedyński S. 2001. Odziedziczalność i analiza ścieżkowa komponentów plonu pszenicy jarej. Biul. IHAR 218/219: 203 — 210.
- Johnson S. K., Helsel D. B., Frey K. J. 1983. Direct and indirect selection for grain yield in oat (*Avena sativa* L.). Euphytica 32, vol. 3: 407 — 413.
- Kadłubiec W., Jedyński S., Lonc W., Strugała J. 1989. Analiza ścieżek Wrighta komponentów plonu linii i mieszańców F₁ pszenicy ozimej. Zesz. Probl. PNR 382: 127 — 132.
- Konys L., Wiśniewski P. 1984. Analiza ścieżkowa w układach przyczynowo-skutkowych. Roczniki Akademii Rolniczej w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 11. ABS-102: 37 — 54.
- Kowalska M., Ruśniak L. 1973. Jęczmień dla przemysłu browarnego. PWRiL, Warszawa.
- Kowalska M., Zator J. 1992. Wartość browarna i gospodarcza jęczmienia ozimego w warunkach Polski. Biul. IHAR 181/182: 129 — 141.
- Kowalska M., Winiarski J. 1998. Wartość krajowych odmian i rodów jęczmienia jarego w porównaniu z odmianami zagranicznymi. Biul. IHAR 207: 35 — 49.
- Kowalska M., Winiarski J., Burek J. 1998. Wartość browarna i rolnicza zagranicznych odmian jęczmienia ozimego w warunkach Polski. Biul. IHAR 207: 51 — 62.
- Kowalska M., Bichoński A., Burek J. 2000. Wartość zagranicznych odmian jęczmienia browarnego w warunkach Polski w porównaniu z odmianami i rodami hodowli krajowej. Biul. IHAR 214: 115 — 127.
- Kowalska M., Bichoński A. 2000. Wartość browarna i plonowanie rodów jęczmienia jarego w ciągu 24 lat hodowli w Polsce. Biul. IHAR. 214: 129 — 142.

- Mądry W., Rozbicki J. 1995. Analiza współczynników ścieżek dla cech rozwijających się w trakcie ontogenezy oraz plonu ziarna pszenżyta ozimego. Roczniki Nauk Rolniczych Seria A t. III Z 3/ 4: 9 — 21.
- Molina-Cano J. L. 1987. The EBC barley and malt committee index for the evaluation of malting quality in barley and its use in breeding. Plant Breeding 98: 249 — 256.
- Sidwell. R. J., Smith E. L., McNew R. W. 1976. Inheritance and interrelationships of grain yield and selected yield-related traits in a hard red winter wheat cross. Crop. Sci. 16: 650 — 654.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2000. Zmienność i zależność oraz genetyczne uwarunkowania wybranych cech u odmian i rodów żyta ozimego. Biul. IHAR 216 (1): 61 — 68.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Zmienność i współzależność niektórych cech struktury plonu żyta ozimego. Biul. IHAR 216 (1): 401 — 408.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2002. Zastosowanie analizy współczynników ścieżek do oceny współzależności elementów struktury plonu żyta ozimego (*S. cereale* L.). Genetyka Ilościowa Roślin. Duszynki Zdrój. Mat. Konf.: 119 — 120.
- Thomas W. T. B., Tapsell C. R. 1985. Cross prediction studies on spring barley. Theor. Appl. Genet. 71: 550 — 555.
- Węgrzyn S., Kowalska M., Ruśniak L. 1982. Zmienność i genetyczne uwarunkowanie plonu oraz cech wartości browarnej jęczmienia jarego. Hod. Rośl. Aklim. 26, 1: 41 — 51.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T., Grochowski L. 1996. Zmienność i współzależność cech oraz ocena zjawisk genetycznych w kolekcji roboczej żyta ozimego 1977–1992. Biul. IHAR 200: 69 — 84.
- Winiarski J. 1998. Odziedziczalność wybranych cech wartości browarnej jęczmienia jarego. Biul. IHAR 207: 25 — 34.
- Żuk B. 1966. Metoda współczynników ścieżek Wrighta i jej niektóre zastosowania. Post. Nauk Rol. 3: 85 — 99.

ALICJA PECIO**ANDRZEJ BICHOŃSKI**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Stan odżywienia roślin azotem a plon i jakość browarna ziarna jęczmienia jarego

Relationships between plant nutrition with nitrogen and grain yield and malting quality in spring barley

Podstawę badań stanowiły wyniki ścisłych doświadczeń polowych z jęczmieniem jarym odm. Rudzik, przeprowadzonych w latach 1998–2000 w Zakładzie Doświadczalnym IUNG Grabów, woj. Mazowieckie. Stwierdzono istotny związek pomiędzy dawką nawożenia azotem i plonem ziarna jęczmienia oraz jego jakością browarną. Nawożenie w dawce $60 \text{ kg N} \cdot \text{ha}^{-1}$ powodowało istotny wzrost plonu ziarna w stosunku do obiektów nienawożonych o $1,4 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (o 37%), głównie na skutek zwiększenia liczby kłosów na jednostce powierzchni i liczby ziaren w kłosie. Jednocześnie zwiększała się zawartość białka w ziarnie, a zmniejszała się celność ziarna i ekstraktywność słodu. W miarę wzrostu jęczmienia, jak również pod wpływem zwiększających się dawek nawożenia azotem zwiększał się plon suchej masy roślin. W miarę przyrostu suchej masy zmniejszała się procentowa zawartość azotu. Rośliny nawożone większymi dawkami azotu charakteryzowały się większą zawartością azotu oraz wartościami wskaźników stanu odżywienia azotem NNI i SPAD. W celu skalibrowania testu SPAD określono jego związek z wartościami testu NNI. Stwierdzono, że dla jęczmienia browarnego odmiany Rudzik krytyczna zawartość chlorofilu w liściach, oceniana przy pomocy N — Testera HYDRO (ze skalą 0–800) w okresie od pełni krzewienia do fazy wydłużania pochwy liściowej wynosi ok. 465 jednostek SPAD. Przy takich odczytach SPAD jęczmień jest optymalnie odżywiony azotem, przyjmując stosowaną w browarnictwie normę zawartości białka w ziarnie. Krytyczna wartość SPAD dla uzyskania maksymalnego plonu ziarna jest nieznacznie większa i wynosi 474 jednostek.

Słowa kluczowe: jęczmień jary, plon ziarna, stan odżywienia azotem, wartość browarna

The work presents a significant influence of nitrogen fertilization on grain yield and quality of spring barley. Under soil conditions in the fields of the Experimental Station Grabów fertilization with 60 kg N/ha resulted in increasing the yield of barley grain by $1.4 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$ (37%), compared to the treatment with no nitrogen fertilization. This effect was mainly due to the greater number of spikes per area unit and the marked increase in a number of grains per spike. At the same time, the protein content of grain increased, whereas the grain filling and extractivity declined. The plants treated with high nitrogen doses were characterized by better nourishment with nitrogen, as shown by laboratory estimates for percentage of N in dry matter, NNI (Nitrogen Nutrition Index) and SPAD readings. For malting barley cv. Rudzik, a critical value for chlorophyll content estimated with N-tester HYDRO (scale 0–800) in the period between full tillering stage EC 25 and elongation of leaf sheath EC 41 was determined at the

level of about 465 SPAD units. According to the brewery norms, barley with such a value of SPAD is considered to be optimally nourished. The critical SPAD value to obtain the maximum grain yield is slightly higher (474 units).

Key words: grain yield, malting quality, nitrogen nutrition, spring barley

WSTĘP

Wielu autorów zwraca uwagę, że stosowanie dużych dawek azotu sprzyja uzyskaniu dużego plonu ziarna, ale nie zawsze wpływa korzystnie na jego jakość (Bulman i Smith 1993 b; Conry, 1995; Fathi i in., 1997; Garstang i Giltrap, 1990; Lauer i Partridge, 1990; Withers i Dyer, 1990). Wraz ze wzrostem dawki azotu zwiększa się zawartość białka w ziarnie i białek rozpuszczalnych, wolnego azotu aminowego, aktywność α - i β -amylazy oraz wzrasta siła diastatyczna słodu. Zmniejsza się natomiast celność ziarna oraz ekstraktywność słodu (Dudas, 1994 a, b; Eagles i in., 1995; Weston i in., 1993). Produktywność roślin jest związana z zawartością azotu w organach biorących udział w fotosyntezie (Marshall i Ellis, 1994). Dlatego też jako cel badań wyznaczono określenie wpływu nawożenia azotem na stan odżywienia roślin tym składnikiem oraz plon i wartość browarną ziarna jęczmienia.

MATERIAŁ I METODY

Ścisłe dwuczynnikowe doświadczenia polowe w układzie split-plot z jęczmieniem jarym odm. Rudzik przeprowadzono w ZD IUNG Grabów, woj. mazowieckie, w latach 1998–2000. Pierwszym czynnikiem była ilość wysiewu na ha: 2, 3, 4 i 5 mln ziaren, a drugi czynnik stanowiło nawożenie azotem: 0, 20, 40, 60 i 80 kg N·ha⁻¹ zastosowane jednorazowo przed siewem jęczmienia. Nawożenie fosforem i potasem było jednakowe na wszystkich obiektach. Fosfor stosowano w dawce 50 kg P₂O₅·ha⁻¹ w formie superfosfatu potrójnego, a potas w ilości 90 kg K₂O·ha⁻¹ w formie soli potasowej. Doświadczenia zakładano w stanowisku po ziemniaku na glebie kompleksu żyniego bardzo dobrego o średniej (ok. 60 kg N·ha⁻¹) zawartości azotu mineralnego w profilu glebowym 0–60 cm. Powierzchnia poletka do zbioru wynosiła 28,8 m². W okresie wegetacji notowano daty pojawiania się faz rozwojowych roślin według skali Zadoksa. Począwszy od fazy krzewienia (EC 25–30) do początku fazy dojrzałości woskowej w odstępach 7 dniowych pobierano próbki roślin z 1 m² w dwóch miejscach na każdym poletku. W każdym terminie pobierania próbek określano plon suchej masy w tonach z ha i oznaczano zawartość azotu ogólnego metodą Kiejdahla. W tych samych terminach wykonywano pomiary indeksu zieloności liścia — SPAD za pomocą N — Testera, HYDRO model SPAD 502 (skala 0–800). Zbiór przeprowadzano w fazie dojrzałości pełnej jęczmienia. Po zbiorze określano plon ziarna z poletka oraz elementy jego struktury. Wartość browarną ziarna oceniano w mikrosłodowni Zakładu Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie. Wyniki pomiarów i oznaczeń opracowano statystycznie przy pomocy programu komputerowego Statgraphics Plus, wersja 4.0. Zastosowano analizę wariancji, przy czym istotność różnic oceniano za

pomocą testu Tukeya na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ oraz rachunek regresji. Indeksy stanu odżywienia roślin azotem NNI obliczono według koncepcji Lemaira (za Justes i in., 1994).

WYNIKI

Ocena stanu odżywienia roślin w okresie wegetacji

Nawożenie azotem było istotnym czynnikiem różnicującym ilość nagromadzonej suchej masy oraz stan odżywienia roślin jęczmienia w okresie wegetacji, określony procentową zawartością azotu w suchej masie oraz za pomocą wskaźników NNI i SPAD. Średnio w całym okresie wegetacji rośliny nawożone wyższymi dawkami azotu charakteryzowały się większym plonem suchej masy z jednostki powierzchni oraz większymi wartościami wskaźników stanu odżywienia roślin azotem (tab. 1).

Tabela 1

Plon suchej masy i wskaźniki stanu odżywienia roślin jęczmienia zależnie od dawki nawozów azotowych (średnio w okresie wegetacji)
Dry master yield and indices of spring barley nourishment depending on nitrogen dose (mean for the vegetation period)

Dawka N Nitrogen dose (kg·ha ⁻¹)	Plon s.m. Dry matter yield (t·ha ⁻¹)	Zawartość N w s.m. N content in dry matter (%)	NNI plon NNI yield	NNI białko NNI protein	SPAD
0	4,97	1,78	0,78	0,84	491
20	5,63	1,87	0,85	0,92	511
40	6,17	1,97	0,92	1,00	533
60	6,79	2,17	1,05	1,15	550
80	6,91	2,27	1,12	1,23	567
NIR — LSD	1,712	0,329	0,065	0,072	28,3

Test NNI (N_{act} / N_{crt}), czyli indeks stanu odżywienia roślin azotem jest to liczba nie mianowana, wyrażająca stosunek aktualnej zawartości azotu w danej roślinie do zawartości krytycznej, wyznaczonej z tzw. krzywej rozcieńczenia azotu, zwanej też krzywą krytyczną. Krzywa ta opisuje zależność pomiędzy procentową zawartością azotu w roślinach optymalnie odżywionych tym składnikiem, a plonem suchej masy całych nadziemnych części roślin w ich rozwoju ontogenetycznym. Według koncepcji Greenwooda (1990) dla różnych gatunków roślin uprawianych w warunkach optymalnego zaopatrzenia w azot, wartości współczynników równania regresji opisującego krzywą krytyczną są stałe, co świadczy o uniwersalności równania. W praktyce krzywą krytyczną wyznacza się dla roślin, które wydają maksymalny możliwy w danych warunkach do uzyskania plon. W doświadczeniach nawozowych jest to zawsze plon dla optymalnej dawki azotu. W przypadku jęczmienia browarnego stan optymalnego odżywienia roślin azotem zdefiniowano jako stan, przy którym zawartość białka w ziarnie jest w granicach normy przyjętej w browarnictwie, tj. 10,5–11,5%. Jest to bowiem podstawowy parametr decydujący o przydatności ziarna do produkcji słoðu.

Kalibracja testu NNI polega w zasadzie na wyznaczeniu krzywej krytycznej. We wcześniejszych badaniach własnych opartych o wyniki tego samego doświadczenia (Pecio i Fotyma, 2001) dokonano kalibracji testu NNI dla jęczmienia browarnego

z uwzględnieniem maksymalizacji plonu jęczmienia i optymalizacji zawartości białka w ziarnie (rys. 1, 2). Zależność pomiędzy zawartością azotu a plonem suchej masy opisano modelem regresji potęgowej:

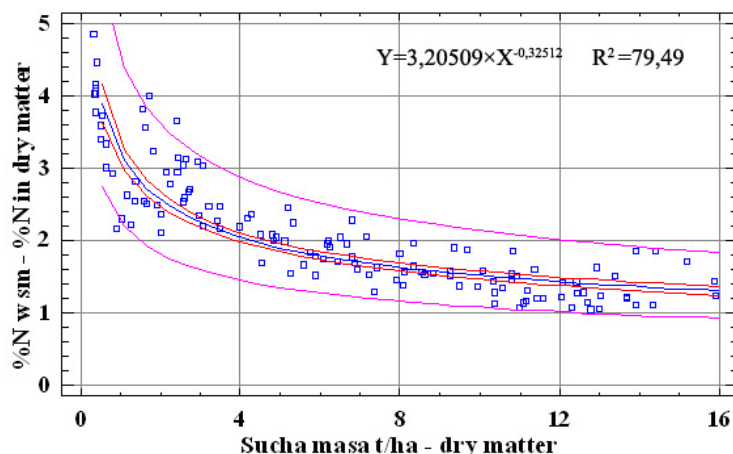
$$Y = a \times X^b$$

gdzie:

Y — krytyczna zawartość azotu ogólnego (% s.m.)

X — sucha masa roślin jęczmienia (t/ha)

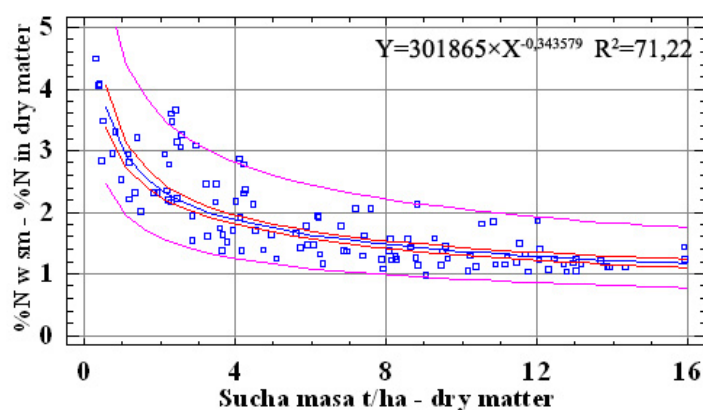
Współczynnik „ a ” wskazuje na zawartość azotu przy plonie suchej masy wynoszącej 1 t z ha, a współczynnik „ b ” na przebieg zmniejszania się zawartości azotu. Współczynniki regresji równań przedstawionych na rysunkach 1 i 2 miały wprowadzić podobne wartości, ale przy tym samym plonie suchej masy jęczmienia, zawartość azotu wynikająca z równania „dla optymalnej zawartości białka” była mniejsza w porównaniu do zawartości wyliczonej z równania „dla maksymalnego plonu”. Na przykład dla plonu suchej masy jęczmienia wynoszącej w fazie strzelania w źdźbło 4 t·ha⁻¹ krytyczna zawartość azotu, wynikająca z krzywej dla „dopuszczalnej zawartości białka” wynosiła 1,87%, a z krzywej „dla maksymalnego plonu” 2,04%.



Rys. 1. Zależność pomiędzy zawartością azotu a plonem suchej masy jarego jęczmienia browarnego obiektów charakteryzujących się najwyższym plonem ziarna

Fig. 1. The relationship between nitrogen content and dry matter yield in malting barley in the treatment characterized by the highest grain yield

Indeks NNI = 1, wyliczony na podstawie powyższych równań, świadczy o optymalnym stanie odżywienia azotem jęczmienia uprawianego w celu uzyskania wysokiego plonu ziarna (rys. 1) i na cele browarne (rys. 2). W drugim przypadku indeks NNI powinien mieć wartość nieco mniejszą od 1, ponieważ w przypadku luksusowego odżywienia roślin nadmiar azotu może nagromadzać się w ziarnie, co jest niekorzystne z punktu widzenia jego jakości browarnej.



Rys. 2. Zależność pomiędzy zawartością azotu a plonem suchej masy jęczmienia browarnego obiektów charakteryzujących się zawartością białka w ziarnie 10,5–11,5%

Fig. 2. The relationship between nitrogen content and dry matter yield in malting barley in treatment characterized by the grain protein content of 10.5–11.5%

Określone w doświadczeniu średnie wartości indeksu NNI zwiększały się w miarę stosowania większych dawek nawozów azotowych (tab. 1). Wartość NNI równą 1, a więc stan optymalnego odżywienia roślin azotem z punktu widzenia optymalnej zawartości białka w ziarnie jęczmienia stwierdzono przy nawożeniu dawką 40 kg N·ha⁻¹.

Test SPAD polega na oznaczaniu indeksu zieloności liścia albo zawartości chlorofilu za pomocą przyrządu optycznego zwanego N — Testerem. W teście SPAD dla oceny stanu odżywienia roślin azotem wykorzystuje się udowodnione zależności pomiędzy zawartością azotu, indeksem zieloności liścia i odczytami SPAD. Test ten wymaga kalibracji tzn. wyznaczenia krytycznej wartości SPAD, odpowiadającej optymalnemu stanowi odżywienia roślin azotem. Uznaje się, że przy takiej wartości testu rośliny nie wymagają stosowania uzupełniających dawek azotu. We wcześniejszych badaniach własnych (Pecio i Fotyma, 2001) opartych o wyniki tego samego doświadczenia kalibracji tej dokonano w oparciu o indeksy NNI. Zależności pomiędzy odczytami SPAD, a wartościami indeksów NNI opisano równaniami liniowymi (rys. 3 i 4).

Z równań tych wyznaczono krytyczne wartości odczytów SPAD podstawiając wartość NNI = 1. Stwierdzono, że dla jęczmienia browarnego odmiany Rudzik krytyczna zawartość chlorofilu w liściach, oceniana przy pomocy N — Testera HYDRO (ze skalą 0–800) w okresie od pełni krzewienia (EC 25) do fazy wydłużania pochwy liściowej (EC 41) wynosi ok. 465 jednostek SPAD. Przy takich odczytach SPAD można uważać, że jęczmień jest optymalnie odżywiony azotem, przyjmując stosowaną w browarnictwie normę zawartości białka w ziarnie. Krytyczna wartość SPAD dla uzyskania maksymalnego plonu ziarna jest nieznacznie większa i wynosi 474 jednostek.

Zależności pomiędzy nagromadzeniem suchej masy, zawartością azotu, indeksem stanu odżywienia roślin NNI i indeksem zieloności liścia SPAD, a upływem czasu wyrażonym w ilości dni od daty siewu i wielkością dawek nawozów azotowych opisano modelem

regresji dwuczynnikowej wielomianowej. Rachunek regresji wykonano metodą *step wise* dla całego trzyletniego okresu badawczego. Wspólny model dla wszystkich analizowanych zmiennych zależnych miał następującą postać:

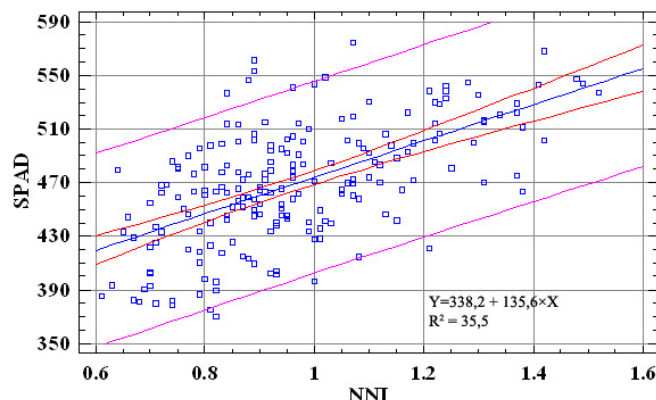
$$Z = a + b \times t + c \times N + d \times t^2 + e \times N^2 + f \times (t \times N),$$

gdzie:

Z — zmienna zależna w przyjętych jednostkach (dependent variable in specified units)

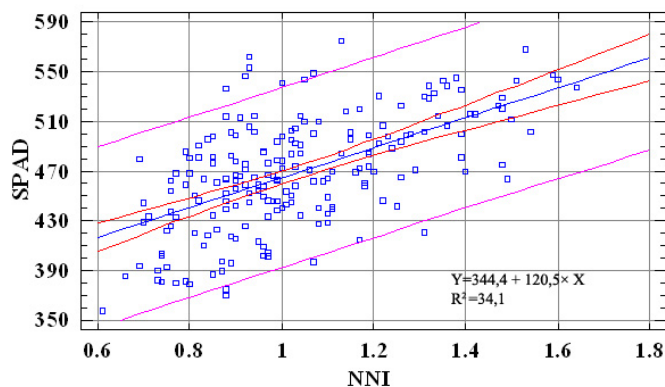
t — upływ czasu w ilości dni od daty siewu (time duration from sowing rate)

N — dawka nawozów azotowych w kg/ha (nitrogen rate in kg·ha⁻¹).



Rys. 3. Zależność pomiędzy odczytami SPAD a wartościami indeksów NNI dla maksymalnego plonu ziarna jęczmienia browarnego

Fig. 3. The relationship between SPAD readings and NNI values for the maximum grain yields in malting barley



Rys. 4. Zależność pomiędzy odczytami SPAD a wartościami indeksów NNI dla zawartości białka w ziarnie jęczmienia browarnego

Fig. 4. The relationship between SPAD readings and NNI values for protein content in grain of malting barley

W tabeli 2 przedstawiono charakterystykę statystyczną modeli opisujących nagromadzenie suchej masy i wskaźniki stanu odżywienia roślin azotem, uwzględniając tylko istotne współczynniki regresji. Przedstawione modele objaśniały od niemal 50% do ponad 80% zmienności poszczególnych zmiennych.

Tabela 2

Charakterystyka statystyczna modeli zmian wartości wskaźników stanu odżywienia jęczmienia jarego azotem

Statistical analysis of the models of spring barley nourishment with nitrogen					
Współczynnik Coefficient	Sucha masa Dry matter	% N w s.m. % N in DM	NNI plon NNI yield	NNI białko NNI protein	SPAD
a	n.i.*	4,8947	0,4542	0,4791	547,249
b	n.i.	-0,07177	0,01539	0,01613	-7,20479
c	n.i.	0,00640	0,00380	0,00413	2,45129
d	0,00177	0,00030	-0,00015	-0,00016	0,08466
e	n.i.	n.i.*	n.i.	n.i.	n.i.
f	0,00078	n.i.	n.i.	n.i.	-0,02110
R ²	81,9	81,0	49,7	48,9	55,4

* Nieistotny przy $\alpha = 0,05$

* Not significant at $\alpha = 0.05$

Stwierdzono, że plon suchej masy roślin zwiększał się w kolejnych fazach rozwojowych, jak również przy zwiększających się dawkach azotu. Procentowa zawartość azotu w suchej masie zmniejszała się w miarę nagromadzania plonu suchej masy roślin.

Na podstawie wcześniejszych badań (Justes i in., 1994; Lemaire i Salette, 1984) wiadomo, że zawartość azotu w roślinach zmniejsza się w okresie wegetacji. Dzieje się tak na skutek wzajemnego zacieniania się liści oraz zmian w stosunku liście / pędy w okresie rozwoju roślin. Zacienione dolne liście zawierają mniej azotu niż górne, które są bogatsze w białka enzymatyczne. Ponadto stosunek składników ścian komórkowych (celuloza i ligniny) w tkankach łodyg zwiększa się w czasie, co powoduje, że zawartość białka systematycznie zmniejsza się w porównaniu do białek zawartych w blaszkach liściowych. W konsekwencji zamieranie starszych liści na skutek współzawodnictwa w obrębie rośliny, jak również pomiędzy roślinami, o światło i składniki pokarmowe odbywa się przy jednoczesnej remobilizacji azotu do organów rozwijających się. Zatem, w czasie aktywnego wzrostu, roślina potrzebuje coraz mniej azotu do budowania każdego fragmentu swej suchej masy.

Plon i jakość browarna ziarna jęczmienia

Stwierdzono istotny związek plonu ziarna jęczmienia z dawką nawozów azotowych. Plon ziarna był istotnie większy przy nawożeniu dawką 60 kg N·ha⁻¹ w porównaniu do obiektów nienawożonych i stanowił ponad 98% plonu uzyskanego przy dawce 80 kg N·ha⁻¹ (tab. 3). W miarę zwiększania dawek nawozów azotowych zwiększało się również krzewienie produkcyjne, liczba kłosów na jednostce powierzchni i plon ziarna z rośliny. Plon słomy był istotnie większy na dawce 60 kg N·ha⁻¹ w porównaniu do obiektu kontrolnego i dawki 20 kg N·ha⁻¹. Stopień wylegania roślin wzrastał w miarę zwiększania dawek nawozów z tym, że istotną różnicę w wyleganiu stwierdzono tylko pomiędzy obiektem kontrolnym i obiektem z największą dawką azotu.

Tabela 3

Plon i struktura plonu ziarna jęczmienia zależnie od nawożenia azotem
Grain yield and its components in spring barley at different nitrogen doses

Parametr Parameter	Dawka N (kg·ha ⁻¹) Nitrogen dose					NIR — LSD
	0	20	40	60	80	
Plon ziarna (t·ha ⁻¹) Grain yield	3,89	4,62	4,99	5,33	5,43	1,182
Liczba kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	484	529	569	601	616	72,8
Krzewienie produkcyjne Productive tillering	1,63	1,80	1,95	2,06	2,15	0,298
Plon ziarna z rośliny (g) Grain yield per plant	1,14	1,24	1,42	1,51	1,56	0,310
Plon słomy (t·ha ⁻¹) Straw yield	4,44	5,00	5,58	6,02	6,37	0,881
Wyleganie* Lodging	8,9	8,7	8,1	7,3	6,9	1,06

* Skala 1–9; 9 = Brak wylegania

* 1–9 scale; 9 = No lodging

Tabela 4

**Wkład w plon i udział w zmienności plonu elementów struktury plonu zróżnicowanych w wyniku
zwiększenia dawki azotu z 0 do 80 kg N·ha⁻¹**
Contribution and share of yield components in grain yield obtained at a nitrogen dose of 80 kg N·ha⁻¹

Elementy struktury plonu Yield components	Wkład Contribution		Udział Share
	t·ha ⁻¹	%	%
Obsada kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	1,31	33,7	85,2
Liczba ziaren w kłosie Grains per spike	0,3	7,8	19,6
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000-grains	-0,07	-1,8	-4,8
Suma Sum	1,54	39,7	100
Błąd oceny Estimation error	15,5%		

Przyrost plonu ziarna przy zwiększaniu dawki nawożenia azotem od 0 do 80 kg/ha wynosił 1,54 t·ha⁻¹, tj. niemal 40% (tab. 4). Spośród trzech elementów struktury plonu ziarna, wymienianych w literaturze jako podstawowe (Rudnicki, 2000) największy, bo ponad 85%, udział we wzroście plonu ziarna miała liczba kłosów na jednostce powierzchni. Jej zwiększenie powodowało przyrost plonu ziarna o 1,3 t·ha⁻¹, tj. o 33,7%. Zwiększenie plonu ziarna z pojedynczego kłosa, uwarunkowanego liczbą ziaren w kłosie i MTZ przyczyniło się do wzrostu plonu ziarna o 0,23 t·ha⁻¹, czyli o 6%. Wkład masy 1000 ziaren w przyrost plonu był ujemny.

Podobnie jak w innych badaniach (Kukuła i in., 1999) zawartość białka w ziarnie oraz inne parametry wartości browarnej ziarna jęczmienia, były zróżnicowane w latach, co miało związek z przebiegiem warunków pogodowych w okresie wegetacji. Szczególnie

niekorzystny był drugi i trzeci rok badań. W roku 1999 wystąpił nadmiar opadów w kwietniu i czerwcu oraz niedobór opadów w lipcu i sierpniu. Rok 2000, zwłaszcza w kwietniu, maju i czerwcu, charakteryzował się opadami mniejszymi od średnich wieloletnich. Wpłynęło to na znaczne zwiększenie zawartości białka w ziarnie na wszystkich obiektach nawozowych, w tym także na obiekcie kontrolnym. Średnia z trzech lat zawartość białka w ziarnie zwiększała się istotnie przy zwiększaniu dawki nawozów z 20 do 60 kg N·ha⁻¹ (tab. 5).

Tabela 5

Wartość browarna jęczmienia w zależności od nawożenia azotem
Malting quality of spring barley depending on a nitrogen dose

Parametr Parameter	Dawka N (kg·ha ⁻¹) Nitrogen dose					
	0	20	40	60	80	NIR — LSD
Zawartość białka w ziarnie (%) Protein content in grain	11,8	11,9	12,3	12,9	13,4	0,74
Celność ziarna (%) Grain filling	95,1	95,2	94,4	93,4	92,6	1,37
Ekstraktywność słodu (%) Fine grain extract	82,3	82,2	82,0	81,9	81,3	0,61
Zawartość białka rozpuszczalnego Soluble protein content (%)	6,0	5,8	5,9	6,1	6,4	0,32
Liczba Kolbacha (%) Kolbach Index	51,1	49,5	48,9	48,3	48,3	1,52
Siła diastatyczna (°WK) Diastatic power	327	299	340	348	368	65,6

Pogorszeniu ulegały celność ziarna i ekstraktywność słodu. Obserwowano natomiast korzystne zmniejszenie liczby Kolbacha na skutek zwiększonej ilości białek rozpuszczalnych.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotną zależność pomiędzy dawką nawożenia azotem a stanem odżywienia roślin w okresie wegetacji, plonowaniem i wartością browarną ziarna jęczmienia jarego.
2. Trzy badane wskaźniki: procentowa zawartość azotu w nadziemnej masie roślin, indeks NNI i indeks zieloności liścia SPAD wykazują podobną przydatność do określenia stanu odżywienia jęczmienia azotem w okresie od pełni krzewienia do początku kłoszenia.
3. Zwiększanie przedsiewnej dawki azotu do 60 kg N·ha⁻¹ powoduje zwiększenie plonu ziarna jęczmienia na skutek wzrostu liczby kłosów i liczby ziaren w kłosie. Jednocześnie zwiększa się jednak zawartość białka w ziarnie, pogarsza jego celność i ekstraktywność słodu.

LITERATURA

- Bulman P., Smith D. L. 1993. Grain protein response of spring barley to high rates and post-anthesis application of fertilizer nitrogen. *Agron. J.* 85 (6): 1109 — 1113.
- Conry M. J. 1995. Comparison of early, normal and late sowing at three rates of nitrogen on the yield, grain nitrogen and screenings content of Blenheim spring malting barley in Ireland. *J. Agric. Sci. Cambridge*, 125: 183 — 188.
- Dudas F. 1994 a. Effect of cultivation on the quality of malting barley and malt. *Acta Universitatis Agriculturae, Facultas Agronomica*. 42 (1–2): 137 — 147.
- Dudas F. 1994 b. Malting quality of barley cv. Perun under different cultivation practices. *Acta Universitatis Agriculturae, Facultas Agronomica*, 42 (1–2): 161 — 169.
- Eagles H. A., Bedggood A. G., Panozzo J. F., Martin P. J. 1995. Cultivar and environmental effects on malting quality in barley. *Aust. J. Agric. Res.* 46: 831 — 844.
- Fathi G., McDonald G. K., Lance R. C. M. 1997. Responsiveness of barley cultivars to nitrogen fertilizer. *Aust. J. Exp. Agric.* 37 (2): 199 — 211.
- Greenwood D. J., Lemaire G., Gosse G., Crus P., Drycott A., Neeteson J. 1999. Decline in percentage N of C3 i C4 crops with increasing plant mass. *Ann. Bot.* 66: 425 — 436.
- Kukuła S., Pecio A., Górski T. 1999. Związek pomiędzy wskaźnikiem klimatycznego bilansu wodnego a zawartością białka w ziarnie jęczmienia jarego. *Fragm. Agron.* 4: 81 — 89.
- Marshall B., Ellis R. P. 1994. Analysis and modeling of the effects of the nitrogen on the growth, partitioning and quality of malting barley. HGCA Project Report, 94.
- Pecio A., Fotyma E. 2001. Kalibracja testów NNI i SPAD dla jarego jęczmienia browarnego. *Fragm. Agron.* 3: 171 — 172.

ALICJA PECIO**ANDRZEJ BICHONSKI**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Wpływ ilości wysiewu na plon i jakość browarną ziarna jęczmienia jarego

The effect of sowing rate on grain yield and malting quality in spring barley

Opracowanie stanowi syntezę wyników, pochodzących z dwóch doświadczeń ścisłych prowadzonych w latach 1996–1998 w Zakładzie Doświadczalnym Kępa (woj. Lubelskie) oraz w latach 1998–2000 w Zakładzie Doświadczalnym Grabów woj. Mazowieckie. Stwierdzono istotną zależność plonu i jakości ziarna jęczmienia od ilości wysiewu. Zwiększanie ilości wysiewu rodu BKH 2794 do 4,1 mln ziaren na 1 ha i odmiany Rudzik do 4 mln ziaren na 1 ha powodowało wzrost plonu ziarna, głównie na skutek zwiększonej liczby kłosów na jednostce powierzchni, przy czym liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren wносиły wkład ujemny. Zagęszczanie siewu odmiany Rudzik do 5 mln ziaren na 1 ha powodowało nieznaczne zmniejszenie plonu ziarna, spowodowane znaczną obniżką masy 1000 ziaren oraz liczby ziaren w kłosie. Zwiększanie ilości wysiewu jęczmienia powodowało zmniejszenie krzewistości roślin i zmiany w budowie przestrzennej łanu, polegające na ograniczeniu liczby pędów niskich, wykształcających ziarno drobne i o wysokiej zawartości białka. Parametry wartości browarnej ziarna zależały od warunków pogodowych w latach badań. Zmianom ulegały wartości parametrów pod wpływem ilości wysiewu. Zagęszczanie siewu powodowało zmniejszenie masy 1000 ziaren i zawartości białka w ziarnie, a zwiększenie lepkości brzezki i stopnia ostatecznego odfermentowania brzezki.

Słowa kluczowe: ilość wysiewu, jakość browarna, jęczmień jary, plon ziarna

A significant relationship between a sowing rate of spring barley and grain yield and protein content was found. The increase of grain yield with increasing a sowing rate up to 4.1 and 4 million seeds per 1 ha in barley line BKH 2794 and cv. Rudzik, respectively, was mainly due to the greater number of spikes. However, when a sowing rate for cv. Rudzik was increased to 5 million seeds per ha, grain yield declined. This effect was because of a comparatively smaller number of grains per spike as well as a lower weight of 1000 grains. The increase of canopy density resulted in the diminished plant productive tillering, followed by changes in canopy architecture, shown in the reduced number of short tillers, producing small grains of high protein content. The malting quality parameters depended on the weather conditions in the years of investigations, but the essential effects of sowing density were similar. High density resulted in the declined weight of 1000 grains and protein content of grain. In contrast, it caused the enhancement of wort viscosity and fermentability.

Key words: grain yield, malting quality, sowing rate, spring barley

WSTĘP

Obsada roślin na jednostce powierzchni jest czynnikiem silnie modyfikującym wielkość plonu i jakość ziarna jęczmienia (Jedel i Helm, 1995; Szmigiel i Oleksy, 1998). Zależność między plonem a zagęszczeniem roślin w łanie ma jednak charakter złożony, ponieważ zróżnicowanie obsady roślin zmienia intensywność oddziaływań konkurencyjnych roślin o światło, wodę i składniki pokarmowe oraz wpływa na ich zdolność reprodukcyjną i odporność na czynniki stresowe.

Zagęszczanie roślin na jednostce powierzchni zwiększa ich wzajemne zacienianie się i zmniejsza ilość światła docierającego do głębi łanu. W warunkach gęstych siewów na skutek wzajemnego zacieniania się roślin następuje ograniczenie fotosyntezy przypadającej na jednostkę powierzchni liścia, powodując zmniejszenie przyrostu suchej masy oraz wielkości pojedynczej rośliny. Jednocześnie jednak następuje zwiększanie się produkcji suchej masy oraz powierzchni asymilacyjnej roślin w przeliczeniu na jednostkę powierzchni gleby. Szmigiel i Oleksy (1998) stwierdzili zmniejszenie zawartości białka w ziarnie w wyniku zagęszczenia siewu. Po przekroczeniu optymalnej dla plonu ziarna obsady roślin powierzchnia asymilacyjna łanu nadal powiększa się, ale intensywność fotosyntezy szybko maleje, powodując zmniejszanie przyrostów masy roślin. W rezultacie przy zbyt gęstych siewach następuje ograniczenie rozkrzewienia roślin, które powoduje zmniejszenie plonu ziarna.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu zagęszczenia łanu jęczmienia na przykładzie rodu BKH 2794 i odmiany Rudzik na plon i jakość browarną ziarna.

MATERIAŁ I METODY

Podstawę opracowania stanowią wyniki badań nad jęczmieniem jarym uzyskane w ścisłych doświadczeniach polowych przeprowadzonych w ZD IUNG Kępa w latach 1996–1998 i ZD IUNG Grabów w latach 1998–2000 w układzie split-plot jako dwuczynnikowe. W pracy przedstawiono uogólnienia wynikające z przeprowadzonych badań dotyczące wpływu gęstości siewu na plon i cechy jakości browarnej ziarna jęczmienia jarego. Z badań prowadzonych w pierwszej serii doświadczeń wykorzystano wpływ 4 ilości wysiewu: 2,0; 2,7; 3,4; i 4,1 mln ziaren·ha⁻¹ na plonowanie rodu BKH 2794. W drugiej serii odmianą testową był Rudzik. Zastosowano następujące ilości wysiewu: 2,0; 3,0; 4,0 i 5,0 mln ziaren·ha⁻¹. Charakterystykę siedliska, przebieg warunków pogodowych oraz szczegółowe omówienie wyników przedstawiono w opracowaniach częściowych (Kozłowska-Ptaszyńska i Pecio, 1999; Pecio i in., 2000; Pecio i Fotyma, 2001).

WYNIKI I DYSKUSJA

Ród BKH 2794

Zróżnicowane warunki pogody w latach prowadzenia badań spowodowały odmienny wpływ zagęszczania siewu na plon ziarna jęczmienia ród BKH 2794. Przyczyną były głównie ulewne opady deszczu w roku 1997 (czerwiec — 92 mm, lipiec — 150 mm), które spowodowały silne (1–2 w skali 9°) wyleganie roślin. W pierwszym roku jęczmień

plonował istotnie wyżej przy wysiewie w ilości 4,1 niż 2,0 mln ziaren·ha⁻¹ (tab. 1). W roku 1997 gęstość siewu nie oddziaływała na plon ziarna z powodu silnego wylegania roślin na początku fazy dojrzałości mleczej. W ostatnim roku badań (1998), jak również średnio w trzyleciu ród BKH 2794 wykazał tendencję do wzrostu plonu ziarna przy zagęszczaniu siewu z 2,0 do 4,1 mln ziaren·ha⁻¹.

Zwyzka plonu była związana wyłącznie z istotnym wzrostem liczby kłosów na jednostce powierzchni (tab. 1). Zwiększenie liczby kłosów następowało pomimo zmniejszenia krzewistości roślin. Kłosa na pędzie głównym miały coraz większy udział w tworzeniu plonu ziarna z jednostki powierzchni. Liczba i masa ziaren z kłosa malały w miarę zagęszczania siewu, przy czym istotne zmniejszenie wartości tych cech, jak również krzewienia produkcyjnego, stwierdzono przy skrajnych ilościach wysiewu. Istotne zmniejszenie masy 1000 ziaren w roku 1996 wystąpiło już przy wysiewie 3,4 mln ziaren·ha⁻¹, a w roku 1998 dopiero przy największej gęstości (4,1 mln ziaren·ha⁻¹) w porównaniu do wartości uzyskanych przy najrzadszym siewie — 2,0 mln ziaren·ha⁻¹.

Tabela 1

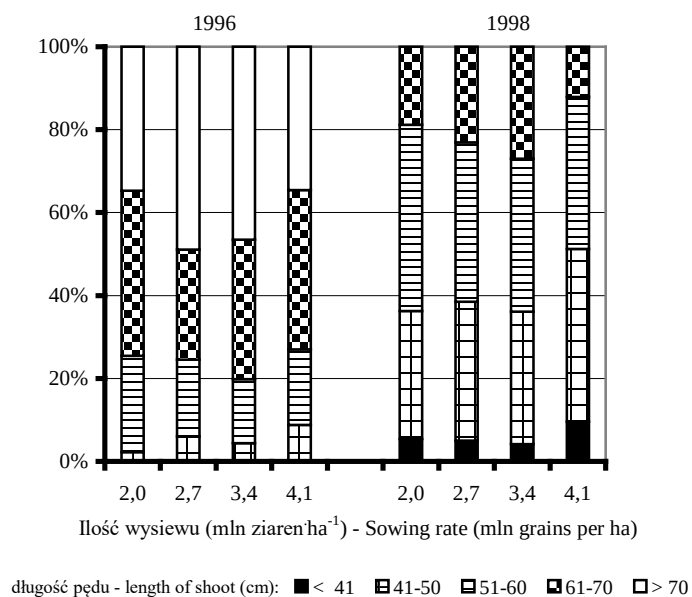
Wpływ gęstości siewu na plon i komponenty plonu ziarna jęczmienia, ród BKH 2794
Effect of sowing rate on grain yield and yield components in barley, line sp. BKH 2794

Parametr Parameter	Rok Year	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)				NIR — LSD (α = 0,05)
		2,0	2,7	3,4	4,1	
Plon ziarna (t/ha) Grain yield	1996	4,80	5,06	5,20	5,39	0,554
	1997	4,19	4,52	4,44	4,40	r.n.
	1998	3,47	3,49	3,73	3,82	r.n.
	średnio mean	4,15	4,36	4,46	4,56	r.n.
Liczba kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	1996	468	542	668	744	39,2
	1998	581	690	792	886	60,8
Krzewienie produkcyjne Productive tillering	1996	3,8	2,9	2,8	2,3	0,89
	1998	4,0	3,8	3,4	3,3	0,91
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	1996	39,2	38,2	38,6	38,5	1,31
	1998	38,5	38,8	37,8	36,6	1,38
Liczba ziaren z kłosa No. of grains per spike	1996	18,1	17,0	16,6	15,6	1,94
	1998	16,9	16,5	16,4	14,5	1,23
Masa ziarna z kłosa (g) Grain weight per spike	1996	0,71	0,65	0,64	0,60	0,089
	1998	0,65	0,64	0,62	0,53	0,088

Uzyskane wyniki potwierdziła analiza wkładu w plon i udziału w jego zmienności elementów struktury plonu, wykonana metodą Rudnickiego (2000). Wzrost plonu ziarna spowodowany zwiększoną ilością wysiewu z 2,0 do 4,1 następował głównie na skutek zwiększonej liczby kłosów na jednostce powierzchni. Liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren miały ujemny wkład zwiększenie plonu ziarna.

Z wielu badań (Fotyma i Pietrasz-Kęsik, 1993; Kozłowska-Ptaszyńska, 1993; Maciejewski, 1998) wynika, że zmiany w plonowaniu jęczmienia jarego zależą głównie od zmian w obsadzie kłosów i masie 1000 ziaren. Wzrost liczby kłosów na jednostce powierzchni jest często ujemnie skorelowany z masą tysiąca ziaren (Noworolnik, 1993; Owera i in., 1981).

Architektura łanu jęczmienia była kształtowana bardziej przez warunki pogodowe w okresie wegetacji roślin niż przez badane czynniki (rys. 1).



Rys. 1. Procentowy udział pędów o różnej długości w łanie jęczmienia ród BKH 2794 w zależności od gęstości siewu

Fig. 1. Percentage of shoots of certain length in the canopy of barley line BKH 2794, depending on a sowing rate

Tabela 2

Wkład i udział elementów struktury plonu w zmienność plonu rodu BKH 2794 powstałą w wyniku zwiększania ilości wysiewu (1996 i 1998)

The contribution and share of yield components in the yield of barley line BKH 2794 at different sowing rates (1996 and 1998)

Plon i elementy struktury Yield and its components	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)		Wkład Contribution		Udział Share
	2,0	4,1	t·ha ⁻¹	%	%
Plon ziarna (t·ha ⁻¹) Grain yield	4,14	4,61	-	—	—
Obsada kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	525	815	0,57	13,7	120,9
Liczba ziaren w kłosie No. of grains per spike	17,5	15,1	-0,08	-1,9	-16,6
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	38,9	37,7	-0,02	-0,5	-4,3
Suma — Sum	—	—	0,47	11,4	100
Błąd oceny — Estimation error					7,8%

W roku 1996 w łanach jęczmienia, niezależnie od gęstości siewu, przewagę stanowiły pędy z zakresów długości 61–70 i powyżej 70 cm. W roku 1997 z powodu silnego wylegania roślin po ulewnych opadach deszczu prób nie pobrano. W roku 1998 intensywne opady tuż po siewie jęczmienia spowodowały silne zaskorupienie gleby, co niekorzystnie wpłynęło na wschody i dalszy wzrost roślin, w efekcie wysokich pędów (> 70 cm) w łanach w ogóle nie notowano. W roku tym najliczniej występowały pędy o długości 51–60 i 41–50 cm. Niskie pędy liczniej notowano w łanie z najgęściejszego siewu (4,1 mln ziaren·ha⁻¹) tylko w 1998 roku.

W każdym z łanów jęczmienia największą plennością kłosów i dorodnością ziaren cechowały się najwyższe pędy w łanie. Gęsty siew (4,1 mln ziarn·ha⁻¹) powodował zmniejszenie masy ziarna z kłosa i masy 1000 ziaren nawet w górnych piętrach łanu (tab. 3).

Tabela 3

Plenność pędów o różnej długości w łanach jęczmienia zależnie od gęstości siewu (1996)
Productivity of shoots of certain length in spring barley canopy, depending on a sowing rate

Długość pędu Shoot length (cm)	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)	
	2,0	4,1
	masa ziarna z kłosa — grain weight per spike (g)	
> 70	0,98	0,88
61–70	0,69	0,62
51–60	0,37	0,35
≤ 50	0,24	0,22
masa 1000 ziaren — weight of 1000 grains		
> 70	46,3	42,8
61–70	40,7	39,8
51–60	35,6	32,3
≤ 50	29,1	26,9

Tabela 4

Parametry ziarna i słodu jęczmienia ród BKH 2794
Grain and malt parameters for barley line BKH 2794

Parametr Parameter	Norma Norm	1997	1998
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains		34,9	38,5
Celność ziarna Grain filling	> 95%	55,3	89,4
Zawartość białka w ziarnie Protein content	10,5–11,5 %	12,9	11,4
Ekstraktywność słodu Extractivity	≥ 79,5%	81,2	82,7
Lepkość brzezki Wort viscosity	≤ 1,67 mPa.s	1,58	1,60
Liczba Kolbacha Kolbach Index	35–45%	45,2	56,0
Siła diastatyczna Diastatic power	≥ 240°WK	302	302
Stopień ostatecznego odfermentowania brzezki Fermentability	> 80%	80,6	82,8

Uzyskane wartości parametrów ziarna i słoju jęczmienia były związane z warunkami pogody w latach prowadzenia badań (tab. 4). Dla większości cech rok 1998 był korzystniejszy niż rok 1997. Niekorzystne warunki atmosferyczne w roku 1997 spowodowały gorsze wykształcenie ziarna oraz przyczyniły się do znacznego zwiększenia zawartości białka w ziarnie, które przekroczyło graniczną wartość 11,5%. Rok 1998 charakteryzował się większym uzyskiem ekstraktu z mąki i stopniem odfermentowania brzezki w powiązaniu z mniejszą zawartością białka w ziarnie.

Wpływ ilości wysiewu na wartość browarną ziarna zależał od warunków pogodowych roku badań (tab. 5). Analiza regresji pozwoliła z wysokim prawdopodobieństwem opisać zmienność większości parametrów za pomocą krzywych regresji liniowej: $Y = a + b \times X$.

Porównanie wartości wyrazu wolnego „a” wykazało istotną różnicę pomiędzy latami badań w wartości uwzględnionych parametrów. Zmiany badanych cech zależnie od ilości wysiewu przebiegały podobnie w obu latach. Świadczy o tym brak istotnych różnic pomiędzy współczynnikami regresji „b”. Na skutek zagęszczania siewu zmniejszała się masa 1000 ziaren (1998 rok), celność ziarna i zawartość białka, a zwiększała się ekstraktywność słoju, stopień odfermentowania brzezki i liczba Kolbacha.

Zależność wpływu ilości wysiewu na cechy jakościowe ziarna od przebiegu pogody w latach stwierdzili także Jedel i Helm (1995).

Tabela 5

Regresja liniowa parametrów ziarna i słoju zależnie od ilości wysiewu pomiędzy latami badań (ród BKH 2794)
Linear of regression for the relation between grain and malt parameters and sowing rate in the years of experiment (BKH 2794)

Parametr Parameter	R ²	Błąd standardowy Standard error	Rok Year	Stała równania Intercept	Współczynnik regresji Slope
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	71,9	1,24	1997 1998	34,5 b 40,7 a	0,002 a* -0,008 a
Celność ziarna (%) Grain filling	95,5	4,26	1997 1998	60,6 b 91,1 a	-0,020 a -0,006 a
Zawartość białka w ziarnie Protein content	86,3	0,35	1997 1998	13,7 a 12,3 b	-0,003 a -0,003 a
Ekstraktywność słoju Malt extractivity	69,4	0,60	1997 1998	80,8 b 81,6 a	0,001 a 0,003 a
Lepkość brzezki Wort viscosity	35,4	0,02	1997 1998	1,53 b 1,60 a	0,000100 a 0,000007 b
Liczba Kolbacha Kolbach Index	82,2	2,94	1997 1998	43,1 b 52,9 a	0,007 a 0,010 a
Stopień ostatecznego odfermentowania brzezki Fermentability	73,4	0,78	1997 1998	79,0 b 82,6 a	0,005 a 0,006 b

* Obiekty oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie

* Values marked with the same letter are not significantly different

Odmiana Rudzik

W badaniach prowadzonych w latach 1998–2000 plon ziarna odmiany Rudzik zwiększał się istotnie wraz ze wzrostem zagęszczenia siewu do 4,0 mln ziaren·ha⁻¹ (tab. 6). W tym samym kierunku zwiększała się również liczba kłosów na jednostce powierzchni,

natomiast zmniejszały się masa tysiąca ziaren MTZ oraz plon ziarna z rośliny i z kłosa. Dalsze zwiększanie ilości wysiewu do 5,0 mln ziaren·ha⁻¹ powodowało nieznaczny spadek plonu ziarna. Krzewienie produkcyjne ulegało redukcji wraz z zagęszczaniem siewu od 2,0 do 5,0 mln ziaren·ha⁻¹.

Tabela 6

Plon ziarna i struktura plonu jęczmienia odm. Rudzik zależnie od ilości wysiewu. Średnio z lat 1998–2000
The effects of sowing rates on grain yield and its components in barley cv. Rudzik. Mean for the years 1998–2000

Wyszczególnienie Specification	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)				NIR — LSD (α = 0,05)
	2,0	3,0	4,0	5,0	
Plon ziarna (t·ha ⁻¹) Grain yield	3,82 b*	3,80 b	4,16 a	4,06 a	0,163
Liczba roślin na 1 m ² No. of plants per m ²	182 d	277 c	372 b	466 a	26,2
Liczba kłosów na 1 m ² No. of spikes per m ²	509 b	542 ab	595 a	595 a	36,6
Krzewienie produkcyjne Productive tillering	2,81 a	1,98 b	1,61 c	1,28 d	0,323
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	47,4 a	46,1 ab	45,4 b	45,1 b	1,65
Plon ziarna z rośliny (g) Grain weight per plant	2,11 a	1,39 b	1,12 bc	0,87c	0,286
Plon ziarna z kłosa (g) Grain weight per spike	0,75 a	0,70 ab	0,70 ab	0,68 b	0,059

* Obiekty nieróżniące się istotnie oznaczono takimi samymi literami

* Values marked with the same letter are not significantly different

Wykorzystując metodę Rudnickiego (2000) obliczono wkład elementów struktury plonu w przyrost plonu oraz ich udział w zmienności plonu spowodowanej oddziaływaniem ilości wysiewu (tab. 7). Zarówno wkład, jak i udział elementów struktury plonu w zmianie jego wielkości był odmienny w przedziale ilości wysiewu 2,0 do 4,0 i w przedziale 4,0 do 5,0 mln ziaren·ha⁻¹. W pierwszym z wyróżnionych przedziałów przyrost plonu ziarna następował w wyniku zwiększonej obsady kłosów na jednostce powierzchni. Natomiast wkład ujemny wносиły liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren. W drugim z wyróżnionych przedziałów obniżka plonu (nieistotna) następowała na skutek bardzo znacznego zmniejszenia masy 1000 ziaren i mniejszego niż w poprzednim przedziale zmniejszenia liczby ziaren w kłosie. Dodatni wkład liczby kłosów w wielkość plonu ziarna nie był w stanie zrekomensować ujemnego wpływu pozostałych elementów struktury plonu.

Zwiększanie zagęszczenia roślin w łanie powoduje nasilenie wzajemnych oddziaływań konkurencyjnych, które prowadzą do zróżnicowania warunków wzrostu i rozwoju poszczególnych roślin i w konsekwencji do poziomego rozwarstwienia łanu, czyli zmian w jego architekturze. W wyniku konkurencji zróżnicowaniu ulega w szczególności wielkość i struktura plonu z pędów o różnej wysokości (Pecio, 1995). Ma to dalszy

związek z wielkością ziarna i jednolitością jego partii, co decyduje o parametrach wartości browarnej, takich cech jak: masa 1000 ziaren i celność ziarna oraz zawartość białka w ziarnie i cechy słoju.

Tabela 7

**Wkład i udział w zmienności plonu jęczmienia odm. Rudzik elementów struktury plonu
zróżnicowanych w wyniku zwiększania ilości wysiewu**
**The contribution and share of yield components in the yield of barley cv. Rudzik at different sowing
rates**

Elementy struktury plonu Yield components	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)					
	2,0-4,0			4,0-5,0		
	wkład contribution		udział share	wkład contribution		udział share
	t·ha ⁻¹	%	%	t·ha ⁻¹	%	%
Obsada kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	0,48	12,7	143,1	0,003	0,06	2,5
Liczba ziaren w kłosie No. of grains per spike	-0,05	-1,2	-13,6	-0,002	-0,06	-2,8
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	-0,10	-2,6	-29,5	-0,10	-2,40	-99,7
Suma Sum	0,33	8,9	100,0	-0,099	-2,40	100,0
Błąd oceny Estimation error	0,43 %			0,44 %		

Tabela 8

Parametry wartości browarnej ziarna jęczmienia odm. Rudzik zależnie od ilości wysiewu
Malting quality of barley cv. Rudzik grain at different sowing rates

Parametry wartości browarnej Malting quality parameters	Ilość wysiewu (mln ziaren·ha ⁻¹) Sowing rate (per ha × 10 ⁶)				
	2,0	3,0	4,0	5,0	NIR — LSD (α = 0,05)
Zawartość białka w ziarnie (%) Protein content	12,7	12,5	12,4	12,3	r.n.*
Zawartość białka rozpuszczalnego (%) Soluble proteins	6,3	6,1	6,0	5,9	0,23
Liczba Kolbacha (%) Kolbach Index	49,9	49,4	48,9	48,8	0,76

r.n. — Różnica nieistotna

r.n. — Not significant difference

W badaniach własnych zwiększenie liczby roślin na jednostce powierzchni powodowało zmniejszenie krzewistości roślin, a tym samym lepsze wyrównanie wysokości poszczególnych pędów. Obserwowano jednocześnie zmniejszenie zawartości białka w ziarnie. Ilość wysiewu różnicowała też ilość białek rozpuszczalnych, które wpływają na wartość liczby Kolbacha (tab. 8). Istotne zróżnicowanie tych parametrów stwierdzono jednak tylko pomiędzy najmniejszym i największym zagęszczeniem siewu.

WNIOSKI

1. Zwiększanie ilości wysiewu jęczmienia do ok. 4 mln ziaren na ha sprzyjało wzrostowi plonu ziarna, głównie na skutek zwiększenia obsady kłosów na jednostce powierzchni.
2. Przestrzenna budowa ładu jęczmienia była w dużym stopniu zależna od warunków pogody. Zagęszczanie siewu powodowało ograniczenie udziału pędów niskich, które charakteryzowały się mniejszą plennością kłosów.
3. Wartość browarna ziarna jęczmienia związana była z przebiegiem pogody oraz gęstością siewu. Zwiększanie ilości wysiewu miało korzystny wpływ na cechy jakościowe poprzez zmniejszenie zawartości białka w ziarnie oraz zwiększenie ekstraktywności słoju i stopnia ostatecznego odfermentowania brzojki.

LITERATURA

- Fotyma E., Pietrasz-Kęsik G. 1993. Struktura plonu zbóż jarych zależnie od nawożenia azotem. *Fragm. Agron.* 4: 103 — 104.
- Jedel P. E., Helm J. H. 1995. Agronomic response to seeding rate of two- and six-rowed barley cultivars in Central Alberta. *Can. J. Plant Sci.* 75 (2): 315 — 320.
- Kozłowska-Ptaszyńska Z. 1993. Zmiany w strukturze i architekturze ładu dwurzędowych i sześciorzędowych form jęczmienia jarego pod wpływem gęstości siewu. *Pam. Puł.* 102: 65 — 76.
- Kozłowska-Ptaszyńska Z., Pecio A. 1999. Wpływ ochrony roślin przed chorobami oraz gęstości siewu na plon i architekturę ładu odmian jęczmienia browarnego. *Fragm. Agron.* 3: 77 — 88.
- Maciejewski T. 1988. Wpływ deszczowania i gęstości siewu na plonowanie trzech odmian jęczmienia jarego. *Rocz. AR Poznań, Rol.* 32: 27 — 39.
- Noworolnik K. 1993. Reakcja odmian jęczmienia jarego na gęstość siewu. *Biul. IHAR* 185: 49 — 53.
- Owera S. A. P., Farrar J. F., Whitbread R. 1981. Growth and photosynthesis in barley infected with brown rust. *Physiol. Plant Pathol.* 18: 79 — 90.
- Pecio A. 1995. Studia nad modelem rośliny i ładu jęczmienia jarego. *IUNG Puławy, R* (235).
- Pecio A., Bichoński A., Ptasińska Z. 2000. Wpływ chemicznej ochrony roślin przed chorobami oraz gęstości siewu na wartość browarną ziarna jęczmienia jarego. *Fragm. Agron.* 3: 42 — 52.
- Pecio A., Fotyma E. 2001. Kalibracja testów NNI i SPAD dla jarego jęczmienia browarnego. *Fragm. Agron.* 3: 171 — 172.
- Rudnicki F. 2000. Wyznaczanie wpływu poszczególnych elementów plonowania na różnice plonów między obiektami doświadczalnymi. *Fragm. Agron.* 3: 53 — 65.
- Szmigiel A., Oleksy A. 1998. Wpływ technologii uprawy na plonowanie jęczmienia jarego. *Pam. Puł.* 112: 253 — 259.

ANDRZEJ BICHONSKI¹**ALICJA PECIO**²**ARTUR RADECKI-PAWLIK**³¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy³ Katedra Inżynierii Wodnej Akademia Rolnicza, Kraków

Wpływ gęstości wysiewu i nawożenia azotowego jęczmienia odmiany Rudzik na zawartość β -glukanów w brzeczce

The effects of sowing density and nitrogen fertilization on the β -glucan content of wort in barley cultivar Rudzik

Badania, których celem było określenie wpływu nawożenia azotem i gęstości siewu na zawartość β -glukanów w jęczmieniu jarym browarnym odm. Rudzik przeprowadzono w 2000 roku. Doświadczenie założono metodą losowanych bloków w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy i Nawożenia i Gleboznawstwa SD Grabów. Czynniki doświadczenia były dawki nawożenia azotem: 0, 20, 40, 60 i 80 kg N/ha, oraz gęstości siewu 200, 300, 400 i 500 ziarniaków /m². Po zbiorze ziarno zostało wysłodowane i oznaczono w nim zawartość β -glukanów. Wysoka dawka nawożenia azotowego miała niekorzystny wpływ na zawartość β -glukanów w brzeczce, a wysoka obsada wysiewu ziaren/m² wpływała korzystnie na zawartość tego składnika.

Słowa kluczowe: jęczmień jary, nawożenie azotowe, gęstość wysiewu, β -glukan

The aim of these investigations was to determine the influence of nitrogen fertilization and sowing density on the β -glucan content of winter brewery barley cv. Rudzik. The experiment was carried out in 2000 in the field of agrotechnical station Grabów. The experimental factors were differentiated nitrogen fertilization doses: 0, 20, 40, 60 and 80 kg N/ha and sowing densities: 200, 300, 400 and 500 grains per 1m². After harvest and malting of the grain, the content of β -glucans was estimated. High nitrogen doses resulted in undesirable increasing of the β -glucan content of wort, whereas a high sowing density had a positive effect on the content of this component.

Key words: β -glucan, nitrogen fertilization, sowing density, spring barley

WSTĘP

Węglowodany występujące w ziarniakach jęczmienia, spełniają dwie główne funkcje fizjologiczne, tj. są źródłem energii wykorzystywanej w procesach metabolicznych i posiadają swój udział w kształtowaniu struktury tkanek. Jęczmień zawiera około 80%

różnych węglowodanów, wśród których największą część stanowi skrobia (Henry, 1988; cyt. za Gąsiorowski, 1997). Drugą pod względem ilościowym frakcją węglowodanów są tzw. polisacharydy nieskrobiowe (NSP — ang. non starch polysaccharides), które to związki ciągle są przedmiotem intensywnych badań (Grossmann i in., 2001; Horvath i in., 2001). Ich zawartość w ziarnie jęczmienia wynosi ponad 10% (Englyst i in., 1983). Polisacharydy nieskrobiowe wchodzi w skład ścian komórkowych, tworząc wraz z włóknami celulozowymi składnik odpowiedzialny za ich strukturę. Jak podaje Moll (1991) zawartość β -glukanów większa niż 250 mg/l może utrudniać filtrację piwa. Potwierdziły to badania zdolności filtracyjnej brzezki i piwa przeprowadzone przez Narzißa i wsp. (1989 a, b), w których wykazali znaczącą korelację pomiędzy zawartością β -glukanu o wysokiej masie cząsteczkowej a „filtracyjnością” brzezki i piwa. Zjawisko takie jest szczególnie niepożądane w nowoczesnej technologii produkcji piwa o wzbogaconym ekstrakcie, gdzie zdolność brzezki do jej swobodnego przepływu w procesach filtracji ma bardzo ważne znaczenie ekonomiczne.

Celem przeprowadzonego doświadczenia było zbadanie reakcji jęczmienia browarnego odmiany Rudzik na zastosowanie różnych dawek nawożenia azotowego oraz wpływu gęstości siewu na zawartość β -glukanów w brzezce, mających bezpośredni wpływ na jej zdolność do filtracji.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie przeprowadzono z odmianą Rudzik, która uważana jest za jedną z najlepszych polskich odmian jęczmienia browarnego, chętnie skupowaną i wykorzystywaną przez browary do celów technologicznych. Ponadto jej dość wysoka wartość browarna jest w ostatnich latach wykorzystywana jako wzorzec przez COBORU w doświadczeniach przedrejestrach i innych (Kowalska i Winiarski, 1998; Kowalska i in., 2000; Węgrzyn i Bichoński, 2001). Odmiana ta była oceniana w doświadczeniu założonym metodą losowanych bloków na poletkach doświadczalnych Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Stacji Doświadczalnej w Grabowie 2000 roku. Jęczmień był uprawiany w zmianowaniu 4-półowym: owies, pszenżyto ozime, ziemniaki, jęczmień jary, na stanowisku po ziemniaku. Źródłem azotu na tym stanowisku był azot stosowany pod ziemniaki, na glebie zaliczanej do kompleksu żyniego bardzo dobrego o odczynie $\text{pH}_{\text{KCL}} = 5,7$, oraz zawartości $\text{P}_2\text{O}_5 = 12,4$, $\text{K}_2\text{O} = 8,4$ i $\text{Mg} = 9,8$ mg w 100 g gleby. W okresie przed kwitnieniem jęczmienia odnotowano wysokie temperatury i wystąpił niedobór opadów atmosferycznych. Przeprowadzono doświadczenie dwuczynnikowe: dla różnej ilości wysiewu, tj. 200, 300, 400 i 500 ziarniaków /m², z różną dawką nawożenia azotowego, tj. 0, 20, 40, 60 i 80 kg N/ha zastosowanego w całości przedsięwzięcie. Stosowano agrotechnikę zgodną z zaleceniami uprawowymi IUNG.

Analizowane ziarno w trzech powtórzeniach z każdego poletka wysładowane zostało w mikrosłodowni Zakładu Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie. Słodowanie przeprowadzono w temperaturze 12°C, po doprowadzeniu ziarna do 45% wilgotności w próbkach po 500 g. w czasie 7 dni łącznie z pochłanianiem wody przez ziarno, zgodnie dla słodów typu pilzneńskiego. Z tak otrzymanego słodu

sporządzono ekstrakt, w którym oznaczono zawartość β -glukanów za pomocą aparatu β -glucan Analizer firmy Foss Tecator (Aastrup i Erdal, 1987; Jørgensen, 1988). Wyniki opracowano statystycznie za pomocą ogólnie stosowanej dwuczynnikowej analizy wariancji.

WYNIKI I DYSKUSJA

Badana odmiana jęczmienia jarego browarnego Rudzik zareagowała wzrostem zawartości β -glukanów w uzyskanych brzeczках w miarę zagęszczania wysiewu do 400 ziaren/m², natomiast uległa znacznemu obniżeniu przy najwyższej obsadzie roślin (tab. 1).

Tabela 1

Wpływ dawki nawożenia azotowego i ilości wysiewu na zawartość β -glukanów w brzeczce
The effect of nitrogen fertilization and sowing density on the β -glucan content of wort

Nawożenie N Fertilization N (kg N/ha)	Gęstość wysiewu (ziarn/m ²) Sowing rate (seeds/m ²)	Zawartość β -glukanów β -glucan content (mg/l)
0	200	222,5
20	200	229,0
40	200	219,3
60	200	242,4
80	200	238,7
0	300	226,5
20	300	227,2
40	300	244,2
60	300	237,0
80	300	252,4
0	400	253,3
20	400	189,5
40	400	275,0
60	400	233,6
80	400	234,7
0	500	206,6
20	500	230,1
40	500	190,6
60	500	240,0
80	500	204,8

Badania prowadzone przez Noworolnika (1993) wykazały, że dwurzędowe odmiany jęczmienia jarego niejednakowo reagują na gęstość siewu, co wiąże się z ich krzewistością oraz wymaganiami świetlnymi. Jednocześnie, według tego samego autora (1995) wraz z zagęszczaniem obsady roślin na poletku zwiększa się wyraźnie liczba kłosów, pomimo zmniejszonego rozkrzewienia produkcyjnego roślin. Jak podaje Gąsiorowski (1997), głównymi składnikami ścian komórkowych komórek warstwy aleuronowej i bielma dojrzałego ziarna jęczmienia są arabinoksylany i β -glukany stanowiące razem ponad 95% polisacharydów zawartych w tych tkankach. Jednak zaobserwowane zjawisko nie miało charakteru ciągłego. Przekroczenie bowiem granicy wysiewu 400 ziaren/m² powodowało znaczny spadek zawartości β -glukanów w analizowanym materiale. Podobną zależność opisał Mekis (1992) — w przypadku węgierskich odmian jęczmienia browarnego poziom

zawartości β -glukanów był funkcją gęstości siewu. Ilość glukanów stopniowo wzrastała wraz ze wzrostem liczby roślin rosnących na jednostce powierzchni, ale tylko do określonej granicy około 500 roślin/m². Powyżej tej granicy stopniowo malała zawartość tych składników. Zatem jednym ze sposobów obniżenia zawartości β -glukanów w jęczmieniu może być odpowiednie zwiększenie ilości jego wysiewu. Jednak reakcja tego zboża na gęstość siewu zależy od wielu czynników, a optymalne ilości wysiewu podawane przez różnych autorów są zróżnicowane, gdyż doświadczenia były przeprowadzane w różnych warunkach (Kirby, 1969; Afendylov, 1975; Rawicki, 1976; Akbay i in., 1983; Ruszkowski, 1988).

Reakcja badanej odmiany jęczmienia jarego na poziom zawartości β -glukanu w uzyskanych brzezcach przy wzrastającym nawożeniu azotowym była zróżnicowana (tab. 1). Odmiana Rudzik wykazała istotny spadek ilości glukanów przy dość niskim poziomie nawożenia N (20 kg N/ha) w stosunku do kontroli (brak nawożenia N). Na dalszy wzrost nawożenia azotem odmiana reagowała wzrostem zawartości β -glukanów. Tendencja taka utrzymywała się do poziomu 60 kg N/ha, następnie zawartość β -glukanów nieznacznie spadła (tab. 2).

Tabela 2

Średnie wartości cech i zakresy ich zmienności
Mean values and range of variability

Wyszczególnienie Item	Zawartość β -glukanów w brzezcze (mg/l) β -glucan content of wort (mg/l)								
	gęstość wysiewu sowing rate				nawożenie N fertilization N				
	200	300	400	500	0	20	40	60	80
Średnia Mean	230,4	237,5	237,2	214,4	227,2	219,0	232,3	238,2	232,6
Odchylenie standardowe Standard deviation	10,01	11,12	31,55	20,13	3,70	9,83	17,96	1,90	10,30
Zakres Range	23,10	25,90	85,50	49,40	46,70	40,60	84,40	8,80	47,60
Minimum Min.	219,30	226,50	189,50	190,60	206,60	189,50	190,60	233,60	204,80
Maksimum Max.	242,40	252,40	275,00	240,00	253,30	230,10	275,00	242,40	252,40
NIR — LSD _{0,05} : dla nawożenia N for N fertilization — 25,64 dla gęstości siewu for sowing rate — 28,47 dla interakcji for interaction — 0,98									

Należy również zaznaczyć, że zbyt wysoka dawka nawożenia azotowego zastosowana w uprawie jęczmienia browarnego może prowadzić do nadmiernego wzrostu procentowej zawartości białka, co jest zjawiskiem bardzo niepożądanym. Jak podaje Noworolnik (1998) w miarę podwyższenia poziomu nawożenia azotem słabnie dodatnia reakcja jęczmienia jarego na wzrastającą gęstość siewu. Pomimo że duże dawki nawożenia azotem mogą

przyczynić się do korzystnego wzrostu liczby kłosów w wyniku lepszego rozkrzewienia produkcyjnego roślin, to jednocześnie niekorzystnie podwyższały zawartość β -glukanów w analizowanych brzezkach.

WNIOSKI

1. Badana odmiana jęczmienia jarego browarnego Rudzik reagowała dużym korzystnym obniżeniem się zawartości β -glukanów w brzezkce przy gęstości wysiewu 500 zian/m². Niższe ilości wysiewu w granicach 200 do 400 ziaren/m² nie powodowały większych zmian w zawartości β -glukanów.
2. W efekcie zwiększenia poziomu nawożenia azotem do 60 kg N/ha, zawartość β -glukanów w badanej brzezkce uległa niekorzystnemu wzrostowi, natomiast po zastosowaniu dawki 80 kg N/ha uległa nieznacznemu obniżeniu.
3. Najniższą zawartością β -glukanów charakteryzowały się brzezki otrzymane z jęczmienia, którego gęstość siewu wynosiła 500 ziaren na 1 m² i przy nawożeniu azotowym wynoszącym odpowiednio: 40, 0 oraz 80 kg N/ha.

LITERATURA

- Aastrup S., Erdal K. 1987. A mass balance study of β -glucan in malt, spent grains and wort using the Calcofluor method. Proc. Eur. Brew. Cong. Madrid: 353 — 360.
- Afendylox K. 1975. Dejstvie udobrenij i gustoty poseva na veličini i kačestvo urožaja jarovogo jačmenja. Vest. Selskochoz. Nauki 4: 15 — 19.
- Akbay G., Genctan T., Ozgan M. 1983. Ekim sikliginin iki ve altisiralı arpalarda tane ve protein verimleri. Uludag Univ. Zir. Fak. 2 (1): 95 — 105.
- Englyst H. N., Anderson V., Cummingst J. H. 1983. J. Sci Food Agric. 34: 1434 — 1437.
- Gąsiorowski H. (red.). 1997. Jęczmień, chemia i technologia. PWRiL, Warszawa.
- Grossmann O., Baumer M., Back W. 2001. Laboratory method for limitation of the bursting of brewery barley grain. Monatsschrift für Brauwissenschaft. 54 (11–12): 225 — 232.
- Horvath H., Jensen L. G., Wong O. T., Kohl E., Ullrich S. E., Cochran J., Kannangara C. G., von Wettstein D. 2001. Stability of transgenic expression, field performance and recombination breeding of transformed barley lines. Theor. Appl. Genet. 102 (1): 1 — 11.
- Jørgensen K. G. 1988. Quantification of high molecular weight (1-3) (1-4)- β -D-glucan using Calcofluor and flow injection analysis. I. Analytical principle and its standardization. Calsberg Res. Commun. 53: 277 — 285.
- Kirby E. J. 1969. The effect of sowing date and plant density on barley. Ann. Appl. Biol. 63: 519 — 521.
- Kowalska M., Winiarski J. 1998. Wartość krajowych odmian i rodów jęczmienia jarego w porównaniu z odmianami zagranicznymi. Biul. IHAR 207: 35 — 49.
- Kowalska M., Bichoński A., Burek J. 2000. Wartość zagranicznych odmian jęczmienia jarego browarnego w warunkach Polski w porównaniu z odmianami i rodami hodowli krajowej. Biul. IHAR 214: 115 — 127.
- Mekis E. 1992. Effect of sowing density and variety quality on the β -glucan content of barley. Mat. Konf. Barley for food and malt. Uppsala.
- Moll M. 1991. Bières slcoolisées à faible teneur ou sans alcool et coolers. Wyd. APRIA, Tec. Et Doc. Lavoisier. Paris.
- Narziß L., Reicheneder E., Edney M.J. 1989 a. Studying beer filtration with an accurate beta-glucan assay. Brauwissenschaft 7: 277 — 285.
- Narziß L., Reicheneder E., Edney M. J. 1989 b. Importance of beta-glucan size and concentration in malting. Brauwissenschaft 11: 430 — 437.

- Noworolnik K. 1993. Reakcja odmian jęczmienia jarego na gęstość siewu. Biul. IHAR 185: 49 — 53.
- Noworolnik K. 1995. Reakcja odmian i rodów jęczmienia jarego na gęstość i termin siewu. Biul. IHAR 193: 45 — 50.
- Noworolnik K. 1998. Wpływ właściwości odmian i czynników siedliskowych na reakcję jęczmienia jarego na gęstość siewu i nawożenie azotem. Biul. IHAR 207: 63 — 68.
- Ruszkowski M. 1988. Obsada a produktywność roślin zbożowych Mat. Konf. Nauk. „Obsada a produktywność roślin uprawnych” Cz I: 7 — 24.
- Sawicki J. 1976. Wpływ ilości wysiewu na plon i strukturę plonu ziarna jęczmienia jarego. Acta Agr. et Silv. Ser. Agr. 16 (2): 101 — 166.
- Węgrzyn S., Bichoński A. 2001. Zróżnicowanie i genetyczne uwarunkowanie cech wartości technologicznej jęczmienia jarego browarnego. Biul. IHAR 302: 153 — 159.

ANDRZEJ BICHONSKI¹**ALICJA PECIO**²**ARTUR RADECKI-PAWLIK**³¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy³ Katedra Inżynierii Wodnej, Akademia Rolnicza, Kraków

Wpływ chemicznej ochrony jęczmienia browarnego odmiany Rudzik na zawartość β -glukanów w brzeczce

Influence of chemical protection of spring brewery barley cultivar Rudzik on β -glucan content in wort

Badania, których celem było określenie wpływu chemicznej ochrony roślin na zawartość β -glukanów w jęczmieniu jarym odmiany browarnej Rudzik przeprowadzono w 2000 roku. Doświadczenie założono metodą losowanych bloków w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy i Nawożenia i Gleboznawstwa SD Grabów. Badaniami objęto wpływ terminu aplikacji fungicydów i skuteczność zabiegów chemicznej ochrony roślin. Po zbiorze ziarno zostało wysładowane. W uzyskanym ze słoju ekstrakcie oznaczono zawartość β -glukanów. Herbicydy Chwastox 300 SL i Granstar 75 WG ze wspomagaczem Trend 90 EC nie spowodowały istotnych zmian w zawartości β -glukanów w brzeczce. Natomiast ujemny wpływ niektórych fungicydów zaobserwowano w przypadku późniejszego terminu ich zastosowania

Słowa kluczowe: jęczmień jary, herbicydy, fungicydy, β -glukan

The aim of this research was to determine the influence of chemical protection of brewery barley on β -glucan content of wort. The influence of fungicide application time and effectiveness of chemical plant protection methods were evaluated. The study was carried out in 2000 on barley cv. Rudzik at the agrotechnical station in Grabów. After harvest the grain was malted, and the content of β -glucan was estimated. It was found that the herbicides Chwastox 300 SL and Granstar 75 WG with adjuvant Trend 90 EC had no significant effects upon β -glucan content of wort. In contrast, the negative influence of some fungicides on this trait was observed if they were applied in later terms during the vegetation period of barley.

Key words: spring barley, herbicides, fungicides, β -glucan

WSTĘP

W ostatnich latach przeprowadzane są intensywne badania dotyczące wyjaśnienia roli i struktury β -glukanów ze słodu, nazywanych wcześniej enzymami cytolitycznymi (Annemüller i in., 1996; Psota i in., 2002; Letters, 1977; Senge i Annemüller, 1995; Wagner, 1990; Wagner i Krüger, 1990; Grossmann i in., 2001; Horvath i in., 2001). Zadaniem ich jest rozkładanie tworzywa ścian komórkowych bielma, a więc mają bezpośredni wpływ na tzw. rozluźnienie słodu. Enzymy rozpuszczające β -glukan stanowią ok. 75% budulca ścian komórkowych. Enzymy te aktywują się w czasie słodowania jęczmienia i podczas zacierania słodu. Jednak w czasie suszenia słodu, w podwyższonej temperaturze ulegają znacznej dezaktywacji, bo tylko ok. 40–50% z nich przechodzi do zacieru. Przy słabo rozluźnionych słodach konieczny jest dodatek preparatów enzymatycznych zawierających β -glukanazy, w celu uniknięcia trudności przy filtracji brzezki i piwa. Poza hamowaniem procesu filtracji, przechodzące do piwa β -glukany, mogą być także przyczyną jego zmętnienia (Brudziński, 1996). Jak podaje Narziß i wsp. (1989) większa zawartość β -glukanów niż 250 mg/l może utrudniać filtrację brzezki z powodu ich ciężaru cząsteczkowego, jak i ich ogólnej ilości. Dlatego wprowadzenie nowego środka ochrony roślin do upraw jęczmienia browarnego powinno być poprzedzone szczegółowymi badaniami jego wpływu na wartość technologiczną uzyskiwanego surowca. Jak podają Grzesiuk (1973) oraz Klimont i Dul (1998) poza niszczeniem chwastów herbicydy mogą wywierać niepożądany wpływ uboczny na rośliny uprawne, zmieniając ich właściwości fizjologiczne i biochemiczne. Działanie to zależy od natury chemicznej i dawki substancji aktywnej, gatunku rośliny oraz czynników środowiskowych.

Celem przeprowadzonego doświadczenia było zbadanie wpływu różnych chemicznych środków ochrony roślin i terminu ich zastosowania na zawartość β -glukanów w odmianie jęczmienia jarego browarnego Rudzik, które mają bezpośredni wpływ na zdolność brzezki do jej filtracji.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie przeprowadzono na jęczmieniu jarym odmiany Rudzik. Odmiana ta była oceniana w doświadczeniu założonym metodą losowanych bloków na poletkach doświadczalnych Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa SD Osiny w 2000 roku. Jęczmień był uprawiany w zmianowaniu czteropolowym: owies, pszenżyto ozime, ziemniaki, jęczmień jary, zawsze na stanowisku po ziemniakach. W okresie przed kwitnieniem wystąpił niedobór opadów atmosferycznych dla tego okresu, a wysokie temperatury w okresie kwitnienia jęczmienia. Doświadczenie przeprowadzono na glebie zaliczanej do kompleksu żyniego bardzo dobrego o zawartości $P_2O_5 = 12,4$, $K_2 = 8,4$ i $Mg = 9,8$ mgw 100 g gleby, a źródłem azotu był azot z obornika stosowanego pod ziemniaki. Zastosowane zostały takie substancje chemiczne jak:

— Chwastox — MCPA-preparat zwalczający chwasty dwuliścienne,

- Granstar 75WG + Trend Tribenuron metylowy-preparat, zwalczający chwasty dwuliścienne z etoksylovanym alkoholem izobecylowym,
- Capitan 250 EW — Flusilazol z grupy triazoli, hamujący powstawanie ergosterolu, który jest składnikiem niezbędnym do budowy ścian komórkowych patogena,
- Amistar — Azoksystrobina z grupy strobilurin, hamujący powstawanie energii w komórkach patogena,
- Cerelux 510 SC — Flisilazol z grupy triazoli, hamujący powstawanie ergosterolu. Tridemorf z grupy morfolin hamujący powstawanie ergosterolu,
- Tango 500 SC — Epoksykonazol z grupy triazoli, hamujący powstawanie ergosterolu. Tridemorf z grupy morfolin, hamujący powstawanie ergosterolu,
- Charisma 207 EC — Flusilazol z grupy triazoli, hamujący powstawanie ergosterolu. Famoxote z grupy oksazolidyn, hamujący powstawanie energii w komórkach patogena,
- Alert 375 SC — Flusilazol z grupy triazoli, hamujący powstawanie ergosterolu. Karbendazym z grupy benzimidazoli hamujący podziały mitotyczne komórek patogena.

Tabela 1

Schemat doświadczenia, średnie wartości cech i zakresy ich zmienności
Diagram of the experiment, mean values and range of variability

Termin zabiegu Date of treatment	Nazwa preparatu Name of preparation	Dawka Dose (l/ha)	Zawartość β-glukanów β-glucan content (mg/l)
	Kontrola Control		220,7
	Chwastox	3	211,1
	Granstar	15 g/ha	213,4
T1	Capitan 250 EW	0,65	166,3
	Amistar 250 SC	1	188,4
	Granstar 15 g/ha + Trend 0,05%	0,8	194,6
	Cerelux 510 SC	0,8	200,3
	Tango 500 SC	1,5	174,2
	Charisma 207 EC	1	203,5
	Alert 375 SC		
T2	Capitan 250 EW	0,65	186,4
	Amistar 250 SC	1	231,2
	Granstar 15 g/ha + Trend 0,05%	0,8	226,0
	Cerelux 510 SC	0,8	230,5
	Tango 500 SC	1,5	202,3
	Charisma 207 EC	1	228,0
NIR _(0,05)			0,31
LSD _(0,05)			
Średnia Mean			205,13
Odchylenie standardowe Standard deviation			20,47
Zakres Range			64,9
Minimum — Min.			166,3
Maksimum — Max.			231,2

Schemat przeprowadzonego doświadczenia zamieszczono w tabeli 1. Preparat Trend 90 EC (etoksylogowany alkohol izobecylowy) firmy Du Pont Conoco jest surfaktantem (wspomagacz), który zastosowano w dawkach 0,05–0,1% na 100 l. Herbicydy stosowano od fazy 3. liścia do fazy końca krzewienia jęczmienia (większość chwastów w fazie 2–4 liści). T1 — 1. termin stosowania fungicydów od fazy początku strzelania w źdźbło do fazy 2. kolanka (f. 30–32 w skali Zadoksa). T2 — 2. termin stosowania fungicydów: od fazy zwiniętego liścia flagowego do końca fazy ukazywania się pierwszych ości (f. 37–47). Dobór środków chemicznych opierał się na ich sposobie działania, zależnie od rodzaju substancji aktywnej.

Analizowane ziarno wysładowano w mikrosłodowni Zakładu Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie. Słodowanie przeprowadzono w temperaturze 12°C, po doprowadzeniu ziarna do 45% wilgotności w próbkach po 500 g w czasie 7 dni łącznie z pochłanianiem wody przez ziarno, zgodnie dla słodów typu pilzneńskiego. Z tak otrzymanego słodu sporządzono ekstrakt, w którym oznaczono w trzech powtórzeniach zawartość β -glukanów za pomocą aparatu β -glucan Analizer firmy Foss Tecator (Aastrup i Erdal, 1987; Jørgensen, 1988).

WYNIKI I DYSKUSJA

Poddana badaniom odmiana jęczmienia jarego browarnego Rudzik, zareagowała zróżnicowaną zawartością β -glukanów zarówno w zależności od zastosowanego środka ochrony roślin, jak i od terminu jego zastosowania (tab. 1). Najniższe wartości (166,3 i 174,2 mg/l) wystąpiły przy zastosowaniu preparatów Capitan 250 EW i Charisma 207 EC zastosowanych w pierwszym terminie, tj. od fazy początku strzelania w źdźbło do fazy 2. kolanka. Jednocześnie zaobserwowano, że zastosowanie preparatu Capitan 250 EW w późniejszym terminie, tj. od fazy zwiniętego liścia flagowego do końca fazy ukazywania się pierwszych liści, zawartość badanego składnika była znacznie niższa (186,4 mg/l) niż w zasiewach kontrolnych bez ochrony (220,7 mg/l). Preparaty: Amistar 250 SC, Cerelex 510 SC, Tango 500 SC i Alert 375 SC zastosowane we wcześniejszym terminie wpływały korzystnie na obniżenie zawartości β -glukanów w słodzie, a zastosowane w późniejszym terminie niekorzystnie podnosiły ich zawartości.

W literaturze można się spotkać z różnymi poglądami odnośnie stosowania środków ochrony roślin w zasiewach zbóż. Sowiński (1974) zajmował się badaniem wpływu herbicydów, w tym Chwastoxu na wartość browarną jęczmienia i słodu na tle ich efektywności chwastobójczej. Stwierdził, że preparaty najslabiej niszczące chwasty i zawierające substancje czynne 2,4 D i MCPA nie wykazały zasadniczego wpływu na jakość słodu jęczmienia. Natomiast herbicydy zawierające co najmniej jedną z substancji MCPA lub 2,4 D w większym stopniu niszczyły chwasty, ale jednocześnie pogarszały jakość słodu. Ponad to autor dodaje, że w uprawie jęczmienia browarnego nie powinno się w ogóle stosować herbicydów. W badaniach Pawłowskiej i wsp. (1999) wszystkie zastosowane herbicydy zmniejszyły w znacznym stopniu liczebność i masę chwastów w porównaniu z obiektem nieodchwaszczanym. Pomimo że nie stwierdzono ujemnego oddziaływania badanych środków chemicznych, to potwierdzono niekorzystny ich wpływ

na wartość browarną. Pecio i wsp. (2001) wykazali, że użycie środków grzybobójczych na obiektach chronionych przed chwastami miało niejednakowy wpływ na cechy ziarna i słodu. Były one uzależnione od zastosowanego środka chemicznego oraz terminu jego zastosowania. Podobnie i w badaniach własnych rodzaj i termin zastosowanych fungicydów wpływał na ilość występujących β -glukanów w brzeczce, a więc i na jej wartość przemysłową. Natomiast inni autorzy, tj. Mikyška i wsp. (2002) uważają, że zawartość β -glukanów w jęczmieniu, słodzie i brzeczce zależy w głównej mierze od odmiany i miejsca jej uprawy, a najwyższą ich korelację zaobserwowali pomiędzy słodem i brzeczka.

WNIOSKI

1. Oprysk herbicydami Chwastox 300 SL i Granstar 75 WG ze wspomagaczem Trend 90 EC nie spowodował istotnych zmian w zawartości β -glukanów w brzeczce.
2. Badane fungicydy wywierały wpływ na wartość technologiczną jęczmienia odmiany Rudzik, a efekt działania zastosowanego preparatu był zróżnicowany i zależał od terminu jego zastosowania.
3. Wszystkie fungicydy zastosowane w terminie od fazy początku strzelania w źdźbło, do fazy 2. kolanka korzystnie obniżały zawartość β -glukanów w brzeczce, natomiast preparaty Tango 500 SC i Amistar 250 SC wpływały na niekorzystny ich wzrost przy zastosowaniu w późniejszym terminie, tj. od fazy zwiniętego liścia flagowego do końca fazy ukazywania się pierwszych ości.

LITERATURA

- Annemüller G., Bauch Th., Nogel R., Böhm W. 1996. Endo- β -glucanase levels a measure for the „cytolytic power” of malt? Brauwelt 4: 312 — 317.
- Aastrup S., Erdal K. 1987. A mass balance study of β -glucan in malt, spent grains and wort using the Calcofluor method. Proc. Eur. Brew. Congress Madrid 353 — 360.
- Brudziński A. 1996. Uwarunkowania biotechnologiczne wpływające na jakość piwa. „Polagra 96”. 20. 09. 1996.
- Grossmann O., Baumer M., Back W. 2001. Laboratory method for limitation of the bursting of brewery barley grain. Monatsschrift für Brauwissenschaft 54 (11-12): 225 — 232.
- Grzebiuk S. 1973. Uboczny wpływ preparatów na wartość biologiczną nasion. Post. Nauk Rol. 3 (140): 54 — 60.
- Horvath H., Jensen L. G., Wong O. T., Kohl E., Ullrich S. E., Cochran J., Kannangara C. G., von Wettstein D. 2001. Stability of transgene expression, field performance and recombination breeding of transformed barley lines. Theor. Appl. Genet. 102 (1): 1 — 11.
- Jørgensen K. G. 1988. Quantification of high molecular weight (1-3)(1-4)- β -D-glucan using Calcofluor and Flow Injection Analysis. I. Analytical principle and its standardization. Calsberg Res. Commun. 53: 277 — 285.
- Klimont K., Dul S. 1998. Ocena chwastobójczego działania preparatu Lintur 70 WG oraz jego wpływ na plon i wartość siewną ziarna jęczmienia jarego. Biul. IHAR 207: 93 — 97.
- Pawłowska J., Pecio A., Bichoński A. 1999. Wpływ różnych dawek herbicydów z dodatkiem adiuwanta na odchwaszczenie, plonowanie i wartość browarną jęczmienia jarego. Progress in plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin. 39 (2): 676 — 679.

- Pecio A., Szeleźniak E., Matysiak R., Bichoński A. 2001. Wpływ intensyfikacji ochrony roślin na plonowanie, zachwaszczenie, zdrowotność i wartość browarną jęczmienia jarego. *Progress in Plant Protection/Postępy w Ochronie Roślin* 41 (2): 822 — 825.
- Psota V., Ehrenbergerová J., Havlová P., Hartmann J. 2002. Beta-glucan content in caryopses. Malt and wort of the selected spring barley varieties. *Brauwissenschaft* 1/2: 10 — 14.
- Letters R. β -Glucan in brewing. 1977. EBC-Proceedings Amsterdam: 211 — 222.
- Mikyška A., Prokeš J., Hašková D., Hawlowá P., Poldniková M. 2002. Einfluss von Sorte und Anbaugbiet auf den Gehalt an Pentosanen und β -Glucanen in Gerste, Malz und Würze. *Brauwissenschaft* 5/6: 88 — 95.
- Narziß L., Reichender E., Edney M. J. 1989. Studying beer filtration with an accurate beta-glucan assay. *Brauwissenschaft* 7: 277 — 285.
- Senge B., Annemüller G. 1995. Strukturaufklärung von β -Glucanausscheidungen eines Biers. *Brauwissenschaft* 11/12: 356 — 369.
- Sowiński J. 1974. Wpływ herbicydów na plon oraz jakość browarną ziarna jęczmienia i słodu. *Rocz. AR w Poznaniu. Prace habilitacyjne* 48: 1 — 76.
- Wagner N. 1990. β -Glucan im Bier und Bedeutung dieser Stoffgruppe für die Bierfiltration. Dissertation. TU. Berlin.
- Wagner N., Krüger E. 1990. Rheologische Eigenschaften der β -Glucane in Bier. Teil 1. Differenzierung der Viskosität, die durch β -Glucane hervorgerufen wird. *Monatsschrift f. Brauwissenschaft* 43, Nr. 10: 328 — 335.

ALICJA PECIO**ANDRZEJ BICHOŃSKI**

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Plon i jakość browarna ziarna jęczmienia jarego w zależności od sposobu ochrony roślin przed chorobami

Grain yield and malting quality of spring barley depending on plant protection against diseases

Badania prowadzono w Zakładzie Doświadczalnym IUNG Kępa (woj. lubelskie) w latach 1996–1998 oraz w Stacji Doświadczalnej IUNG Osiny (woj. lubelskie) w latach 1997–1998 i 1998–2000. Stwierdzono pozytywny wpływ chemicznej ochrony roślin przed chorobami na plon i jakość ziarna jęczmienia. Skuteczność działania środków chemicznych związana była z przebiegiem warunków pogodowych w okresie wegetacji. Badane fungicydy stosowane w formie opryskiwania roślin powodowały istotne zwiększenie plonu ziarna jęczmienia, ograniczały porażenie roślin chorobami grzybowymi oraz poprawiały wartość browarną ziarna. Porównanie fungicydów o różnym mechanizmie działania wykazało, że najkorzystniejszy wpływ na plon ziarna jęczmienia i jego jakość miał preparat Charisma 207 EC, zawierający w swym składzie dwie substancje aktywne: famoxate, hamujący wytwarzanie energii w komórkach patogena oraz flusilazol, ograniczający powstawanie ergosterolu niezbędnego do budowy ścian komórkowych patogena. Opóźnienie stosowania fungicydów zmniejszało ich skuteczność w zwalczaniu plamistości siatkowej, powodując redukcję plonu ziarna i pogorszenie parametrów wartości browarnej. Związane to było z pojawieniem się choroby we wczesnych fazach rozwojowych jęczmienia.

Słowa kluczowe: choroby grzybowe, fungicydy, jęczmień, plon ziarna, wartość browarna

The investigations on spring barley were carried out at the Experimental Station (ES) of IUNG in Kępa in the years 1996–1998 and at the ES of IUNG in Osiny in the years 1997–1998 and 1998–2000. Positive effects of plant spraying with fungicides on grain yield and its quality were observed. They were shown in the diminished infestation of plants with fungal diseases, significant increase of grain yield and improved malting quality of the grain. The effectiveness of chemical protection depended on the weather conditions during the vegetation periods. The best effects were obtained with Charisma 207 EC, containing two complementary active substances: famoxate and flusilazole. The former inhibits the production of energy in pathogen cells, whereas the latter reduces the production of ergosterol, the component being necessary for building pathogen cell walls. A delay in plant spraying with fungicides caused the diminished effectiveness of treatment in controlling net blotch infestation,

as the disease appeared at the early stages of barley plants development. This, in turn, resulted in the declined grain yield and decreasing of its malting quality.

Key words: fungal diseases, fungicides, grain yield, malting quality, spring barley

WSTĘP

Silne porażenie roślin przez patogeny powoduje zmniejszenie powierzchni asymilacyjnej i obniża fotosyntezę, co prowadzi do spadku zawartości węglowodanów w ziarniakach (Owera i in., 1981; Szempliński i Rzepiński, 1998). W ochronie roślin przed chorobami grzybowymi wykorzystuje się niemal wyłącznie metody chemiczne. Stosowanie chemicznej ochrony roślin wpływa na przedłużenie czasu trwania zielonej powierzchni liści (Ruiter i Brooking, 1996). Większa powierzchnia zielona wytworzona w okresie przed kwitnieniem jęczmienia determinuje większą powierzchnię, która bierze udział w fotosyntezie po kwitnieniu (Bertholdsson, 1999; Przulj i Momcilovic, 2001). Jest to istotne dla dobrego wykształcenia ziarna i uzyskania pożądanej jakości browarnej.

Korzystny wpływ fungicydów na plonowanie jęczmienia jarego stwierdziło wielu autorów (Kaniuczak, 1997; Kaniuczak 2001, Maumene i Couleaud, 1998; Smith i in., 1992). Stosowanie fungicydów może jednak powodować wzrost zawartości białka w ziarnie.

Środki chemiczne do zwalczania chorób grzybowych roślin różnią się sposobem działania, co wynika z ich składu chemicznego (Jańczak, 1999; Joshi i Stenberg, 1997). Różne ich działanie odnosi się również do metabolizmu rośliny, a w konsekwencji do ich wpływu na jakość ziarna jęczmienia. Nieodzownym czynnikiem jest odpowiedni dobór skutecznych fungicydów, które należy stosować we właściwym czasie, związanym z pojawianiem się pierwszych objawów chorobowych (Maumene i Couleaud, 1998). Opóźnione ich stosowanie, wywołane nadzieją uniknięcia oprysku jest ryzykowne, gdyż fungicyd może się okazać mało skuteczny lub nie skuteczny. Porażone przez choroby grzybowe rośliny dają wówczas słabiej wykształcone ziarno, a tym samym zwiększa się w nim zawartość białka i pogarszają parametry wartości browarnej.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu stosowania chemicznej ochrony roślin przed chorobami w łanie jęczmienia na plon i jakość browarną ziarna.

MATERIAŁ I METODY

Podstawę opracowania stanowią wyniki badań nad jęczmieniem jarym uzyskane w ścisłych doświadczeniach polowych przeprowadzonych w SD IUNG Osiny w latach 1997–1998 i 1998–2000 oraz w ZD IUNG Kępa w latach 1996–1998. Charakterystykę siedliska, przebieg warunków pogodowych oraz szczegółowe omówienie wyników przedstawiono w opracowaniach częściowych (Kozłowska-Ptaszyńska i Pecio, 1999; Pecio i in., 2000 a; Pecio i in., 2000 b; Pecio i in., 2002). W pracy przedstawiono tylko uogólnienia wynikające z przeprowadzonych badań dotyczące znaczenia chemicznej ochrony roślin przed chorobami w uprawie jęczmienia jarego na cele browarne.

W badaniach prowadzonych w SD Osiny w latach 1997–1998 porównywano różne sposoby ochrony zasiewów jęczmienia jarego odmiany Mobek. Choroby grzybowe zwalczano w fazie strzelania w źdźbło za pomocą dwuskładnikowego fungicydu Tango 500 SC (triazol + morfolina) w dawce 0,8 l/ha. Bronowanie wykonywano broną średnią na początku i w końcu fazy krzewienia jęczmienia.

W doświadczeniu przeprowadzonym w ZD Kępa z jęczmieniem ród BKH 2794 w latach 1996–1998 stosowano oprysk fungicydem Alert 375 SC w fazie początku kłoszenia w dawce 1 l/ha.

W dwuczynnikowym doświadczeniu przeprowadzonym z jęczmieniem odmiany Rudzik w SD Osiny w latach 1998–2000 uwzględniono 4 fungicydy różniące się substancjami aktywnymi (tab. 6). Oprysku dokonano w dawkach zalecanych przez producenta w jednym z dwóch terminów: T1 — od fazy pierwszego do fazy drugiego kolanka (31–32 BBCH) lub T2 — w okresie pomiędzy fazą widocznego liścia flagowego a fazą ukazywania się pierwszych ości (37–49 BBCH).

WYNIKI

Zwalczanie chorób w fazie strzelania w źdźbło jęczmienia

Porównanie różnych sposobów ochrony zasiewów jęczmienia jarego odmiany Mobek wykazało istotne znaczenie chemicznej walki z chorobami grzybowymi jęczmienia browarnego. Zarówno triazole, jak i morfoliny są inhibitorami biosyntezy ergosterolu u grzybów (Jańczak, 1999). Działanie triazoli polega na hamowaniu rozwoju ssawek grzybów w komórkach porażonych roślin. Natomiast działanie morfolin prowadzi do nieodwracalnych uszkodzeń ścian komórkowych grzybów.

Najwyższy plon ziarna uzyskano na obiektach, gdzie stosowano fungicyd (tab. 1).

Tabela 1

Cechy ziarna i łanu jęczmienia zależnie od zabiegów ochrony roślin. SD Osiny 1997–1998
Barley grain and canopy parameters as influenced by different measures of plant protection.

Experimental Station Osiny 1997–1998

Obiekt Treatment	Plon ziarna Grain yield (t·ha ⁻¹)	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)	Wyleganie Lodging (skala 1–9)	Zdrowotność łanu Canopy healthiness (skala 1–9)
Kontrola Control	4,97 b*	44,4 c	5,5 a	5,1 c
Herbicyd, fungicyd Herbicide, fungicide	5,47 a	46,8 a	5,8 a	7,7 a
Bronowanie 2-krotne, fungicyd Harrowing 2 times, fungicide	5,40 a	47,5 a	6,2 a	7,4 a
Bronowanie 2-krotne Harrowing 2 times	5,12 b	45,9 b	5,8 a	6,8 b

* Wartości różniące się istotnie przy $\alpha = 0,05$ oznaczono różnymi literami

* Values marked with different letters are significantly different at $\alpha = 0.05$

Wszystkie zastosowane zabiegi, a szczególnie w kombinacji z fungicydem (komb. 2 i 3), skutkowały zwiększeniem masy 1000 ziaren i poprawiały zdrowotność roślin w stosunku do obiektu kontrolnego.

Stosowanie fungicydu Tango 500 SC miało pozytywny wpływ na jakość uzyskanego ziarna, które w stosunku do ziarna z pozostałych obiektów, charakteryzowało się lepszą celnością, a słód — korzystniejszym stopniem odfermentowania brzezki i siłą diastatyczną (tab. 2). Wyższa w stosunku do obiektu kontrolnego zawartość białka w ziarnie mieściła się w granicach normy przyjętej w browarnictwie.

Tabela 2

Parametry ziarna i słodu jęczmienia (Mobek 1997–1998) w zależności od zabiegów ochrony zasiewów
Barley grain and malt parameters as effected by different measures of plant protection

Obiekt Treatment	Celność ziarna Grain filling	Zawartość białka w ziarnie Protein content	Ekstraktywność słodu Malt extractivity	Stopień odfermentowania brzezki Fermentability	Siła diastatyczna Diastatic power
Norma Norm	> 95%	10,5–11,5%	≥ 79,5 %	> 80 %	≥ 240 ⁰ WK
Kontrola Control	93,0	10,6	83,5	81,2	313
Herbicyd, fungicyd Herbicide, fungicide	95,3	11,1	83,2	80,9	352
Bronowanie 2-krotne, fungicyd Harrowing 2 times, fungicide	96,1	11,0	83,1	80,1	343
Bronowanie 2-krotne Harrowing 2 times	93,7	11,0	82,7	79,3	318

Zwalczanie chorób w fazie początku kłoszenia jęczmienia

Fungicyd Alert 375 SC zawiera w swym składzie dwa składniki biologicznie aktywne, są to fluzilazol i karbendazym. Fluzilazol z grupy triazoli ogranicza powstawanie ergosterolu, a karbendazym, z grupy benzimidazoli, jest inhibitorem podziałów mitotycznych komórek grzyba (Jańczak, 1999; Smith i in., 1992).

Tabela 3

Wkład i udział w plonie ziarna jęczmienia elementów struktury plonu po zastosowaniu fungicydu
(1996 i 1998)
Contribution and partitioning in barley grain yield of yield components after fungicide treatment
(1996 and 1998)

Plon i elementy struktury Yield and its components	Ochrona roślin Plant protection		Wkład Contribution		Udział Partitioning
	0	Alert 375 SC	t·ha ⁻¹	%	%
Plon ziarna (t·ha ⁻¹) Grain yield	3,98	4,71	—	—	—
Obsada kłosów na 1 m ² Spikes per 1 m ²	686	693	0,04	1,0	5,4
Liczba ziaren w kłosie No. of grains per spike	15,8	17,2	0,37	9,3	50,7
Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	40,1	43,2	0,32	8,0	43,9
Suma Sum	—	—	0,73	18,3	100
Błąd oceny Estimation error	9,3 %				

Mechanizm działania związków benzimidazolowych wiąże się z zakłóceniem mitotycznego podziału jądra w wyniku reakcji benzimidazoli z białkiem mikrotubuli (tubulina). Stwierdzono pozytywny wpływ fungicydu Alert 375 SC na plonowanie jęczmienia jarego. Średnio w trzyleciu plon ziarna zwiększył się o 0,58 t/ha (tab. 3). Analiza wykonana metodą Rudnickiego (2000) wykazała, że zwyżka plonu związana była ze wzrostem liczby ziaren z kłosa i masy 1000 ziaren.

Niezależnie od tego czy stosowano fungicyd czy też nie największą plennością kłosów i dorodnością ziaren w łanie jęczmienia cechowały się pędy najwyższe. Stosowanie fungicydu Alert 375 SC wpływało dodatnio na elementy plonu, niezależnie od wysokości pędów. Wynika to z dokonanej w 1996 roku analizy plonowania pędów o różnej wysokości (tab. 4).

Tabela 4

Plenność pędów o różnej wysokości w łanie jęczmienia (ród) BKH 2794 po zastosowaniu fungicydu w 1996 roku

Wysokość pędu Stem height (cm)	Stosowanie fungicydu Fungicide application	
	0	Alert 375 SC
	masa ziarna z kłosa grain yield per spike (g)	
> 70	0,86	1,00
61–70	0,58	0,73
51–60	0,30	0,42
≤ 50	0,22	0,24
masa 1000 ziaren weight of 1000 grains (g)		
> 70	42,9	46,2
61–70	37,9	42,6
51–60	31,9	36,0
≤ 50	27,3	28,7

W literaturze podkreśla się, że skuteczność zabiegów agrotechnicznych w oddziaływaniu na jakość ziarna jęczmienia browarnego uwarunkowana jest całym kompleksem czynników pogodowych (Kaniuczak, 1997, 2001; Kozłowska-Ptaszyńska i Pecio, 1999; Pecio i in., 2000 a, 2000 b). Dlatego też pomimo podobnego w latach wpływu fungicydu Alert 375 SC, wartości parametrów ziarna i słoju jęczmienia różniły się znacznie (tab. 5). Dla większości cech obu odmian rok 1998 był korzystniejszy. Niekorzystne warunki atmosferyczne w roku 1997 (ulewne opady deszczu: czerwiec — 92 mm i lipiec — 150 mm, które spowodowały silne (1–2 w skali 9-stopniowej) wyleganie roślin, przyczyniły się do gorszego wykształcenia ziarna oraz do znacznego zwiększenia zawartości białka w ziarnie, które przekroczyło graniczną wartość 11,5%. Rok 1998 charakteryzował się większą ekstraktywnością słoju i stopniem ostatecznego odfermentowania brzezki w powiązaniu z mniejszą zawartością białka w ziarnie.

Chociaż analiza statystyczna nie wykazała istotności różnic pomiędzy średnimi wartościami niektórych parametrów to, uwzględniając wymagania jakościowe przemysłu,

należy uznać, że zastosowanie fungicydu istotnie wpływało na zwiększenie celności ziarna oraz na zmniejszenie zbyt wysokiej liczby Kolbacha (tab. 5).

Tabela 5

Parametry ziarna i słoju jęczmienia (ród BKH 2794) zależnie od stosowania fungicydu
Barley grain and malt parameters as influenced by fungicide application

Parametr Parameter	Norma Norm	Ochrona roślin Plant protection	1997	1998
Masa 1000 ziaren(g) Weight of 1000 grains		0 Alert 375 SC	35,2 34,7	37,7 39,2
Celność ziarna Grain filling	> 95%	0 Alert 375 SC	53,6 57,0	87,0 91,8
Zawartość białka w ziarnie Protein content	10,5–11,5%	0 Alert 375 SC	12,7 13,1	11,5 11,4
Ekstraktywność słoju Extractivity	≥ 79,5%	0 Alert 375 SC	81,6 80,7	82,9 82,5
Lepkość brzożki Wort viscosity	≤ 1,67 mPa.s	0 Alert 375 SC	1,58 1,57	1,60 1,60
Liczba Kolbacha Kolbach Index	35–45%	0 Alert 375 SC	47,6 42,7	58,0 54,0
Siła diastatyczna Diastatic power	≥ 240°WK	0 Alert 375 SC	310 294	300 304
Stopień ostatecznego odfermentowania brzożki Fermentability	> 80%	0 Alert 375 SC	81,0 80,1	82,5 83,0

Wpływ fungicydów o różnym sposobie działania

Spośród chorób roślin jęczmienia istotne znaczenie miała jedynie plamistość siatkowa jęczmienia (*Helminthosporium teres*), której pierwsze objawy obserwowano w początkowych fazach rozwojowych jęczmienia. Skuteczność zabiegów fungicydowych oceniano 3–4 tygodnie po zabiegu w drugim terminie na 3 górnych liściach 10 losowo wybranych pędów.

Tabela 6

Fungicydy zastosowane w doświadczeniu
Fungicides used in the experiment

Fungicyd Fungicide	Dawka Dose	Substancja aktywna i sposób działania na patogena Active ingredient and mode of action
Capitan 250 EW	0,65 l·ha ⁻¹	Flusilazol — ogranicza powstawanie ergosterolu; reduces production of ergosterol
Alert 375 SC	1 l·ha ⁻¹	Flusilazol — ogranicza powstawanie ergosterolu; reduces production of ergosterol Karbendazym — ogranicza podziały mitotyczne komórek; reduces mitotic division
Amistar 250 S.C.	1 l·ha ⁻¹	Azoksystrobina — ogranicza wytwarzanie energii; inhibits production of pathogen energy
Charisma 207 EC	1,5 l·ha ⁻¹	Flusilazol — ogranicza powstawanie ergosterolu; reduces production of ergosterol Famoxate — ogranicza wytwarzanie energii; inhibits production of pathogen energy

Porównanie badanych fungicydów wykazało, że wszystkie ograniczały porażenie roślin plamistością siatkową w stosunku do obiektu, gdzie nie stosowano środków chemicznych (tab. 7).

Tabela 7

Porażenie plamistością siatkową (*Helminthosporium teres*) w zależności od rodzaju i terminu stosowania fungicydu (%)

Net blotch infestation in barley depending on fungicide and application time (%)

Obiekt Treatment	Porażenie plamistością siatkową Net blotch infestation		
	termin zabiegu fungicide application time		średnio z terminów mean
	T1 (31-32)	T2 (37-49)	
Kontrola Control	—	—	5,0 a*
Capitan 250 EW	2,0 b	3,0 a	2,5 b
Alert 375 SC	2,2 b	2,9 a	2,6 b
Amistar 250 SC	1,5 b	2,9 a	2,2 c
Charisma 207 EC	1,6 b	2,5 a	2,1 c
Średnio dla fungicydów Mean for fungicides	1,9 b	2,8 a	2,4

* Wartości różniące się istotnie przy $\alpha = 0,05$ oznaczono różnymi literami

* Values marked with different letters are significantly different at $\alpha = 0.05$

Najmniejsze porażenie plamistością siatkową (*Helminthosporium teres*) stwierdzono w obiektach, w których stosowano fungicyd Charisma 207 EC. Preparat ten zawiera dwie substancje aktywne: flusilazol, którego działanie polega na ograniczaniu powstawania ergosterolu, składnika niezbędnego do budowy ścian komórkowych patogena oraz famoxate, która zapobiega powstawaniu energii w komórkach patogena (Jańczak, 1999). Opóźnienie stosowania wszystkich fungicydów powodowało zwiększenie porażenia roślin chorobami.

Stwierdzono, że wszystkie badane preparaty przyczyniły się do zwiększenia plonu ziarna jęczmienia w stosunku do kontroli (tab. 8).

Tabela 8

Plon ziarna jęczmienia zależnie od rodzaju i terminu stosowania fungicydu

Grain yield of barley depending on fungicide and application time

Obiekt Treatment	Plon ziarna Grain yield (tha ⁻¹)		
	termin zabiegu fungicide application time		średnio z terminów mean
	T1 (31-32)	T2 (37-49)	
Kontrola — Control	—	—	4,51 c*
Capitan 250 EW	4,91 a	4,75 b	4,83 b
Alert 375 SC	4,93 a	4,83 b	4,89 b
Amistar 250 SC	5,07 a	4,83 b	4,95 a
Charisma 207 EC	5,10 a	4,97 b	5,04 a
Średnio dla fungicydów Mean for fungicides	4,99 a	4,82 b	4,91

* Wartości różniące się istotnie przy $\alpha = 0,05$ oznaczono różnymi literami

* Values marked with different letters are significantly different at $\alpha = 0.05$

Opóźnienie oprysku do fazy liścia flagowego powodowało zmniejszenie plonu ziarna. Największy plon ziarna uzyskano w obiektach, gdzie stosowano oprysk fungicydem Charisma 207 EC, reprezentującym nową grupę chemiczną oksazolidyn oraz Amistar 250 SC (s.a. azoksystrobina). Obydwa preparaty zawierają substancje aktywne ograniczające wytwarzanie energii w komórkach patogena.

Badane fungicydy poprawiały wartość browarną ziarna poprzez jego lepsze wykształcenie oraz zmniejszenie zawartości białka w stosunku do obiektów kontrolnych (tab. 9). Najkorzystniejszy wpływ na wykształcenie ziarna jęczmienia, podobnie jak na wielkość plonu, miały preparaty Charisma 207 EC oraz Amistar 250 SC. Zawartość białka w ziarnie była podobna na wszystkich obiektach.

Tabela 9

Cechy ziarna i słołu jęczmienia jarego zależnie od rodzaju i terminu stosowania fungicydu
Barley grain and malt parameters depending on fungicide and application time

Obiekt Treatment	Termin zabiegu Application time	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	Celność ziarna Grain filling	Zawartość białka w ziarnie Protein content
Norma Norm		g	≥95,0%	10,5–11,5%
Kontrola Control	—	40,3 c	85,8 d	12,3 b
Capitan 250 EW	T1	46,0 a	96,3 a	11,4 a
	T2	45,2 b	94,8 b	11,7 a
	średnio mean	45,6 ab	95,6 c	11,6 a
Alert 375 SC	T1	45,1 a	96,6 a	11,3 a
	T2	44,9 a	96,1 b	11,6 a
	średnio mean	45,0 b	96,4 b	11,5 a
Amistar 250 SC	T1	46,5 a	98,5 a	11,1 b
	T2	45,9 b	97,3 b	11,7 a
	średnio mean	46,2 a	97,9 a	11,4 a
Charisma 207 EC	T1	47,1 a	98,1 a	11,1 a
	T2	46,7 a	97,5 a	11,4 a
	średnio mean	46,9 a	97,8 a	11,2 a
Średnio Mean	T1	46,0 a	97,2 a	11,3 a
	T2	45,5 b	96,4 b	11,6 a

* Wartości różniące się istotnie przy $\alpha = 0,05$ oznaczono różnymi literami

* Values marked with different letters are significantly different at $\alpha = 0.05$

Opóźnienie stosowania fungicydów do fazy liścia flagowego powodowało gorsze wykształcenie ziarna. Jedynie na obiekcie z preparatem Amistar 250 SC spowodowało istotny wzrost zawartości białka w ziarnie.

Wzrost zawartości białka w ziarnie związany z opóźnionym terminem zastosowania fungicydu Alert 375 SC obserwowano również w doświadczeniu, którego wyniki przedstawiono w tabeli 5. Zjawisko to może się wiązać ze zwiększonym pobieraniem azotu przez rośliny chronione, ze względu na ich lepszą kondycję i zdrowotność. Z drugiej strony zabiegi te wykonuje się najczęściej na rośliny już zainfekowane, co biorąc pod uwagę

bardzo krótki okres inkubacji chorób jęczmienia uniemożliwia pełne wykorzystanie potencjału plonotwórczego roślin, a w konsekwencji prowadzi do większego „nasylenia” ziarna jęczmienia przez azot.

WNIOSKI

1. Skuteczność działania chemicznych środków ochrony roślin przed chorobami związana była z przebiegiem warunków pogodowych w okresie wegetacji.
2. Badane fungicydy stosowane w formie opryskiwania roślin powodowały istotne zwiększenie plonu ziarna jęczmienia, ograniczały porażenie roślin chorobami grzybowymi oraz poprawiały wartość browarną ziarna.
3. Porównanie fungicydów o różnym mechanizmie działania wykazało, że najkorzystniejszy wpływ na plon ziarna jęczmienia i jego jakość miał preparat Charisma 207 EC, zawierający w swym składzie dwie substancje aktywne: famoxate, hamujący wytwarzanie energii w komórkach patogena oraz flusilazol, ograniczający powstawanie ergosterolu niezbędnego do budowy ścian komórkowych patogena.
4. Opóźnienie stosowania fungicydów zmniejszało ich skuteczność w zwalczaniu plamistości siatkowej, powodując redukcję plonu ziarna i pogorszenie parametrów wartości browarnej. Związane to było z pojawieniem się choroby we wczesnych fazach rozwojowych jęczmienia.

LITERATURA

- Bertholdsson N. O. 1999. Characterization of malting barley cultivars with more or less stable protein content under varying environmental conditions. *Eur. J. Agron.* 10: 1 — 8.
- Błażej J., Błażej J. 2000. Wpływ technologii produkcji na zdrowotność jęczmienia jarego i owsa. *Pam. Puł.* 120: 23 — 30.
- Jańczak C. 1999. Zwalczanie infekcyjnych chorób zbóż w świetle postępu w rozwoju asortymentu fungicydów do opryskiwania. *Prog. Plant Protect./Post. Ochr. Rośl.* 39 (2): 805 — 808.
- Jańczak C., Lawecki T., Pawlak A., Ratajczyk G. 1996. Występowanie i szkodliwość chorób grzybowych na różnych odmianach pszenicy. *Prog. Plant Protect./Post. Ochr. Rośl.* 36 (2): 209 — 211.
- Joshi M., Stenberg J. A. 1997. A broad — spectrum fungicide with a new mode of action. *Proc. Brighton Crop Prot. Conf. — Pests and Dis. DPX — JE874*, 1: 21–26.
- Kaniuczak Z. 1997. Badania nad opłacalnością chemicznego zwalczania chorób i szkodników zbóż jarych. *Prog. Plant Protect./Post. Ochr. Rośl.* 37 (2): 110 — 113.
- Kaniuczak Z. 2001. Efektywność chemicznego zwalczania chorób grzybowych i szkodników w uprawie jęczmienia jarego. *Prog. Plant Protect./Post. Ochr. Rośl.* 41 (2): 707 — 710.
- Kozłowska-Ptaszyńska Z., Pecio A. 1999. Wpływ ochrony roślin przed chorobami oraz gęstości siewu na plon i architekturę łanu odmian jęczmienia browarnego. *Fragm. Agron.* 3: 77 — 88.
- Maumene C., Couleaud G. 1998. New fungicides and their introduction in wheat and barley spray programs in France. *Abstracts 7th Inter. Congress of Plant Pathology*, 9–16 August, Edinburgh, Scotland, vol. 1: 565.
- Owera S. A. P., Farrar J. F., Whitbread R. 1981. Growth and photosynthesis in barley infected with brown rust. *Physiol. Plant Pathol.* 18: 79 — 90.
- Pecio A., Bichoński A., Ptasińska Z. 2000 a. Wpływ chemicznej ochrony roślin przed chorobami oraz gęstości siewu na wartość browarną ziarna jęczmienia jarego. *Fragm. Agron.* 3: 42 — 52.
- Pecio A., Matysiak R., Bichoński A. 2002. Wpływ fungicydów o różnym mechanizmie działania na wartość browarną ziarna jęczmienia jarego. *Prog. Plant Protect./Post. Ochr. Rośl.* 42 (2): 832 — 835.

- Pecio A., Pawłowska J., Bichoński A. 2000 b. Plonowanie i wartość browarna ziarna odmian jęczmienia jarego na tle zróżnicowanych sposobów ochrony zasiewów. *Fragmenta Agronomica* 2: 45 — 61.
- Przulj N., Momcilovic V. 2001. Genetic variation for dry matter and nitrogen accumulation and translocation in two-rowed spring barley. I. Dry matter translocation. *Eur. J. Agron.* 15: 241 — 254.
- Rudnicki F. 2000. Wyznaczanie wpływu poszczególnych elementów plonowania na różnice plonów między obiektami doświadczalnymi. *Fragm. Agron.* 3: 53 — 65.
- Ruiter J. M., Brooking I. R. 1996. Effect of sowing date and nitrogen on dry matter and nitrogen partitioning in malting barley. *New Zeland J. Crop and Hortic. Sci.* 24 (1): 65 — 76.
- Smith C. M., Klapproth M. C., Saunders D. W., Johnson L. E. B., Trivella A. E. 1992. Biological properties of fluzilazole contributing to its field performance. *Pests and Dis.*: 639 — 644.
- Szempliński W., Rzepiński W. 1998. Rolnicza efektywność różnych wariantów technologii produkcji jęczmienia jarego pastewnego. *Pam. Puł.* 112: 245 — 251.

HENRYK J. CZEMBOR

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Odporność krajowych odmian jęczmienia jarego na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*)

Resistance of native spring barley cultivars to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*)

Przedstawiono genetyczne uwarunkowania odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) u 28 polskich odmian jęczmienia jarego wpisanych do Rejestru Odmian w Polsce. Wszystkie odmiany mają jeden lub więcej genów odporności związanych z loci *Mlg*, *Mla*, *MILa* i *mlo*. Na populację mączniaka występującą w Polsce odporne są tylko odmiany z genem *mlo*.

Słowa kluczowe: mączniak, odporność odmian, jęczmień

Genetic resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) of 28 Polish cultivars from Polish Official List is presented. All the cultivars have one or more genes for resistance in loci *Mlg*, *Mla*, *MILa* and *mlo*. Only the cultivars with *mlo* gene are resistant to powdery mildew population occurring in Poland.

Key words: barley, cultivars, powdery mildew, resistance

WPROWADZENIE

Mączniak prawdziwy powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* D.C. f. sp. *hordei* (Marchal), występuje powszechnie w głównych rejonach uprawy jęczmienia w świecie. W Polsce, podobnie jak w innych krajach Europy, jest jedną z ważniejszych chorób jęczmienia. W sprzyjających warunkach dla rozwoju tej choroby straty w plonie ziarna mogą sięgać 25%, przeciętnie wynoszą ok. 10% (Zwazt, 1987; Schally i in., 1995; Atzema, 1998; Czembor, Czembor, 1998). Ograniczeniu strat w plonie ziarna, a często również w przypadku jęczmienia browarnego, obniżeniu jego wartości technologicznej można przeciwdziałać przez stosowanie w produkcji odpowiednich fungicydów, uprawę odmian odpornych i wykorzystanie naturalnych mechanizmów współzależności roślin między sobą i środowiskiem (Czembor, Gacek, 1990; Gacek, 1990). Stosowanie fungicydów, nawet w krajach o najnowocześniejszej produkcji roślinnej, budzi zastrzeżenia natury ekonomiczne (podnosi koszty produkcji), a przede wszystkim ekologicznej. We

współcześnie stosowanych agroekosystemach pierwszorzędne znaczenie ma ograniczanie chemicznych środków ochrony roślin na rzecz wykorzystania odporności roślin na stresy biotyczne i abiotyczne (Gacek i in., 1996). Odporność uprawianych odmian na patogeny i możliwie zróżnicowana pod względem genetycznego jej uwarunkowania jest jednym z ważniejszych elementów nowoczesnej proekologicznej produkcji roślinnej.

W pracy przedstawiono genetyczne uwarunkowania odporności odmian jęczmienia jarego krajowej hodowli na tle patogeniczności aktualnej populacji mączniaka i ważniejszych źródeł odporności.

PATOGENICZNOŚĆ MĄCZNIAKA *BLUMERIA GRAMINIS* F. SP. *HORDEI*

Populacja *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* jest złożona, występuje w niej wiele kombinacji wirulencji/awirulencji. W ostatnich latach zidentyfikowano wiele patotypów mączniaka na zestawie 25 linii izogenicznych i 8 odmianach różnicujących. Ważniejsze z nich przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1

Ważniejsze geny patogeniczności w populacji *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* w Polsce (Czembor i Czembor, 2004)

Important virulence genes in population of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in Poland (Czembor and Czembor, 2004)

Częstotliwość genów patogeniczności (%) Frequency of virulence genes (%)				
100 — 75	74 — 50	49 — 25	24 — 1	0,0
Vra, V(Ab)	V(Kr), Va13	Va22, Va9	V(Tu2)	Vo5, Va23,
V(La), Vh,	Va10, V(IM9)	Va3, Va1		Vp
Vg, Va7,	Va7+Vk	Vat		
Va7 + V(LG2),	Va10, V(Du2)	V(St1)		
V(Bw),	Vnn, Vk			
Va12, Va6, Va14				

Dane te wskazują na dużą genetyczną różnorodność krajowej populacji patogena. Powszechne jest występowanie w populacji mączniaka genów patogeniczności w stosunku do znanych i używanych w hodowli genów odporności, jak: *Mlg*, *Mla6*, *Mla7*, *Mla9*, *Mla12*, *Mla13*, *MI(La)*, *Mlra*. Podobnie jak w świecie nie stwierdzono w Polsce występowania patogeniczności typu Vo (Hovmoller i in., 2000). Występowanie w populacji mączniaka dużej liczby patotypów świadczy o dużej zdolności adaptowania się mączniaka do zmian zachodzących w doborze odmian o różnych genach odporności (Czembor, 1981; Czembor, Kudła, 1984; Gacek, Czembor, 1988). Poza nielicznymi wyjątkami, jak odporność typu *Mlo* czy też *MI(La)*, patogen w stosunkowo krótkim czasie reaguje tworzeniem i rozprzestrzenianiem się patotypów zdolnych do porażania nowych odpornych odmian (Van der Plank, 1968; Czembor, 1976; Czembor, 1981; Czembor, Kudła, 1984; Hovmoller i in., 2000). Dynamika rozprzestrzeniania się nowych kombinacji wirulencji jest dodatnio skorelowana z dynamiką rozprzestrzeniania się odmian z nowymi genami odporności (Jorgensen i Torp, 1978).

GENETYCZNE UWARUNKOWANIE ODPORNOŚCI ODMIAN NA PORAZENIE PRZEZ
BLUMERIA GRAMINIS F. SP. HORDEI

W tabeli 2 przedstawiono 28 polskich odmian jęczmienia jarego wpisanych do rejestru odmian w Polsce w latach 1987 do 2003. Kilka odmian (Dema, Mobek, Orlik, Polo) w ostatnich latach zostało skreślonych z rejestru, lecz są jeszcze w produkcji i mogą mieć wpływ na skład populacji mączniaka. Wszystkie odmiany wymienione w tabeli 2 mają geny odporności na mączniaka związane z 4 loci, tj. z *Mlg*, *Mla*, *MI(La)* i *mlo*. U kilku odmian jak dotąd nie określono jednoznacznie wszystkich genów warunkujących odporność na zestaw izolatów różnicujących (Czembor, Czembor, 1998). Inne mają po jednym lub dwa geny. Ze względu na zakres odporności poszczególnych odmian na znane geny patogeniczności w populacji mączniaka w Polsce (Czembor, 2004), można wydzielić 16 jej typów.

Tabela 2

Geny odporności na mączniaka u polskich odmian jęczmienia jarego (Anonymous, 2003 a) Resistance genes for powdery mildew in Polish spring barley varieties (Anonymous, 2003 a)			
Grupa <i>Mlg</i> Group <i>Mlg</i>	Grupa <i>Mla</i> Group <i>Mla</i>	Grupa <i>MI(La)</i> Group <i>MI(La)</i>	Grupa <i>mlo</i> Group <i>mlo</i>
Edgar <i>Mlg</i> +?	Atol <i>Mla1</i> , <i>Mla9</i>	Boss <i>MI(La)</i>	Bies <i>mlo</i>
Nagrad <i>Mlg</i> + <i>Mla7</i>	Stratus <i>Mla1</i> , <i>Mla9</i>	Rataj <i>MI(La)</i>	Bryl <i>mlo</i>
Dema <i>Mlg</i> + <i>Mla12</i>	Polo <i>Mla6</i>		Rabel <i>mlo</i>
Poldek <i>Mlg</i> + <i>Mla12</i>	Rodion <i>Mla7</i>		Rasbet <i>mlo</i>
Rastik <i>Mlg</i> + <i>Mla12</i>	Start <i>Mla7</i> + <i>MI(La)</i>		Refren <i>mlo</i>
Rudzik <i>Mlg</i> + <i>Mla12</i>	Blask <i>Mla7</i> +?		
Mobek <i>Mlg</i> + <i>MI(La)</i>	Sezam <i>Mla7</i> +?		
	Rambo <i>Mla9</i> + <i>MIk</i>		
	Rodos <i>Mla9</i> +?		
	Gwarek <i>Mla10</i> , <i>Mla12</i>		
	Binal <i>Mla12</i>		
	Granal <i>Mla12</i>		
	Lot <i>Mla12</i>		
	Orlik <i>Mla13</i>		

1. Odporność typu *Mlg*, (donor: Weihenstephan CP 127 422) jest obecna w odmianie Edgar. Nie w pełni dominujący gen *Mlg* warunkujący reakcję 0 na infekcję, jest ściśle związany z innym genem określanym jako *MI(CP)*, który warunkuje reakcję 1cn (Wiberg, 1974). W literaturze ten typ odporności określany jest jako Weihenstephan. Odmiany z genem *Mlg* są podatne na większość patotypów występujących w Polsce (Czembor, Czembor, 2001).
2. Odporność typu *Mlg* + *Mla7*, (donor: Weihenstephan + Lyallpur) jest obecna w odmianie Nagrad. Geny *Mlg* i *Mla7* dziedziczą się niezależnie i różnią się reakcją na zakażenie niektórymi patotypami. Odmiany z genami *Mlg* i *Mla7*, często występujące razem z mało efektywnymi genami *MIk*, *Mla(LG2)*, są podatne na mączniaka w Polsce (Czembor, Czembor, 2001).
3. Odporność typu *Mlg* + *Mla12*, (donor: Weihenstephan + Arabische) została stwierdzona w odmianach: Dema, Poldek, Rastik, Rudzik. Odporność uwarunkowana genem *Mla12* została wprowadzona do europejskich odmian w latach siedem-

- dziesiątych poprzez odmianę Emir. W Polsce w tym czasie wprowadzono do uprawy dwie odmiany holenderskie: Diva i Aramir, obie z genem *Mla12*, odporne na panującą wtedy populację mączniaka. Po kilku latach stwierdzono wystąpienie patotypów wirulentnych w stosunku do genu *Mla12* i w ciągu kilku następnych lat w produkcji dominowały odmiany Diva i Arami, a w populacji mączniaka patotypy porażające obie odmiany (Czembor, Kudła, 1984).
4. Odporność typu Mlg + Ml(La), (donor: Weihestephan + *H. laevigatum*) jest w odmianie Mobek. Drugi gen *Ml(La)* pochodzi od *Hordeum vulgare* var. *laevigatum*. Jest niezależny od genów *Mlg* i *Mla*, często występuje w europejskich odmianach (Czembor, 1976; Czembor i in., 1979; Jensen i in., 1992; Czembor, Czembor, 1998). Odmiany z odpornością od *H. laevigatum*, chociaż podatne na niektóre patotypy, w fazie roślin dorosłych są słabiej porażane a występowanie mączniaka raczej nie przybiera charakteru epifitozy.
 5. Odporność typu Mla1 + Mla9, (donor: Algerian + Monte Cristo) jest w odmianach Atol i Stratus. Oba źródła odporności poza wymienionymi genami *Mla1* i *Mla9* mają jeszcze inne geny o słabszej ekspresji. W Algerianie jest gen *Mlat* luźno związany z locus *Mla*, a w odmianie Monte Cristo są jeszcze geny *Mla(MC3)* i *Mla(MC4)* o bardzo wąskim zasięgu warunkowania odporności (Jensen i in., 1992). Wyniki testowania 30 różnicującymi izolatami Atola i Stratusa wskazują na obecność tylko genów *Mla1* i *Mla9* (Czembor, Czembor, 1998). Obie odmiany są dość odporne.
 6. Odporność typu Mla6, (donor: *H. spontaneum*) jest w odmianie Polo. Odporność warunkowana genem *Mla6* jest w starszych europejskich odmianach (Czembor, 1976; Jensen i in., 1992), które są podatne na aktualną populację mączniaka (Czembor i Czembor, 2004).
 7. Odporność typu *Mla7*, (donor: Lyallpur) jest w odmianie Rodion. Oryginalne źródła genu *Mla7* mają jeszcze inne geny odporności na mączniaka o mniejszym znaczeniu. Odporność w Lyallpur uwarunkowana jest dwoma blisko sprzężonymi genami: *Mla7* i *Mlk*. Drugie wykorzystywane w hodowli źródło genu *Mla7*, odmiana Long Glumes ma jeszcze dwa mało efektywne allele w złożonym locus *Mla*: *MlaLG2* i *MlaLG3* (Jorgensen, 1994). Odmiany z genem *Mla7* są podatne na porażenie mączniakiem w Polsce.
 8. Odporność typu *Mla7* + Ml(La), (donor: Lyallpur + *H. laevigatum*) jest w odmianie Start. Obecność w genomie Starta genu *Ml(La)* zmniejsz podatność tej odmiany na porażenie mączniakiem.
 9. Odporność typu *Mla7* +?, (donor: Lyallpur +?) jest w odmianach Blask i Sezam. Drugi nieoznaczony gen obecny w obu odmianach nieznacznie podnosi ich odporność na mączniaka (Czembor, Czembor, 2001).
 10. Odporność typu *Mla9* + *Mlk*, (donor: Monte Cristo) jest w odmianach Rambo i Rodos. Z locus *Mla9* związane są dwa inne geny alleliczne o małych efektach odporności: *Mla(MC2)* i *Mla(MC3)* oraz blisko sprzężony gen *Mlk* (Jorgensen, 1992). Odmiany z odpornością z Monte Cristo są dość odporne (Czembor, Czembor, 2001).
 11. Odporność typu *Mla10* + *Mla12*, (donor: Durani + Arabische) jest w odmianie Gwarek. W odmianie Durani jest obecny drugi gen w locus *Mla(Du2)*. Podobnie w odmianie

- Arabische jest drugi słabszy gen w locus *Mla(Em2)* (Jorgensen, 1992). Oba źródła odporności są mało efektywne w stosunku do populacji mączniaka w Polsce.
12. Odporność typu *Mla12*, (donor: Arabische). Jest w odmianach Binal, Granal i Lot. Odporność typu Arabische jest szeroko rozpowszechniona w europejskich odmianach (Jensen, 1992). W Polsce po kilku latach od wprowadzeniu w latach siedemdziesiątych do uprawy holenderskich odmian Divy i Aramira z genem *Mla12*, w populacji mączniaka pojawiły się patotypy wirulentne do genu *Mla12*. Źródło to od wielu lat jest nieefektywne w Polsce (Czembor i in., 1979).
 13. Odporność typu *Mla13*, (donor: Rupee) jest w odmianie Orlik. Z genem głównym *Mla13* współdziałają dwa inne: *Mla(Ru3 i Ru4)*, o słabszej ekspresji (Jorgensen, 1992). Odmiany z genem *Mla13* są w Polsce podatne.
 14. Odporność typu *MiLa*, (donor: *Hordeum laevigatum*), jest w odmianach Boss i Rataj. Gen *MiLa* warunkuje średnią odporność wyrażającą się reakcją na infekcję w stopniu 2–3. Szczególnie widoczne jest słabsze porażenie roślin w stadium dorosłym (Jensen i in., 1992). W Polsce odmiany z genem *MiLa* są porażane mączniakiem, lecz w małym nasileniu (Czembor, Czembor, 2001).
 15. Odporność typu *Mlo*, (donor: Mutanty/L92/L100/Grannenlose Zweizeilige) jest w odmianach: Bies, Bryl, Rabel, Rasbet i Refren. Od zarejestrowania pierwszej odmiany Atem w Holandii w 1979 roku, powierzchnia uprawy wielu odmian z genem *mlo* w Europie wzrosła, w zależności od kraju od kilku do 30%. W Polsce w produkcji nasiennej, odmiany z genem *mlo* w roku 1999 zajmowały 15% powierzchni uprawy. Jak dotąd nie stwierdzono w populacji mączniaka patotypów wirulentnych do genu *mlo* (Czembor, Czembor 2001; Czembor, Czembor, 2004).

DYSKUSJA

Genetyczne uwarunkowania odporności polskich odmian jęczmienia jarego na mączniaka nie odbiegają od sytuacji istniejącej w innych krajach europejskich naszej agrosfery, głównie Niemiec, Skandynawii, Holandii, Wielkiej Brytanii, Czech, Słowacji i Austrii. Odmiany starsze mają odporność uwarunkowaną głównie genami pochodzącymi od Weihenstephan, Arabisch, Lyallpur i *H. spontaneum*. Nieco młodsze mają odporność od Monte Cristo, Rupee i *H. laevigatum*. U nowszych odmian przeważa odporność typu *Mlo*. Na 28 odmian krajowych wymienionych w tabeli 2, tylko 3 mają odporność uwarunkowaną jednym genem, wyłączając 5 odmian z genem *mlo*, dla których nie przeprowadzono badań genetycznych na obecność innych genów (Czembor, Czembor, 2001), pozostałe mają co najmniej po dwa geny. W populacji mączniaka w Polsce występują z różnym nasileniem patotypy wirulentne w stosunku do wszystkich genów obecnych w krajowych odmianach za wyjątkiem genu *mlo* (tab. 1). Częściej występują patotypy wirulentne w stosunku do starszych odmian z genami *Mlg*, *Mla6*, *Mla7*, *Mla12*. Wysoką odpornością, podobnie jak w innych krajach charakteryzują się odmiany z genem *mlo* (Hovmoller i in., 2000; Czembor, Czembor, 2001).

Tabela 3

**Geny odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) wykorzystywane w hodowli
jęczmienia w Polsce**
**Resistance genes for powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) used in Poland for barley
breeding**

Geny odporności Resistance genes	Źródło pochodzenia Main donor	Literatura References
<i>Mla</i> 1	Algerian CI 1179	Czembor, 1976
<i>Mla</i> 3	Ricardo CI 6303	Czembor, 1976
<i>Mla</i> 3, <i>Mla</i> (Tu2)	Sv 57/510-44 CI 14013	Jensen i in., 1992
<i>Mla</i> 6, <i>Mla</i> 14	Voldagsen 8141/44	Czembor, 1976
<i>Mla</i> 7, <i>Mlk</i>	Lyallpur 3645	Czembor, 1984
<i>Mla</i> 7, <i>Mla</i> (LG2), <i>Mla</i> (LG3)	Long Glumes CI 6168	Jorgensen, 1994
<i>Mla</i> 7, <i>Mla</i> (Tr 3), <i>Ml</i> (Ab)	Triumph	Jensen i in., 1992
<i>Mla</i> 9, <i>Mla</i> (MC 3), <i>Mla</i> (MC 4), <i>Mlk</i>	Monte Cristo CI 1017	Jorgensen, 1994
<i>Mla</i> 10, <i>Mla</i> (Du 2)	Durani CI 16149	Jorgensen, 1994
<i>Mla</i> 12, <i>Mla</i> (Em 2)	Arabische	Jensen i in., 1992
<i>Mla</i> 13, <i>Mla</i> (Ru 3), <i>Mla</i> (Ru 4)	Rupree CI 16155	Jensen i in., 1992
<i>Mla</i> 16	<i>H. spontaneum</i> 1B-54B	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 17	<i>H. spontaneum</i> RS 170-47	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 18	<i>H. spontaneum</i> RS 20-1	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 19	<i>H. spontaneum</i> 1B-86B	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 20	<i>H. spontaneum</i> RS 145-39	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 21	<i>H. spontaneum</i> 1-B15213	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 22	HOR 1657	Jorgensen, 1991
<i>Mla</i> 23	HOR 1402	Jorgensen, 1991
<i>Mla</i> 24	Engledow India CI 7556	Jahoor i in., 1990
<i>Mla</i> 25	<i>H. spontaneum</i> RS 170-10	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 26	<i>H. spontaneum</i> 1B-20	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 27	<i>H. spontaneum</i> RS 1-8	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 28	<i>H. spontaneum</i> 1B-151	Jahoor i Fischbeck, 1987
<i>Mla</i> 29	<i>H. spontaneum</i> RS 110-4	Kintzios i in., 1992
<i>Mla</i> 30	Nigrate CI 2444	Jorgensen, 1994
<i>Mla</i> 31	Turkey 290	Jorgensen, 1994
<i>Ml</i> (Ab)	Sv 83380	Jensen i in., 1992
<i>Mlat</i>	Atlas CI 4118	Czembor, 1976
<i>Mlg</i>	Goldfoil CI 928	Czembor i in., 1979
<i>Mlg</i> , <i>Ml</i> (CP)	Weihenstephan 127422 CI 13125	Czembor, 1984
<i>MLa</i>	<i>H. laevigatum</i>	Jensen i in., 1992
<i>mlo</i> 5	Mutant Carlsberg II R 5678	Jensen i in., 1992
<i>mlo</i> 9	SZ5139b	Jensen i in., 1992
<i>mlo</i> 11	Grannenlose Zweizeilige	Jensen i in., 1992
<i>Ml</i> (1192)	Jarek	Jensen i in., 1992
<i>Mlra</i>	Weihenstephan 41/145	Jensen i Jorgensen, 1981
<i>Ml</i> (St)	Steffi	Anonymous, 2003
<i>Ml</i> (Sl-1)	<i>H. spontaneum</i> Sl-1(RS1-12)	Anonymous, 2003
<i>Mlf</i> , <i>Mlt</i>	<i>H. spontaneum</i> Sl-4(1-B-87)	Anonymous, 2003
<i>Ml</i> (1-B-53)	<i>H. spontaneum</i> (1-B-53)	Anonymous, 2003
<i>Ml</i> (Wl-1)	<i>H. spontaneum</i> Wl-1(RS-142-29)	Anonymous, 2003

Zarejestrowane w Polsce odmiany zagraniczne mają podobne uwarunkowania genetyczne odporności jak odmiany polskie, przeważają geny *Mlg* i *mlo*. Gen *Mlg* występuje często w kombinacji z genami *Mla*7, *Mla*12 i *Mla*13 (Anonymous, 2003 a). Na 6 odmian zagranicznych z genem *mlo* zarejestrowanych w Polsce, jest jedna odbiegająca korzystnie od pozostałych z tym genem, a mianowicie odmiana Philadelphia oprócz genu *mlo* ma jeszcze jeden *Mli* pochodzący z *H. spontaneum*. Odmiana Philadelphia i kilka jeszcze

innych zarejestrowanych w Niemczech w 2003 roku (Anonymous, 2003) stanowią nową jakość w odporności odmian jęczmienia jarego na mączniaka. W hodowli tych odmian wykorzystano odporne linie *H. spontaneum* wyselekcjonowane z populacji *H. spontaneum* zebranych w Izraelu (Jahoor, Fischbeck, 1987). Nowe źródła odporności z *H. spontaneum* na populację mączniaka w Europie mają geny przeważnie związane z locus *Mla* (Jahoor, Fischbeck, 1993). W tabeli 3 zamieszczono wykaz ważniejszych genów odporności na mączniaka, tych które zostały wykorzystane w przeszłości w europejskiej i polskiej hodowli jęczmienia jarego oraz nowe geny z *H. spontaneum* aktualnie wprowadzane do materiałów wyjściowych wytwarzanych w IHAR, w ramach tematów finansowanych z Funduszu Postępu Biologicznego.

LITERATURA

- Anonymous. 2003. Bundessortenamt, Beschreibende Sortenliste 2003. Getreide, Mais, Ölfruchte, Leguminosen, Hackfruchte. Deutscher Landwirtschaft. GmbH: 40 — 42.
- Anonymous. 2003 a. Lista odmian roślin rolniczych 2003. COBORU, Słupia Wielka: 78 — 79.
- Atzema J. L. 1998. Durability of Mlo resistance to barley against powdery mildew caused by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. Ph. D. thesis, Swiss Federal Institute of technology, Zurich, Switzerland.
- Czembor H. J. 1976. Źródła odporności na mączniaka jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. Hod. Rośl. Aklim. 20, z. 5: 466 — 490.
- Czembor H. J. 1981. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* DC ex Merat f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1975–1979. Hod. Rośl. Aklim. 25, 5/6: 215 — 226.
- Czembor H. J. 1984. Odporność jęczmienia ozimego na mączniaka (*Erysiphe graminis* DC ex Merat f. sp. *hordei*). Hod. Rośl. Aklim. 28, z. 1: 1 — 31.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 1998. Powdery mildew resistance in cultivars of spring barley from Polish Register. Plant Breeding and Seed Science 42 (2): 87 — 99.
- 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 Breeding and Seed Science 45 (1): 21 — 41.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2004. Spektrum patogeniczności *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* w Polsce w latach 1999–2001. Biul. IHAR (w druku).
- Czembor H. J., Gacek E. 1990. Wybrane problemy hodowli odpornościowej zbóż na choroby. Biul. IHAR 173/174: 53 — 64.
- Czembor H. J., Gacek E., Kudła M. M. 1979. Źródła odporności na mączniaka jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. Hod. Rośl. Aklim. t. 23, z. 6: 337 — 355.
- Czembor H. J., Kudła M. M. 1984. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* DC ex Merat f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1975–1979. Hod. Rośl. Aklim. t. 28, z. 3/4: 219 — 230.
- 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 — 48.
- Gacek E., Czembor H. J. 1988. Analiza ilościowa struktury populacji mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*). Biul. IHAR 167: 13 — 19.
- Gacek E., Czembor H. J., Nadziak J. 1996. Wpływ zróżnicowania genetycznego w mieszaninach i mieszkankach zbożowych na rozwój chorób i plonowanie. Biul. IHAR 200: 203 — 209.
- Hovmoller M. S., Caffier V., Jalli M., Andersen O., Besenhofer G., Czembor J. H., Dreiseitel A., Flath K., Fleck A., Heinrichs F., Jonsson 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.
- Jahoor A., Fischbeck G. 1987. Genetical studies of resistance to powdery mildew in barley lines derived from *Hordeum spontaneum* collected from Israel. Plant Breeding 99: 265 — 273.

- Jahoor A., Fischbeck G. 1993. Identification of new genes for powdery mildew resistance of barley at the *Mla* locus derived from *Hordeum spontaneum*. *Plant Breeding* 110: 116 — 122.
- Jahoor A., Stephan U., Fischbeck G. 1990. Study of powdery mildew resistance gene from Engledow India. *Barley Genetics Newsletter* 20: 41 — 42.
- Jensen H. P., Christensen E., Joergensen J. H. 1992. Powdery mildew resistance genes in 127 Northwest European spring barley varieties. *Plant Breeding* 108: 210 — 228.
- Jensen H. P., Jorgensen J. H. 1981. Powdery mildew resistance genes in Northwest European winter barley varieties. *Kgl. Vet.-og Landbohojsk. Arsskrift*: 75 — 102.
- Jorgensen J. H. 1991. Powdery mildew resistance genes *Mla22* and *Mla23* in barley. In: *Barley Genetics VI. Proceedings of the sixth International Barley Genetics Symposium, 1991 Sweden*: 596 — 598.
- Jorgensen J. H. 1992. Multigene families of powder mildew resistance genes in locus *Mla* on barley chromosome 5. *Plant Breeding* 108: 53 — 59.
- Jorgensen J. H. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. *Plant Science* 13: 97 — 119.
- Jorgensen J. H., Torp J. 1978. The distribution of spring barley varieties with different powdery mildew resistance in Denmark from 1960 to 1976. *Kgl. Vet. og. Landbohojsk. Arsskr.*: 27 — 44.
- Kintzios S., Jahoor A., Fischbeck G. 1992. New sources of mildew resistance in *Hordeum spontaneum* derived from winter barley lines. In: *Cereal Rust and Mildew-Proceeding of Eighth European and Mediterranean Conference, 1992, Germany*: 311 — 313.
- Schally H., Zedebrauer R., Zwazt B. 1995. Virulenzanalyse am Beispiel Sommergerst-Melthau in Österreich unter Nutzung des Kollektionssystem Sporenfall und Pflanzendeposition *Pflanzenschutzberichte* 55: 52 — 68.
- Wiberg A. 1974. Genetical studies of spontaneous sources of resistance to powdery mildew in barley. *Hereditas* 77: 89 — 148.
- Van der Plank J. E. 1968. *Disease resistance in plants*. Academic Press, New York, London.
- Zwazt B. 1987. Analyse der Resistenzfaktoren und Virulenzfaktorenim Wirt-Parasit-System Sommergerst-Sorten und Meheltau (*Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *hordei*) in Österreich. *Die Bodenkultur*. 38: 341 — 349.

JERZY H. CZEMBOR¹**ELŻBIETA CZEMBOR**²¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin² Samodzielna Pracownia Traw i Roślin Motylkowatych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*)

Część I. Genetyka, fenotyp, mechanizm i badania molekularne

Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) **Part I. Genetics, phenotype, mechanism and molecular investigations**

Odporność Mlo jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) odgrywa coraz większą rolę w ochronie jęczmienia przed mączniakiem prawdziwym (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). Odporność ta jest bardzo efektywna i jest powszechnie używana w programach hodowlanych jęczmienia w Europie. W artykule podano najnowsze informacje na temat genetyki, fenotypu, mechanizmu i badań molekularnych nad odpornością Mlo.

Słowa kluczowe: jęczmień, mączniak prawdziwy, odporność Mlo

Significance of the Mlo resistance in protection of barley (*Hordeum vulgare* L.) against powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) has been successively growing up. This type of resistance is very effective, and is commonly used in breeding programmes in Europe. In this paper, the current knowledge of the genetics, phenotype and mechanism of the Mlo resistance, including the results of recent molecular studies, is reviewed.

Key words: barley, Mlo resistance, powdery mildew

WSTĘP

Na świecie jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest czwartą pod względem znaczenia rośliną zbożową po kukurydzy, pszenicy i ryżu. Jest uprawiany na ponad 70 mln hektarach, a jego globalna produkcja wynosi ponad 160 mln ton. W krajach Unii Europejskiej jest pod względem znaczenia gospodarczego drugą po pszenicy rośliną zbożową i ma ok. 32% udziału w areale zbóż (Rasmusson, 1985; Atzema, 1998). Często, jest to jedyne zboże uprawiane na terenach suchych oraz na glebach kwaśnych (Ceccarelli i in., 1995).

W ostatnich latach w Polsce areał uprawy jęczmienia wynosił ok. 1,3 mln ha (jęczmienia jarego ok. 1,0–1,1 mln ha, a jęczmienia ozimego ok. 170 tys. ha) (Anonim, 1999). Jęczmień jary jest uprawiany na terenie całej Polski, z wyjątkiem terenów położonych powyżej 500 m n.p.m., gdzie dominuje owies. Z uwagi na niską mrozoodporność jęczmień ozimy jest uprawiany w zachodniej części Polski (Słaboński, 1994).

Jęczmień uprawia się na cele paszowe i przemysłowe. Do celów przemysłowych zalicza się produkcję piwa, wódki szkockiej (whisky), kaszy oraz namiastek kawowych. W Polsce jęczmień jary uprawia się w 70%, a ozimy w całości na cele paszowe. Główne rejony uprawy jęczmienia dla celów browarowych zlokalizowane są na Śląsku, w Wielkopolsce, Pomorzu i Kujawach. Odpowiednia agrotechnika oraz brak występowania chorób, w tym mączniaka, warunkują dobrą jakość ziarna jęczmienia (Słaboński, 1985, 1994).

Mączniak prawdziwy jęczmienia powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* (DC.) Golovin ex Speer f. sp. *hordei* (synonim *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Em Marchal) występuje powszechnie w głównych rejonach uprawy tego gatunku na całym świecie. W większości krajów Europejskich występowanie mączniaka powoduje poważne straty w plonie i istotnie obniża jego jakość (Czembor, 1996; Atzema, 1998). Choroba ta jest mniej ważna ekonomicznie jedynie na północy i południu kontynentu. Największe straty w plonie choroba ta powoduje w Centralnej Europie, gdzie wynoszą one średnio 10%, a w niektórych rejonach mogą one osiągnąć 25% (Gacek i Czembor 1984; Zwarz, 1987; Schally i in., 1995). W Polsce mączniak jest jedną z najważniejszych chorób jęczmienia. Powoduje on znaczne straty w plonie ziarna odmian podatnych, sięgające od kilku do kilkudziesięciu procent w zależności od nasilenia choroby (Czembor, 1981 a, 1981 b; Gacek, 1990). Również istotnie wpływa na jakość ziarna, szczególnie obniżając masę tysiąca nasion, co jest ważne przy produkcji jęczmienia browarnego (Balkema-Boomstra i Masterbroek, 1995; Griffiths i in., 1975).

Aby zapobiec stratom powodowanym przez mączniaka opracowano wiele metod ochrony roślin jęczmienia. Dominują dwie metody: ochrona chemiczna oraz hodowla odmian odpornych. Ochrona chemiczna jest metodą efektywną i szybką w zastosowaniu, jednak może powodować efekty uboczne w postaci skażenia środowiska przez środki chemiczne toksyczne dla ludzi, zwierząt i roślin (Arseniak, 1983; Czembor i Czembor, 1998, 1999, 2001). Oprócz tego, w latach siedemdziesiątych ubiegłego wieku, pojawił się problem uodporniania się patogenów roślin, w tym *B. graminis* f. sp. *hordei*, na działanie substancji aktywnych zawartych w powszechnie stosowanych fungicydach systemicznych (Gacek, 1992). Hodowla odmian odpornych jest metodą ekologiczną oraz znacznie tańszą w zastosowaniu w porównaniu do metody ochrony chemicznej. Warunkiem powodzenia tej metody jest wprowadzenie przez hodowców różnych, efektywnych genów odporności na mączniaka do nowych odmian oraz właściwe wykorzystanie tych odmian w celu zapewnienia trwałości odporności (Gacek i Czembor, 1983, 1984; Czembor i Gacek, 1987, 1990; Gacek, 1989, 1990). Odporność rasowo specyficzna jest najbardziej popularna wśród hodowców i producentów jęczmienia (Arseniak, 1995 a, 1995 b; Czembor i Czembor, 2001). Odporność ta jest zwykle uwarunkowana przez pojedyncze, główne geny odporności oraz charakteryzuje się wyraźną ekspresją fenotypową. Podstawową wadą tego

rodzaju odporności jest zjawisko jej „załamywania”, wynikające z procesów adaptacyjnych mączniaka (Czembor, 1983, 1984 a, 1984 b; Gacek, 1998).

W latach dziewięćdziesiątych ubiegłego wieku w ochronie jęczmienia przed mączniakiem dużego znaczenia nabrała wysoce efektywna odporność *Mlo* (Czembor, 2000, 2002; Czembor i Czembor 2003 b). Odporność ta jest powszechnie używana w programach hodowlanych jęczmienia prowadzonych przez wszystkie znaczące firmy hodowlane w Europie. Nie jest ona odpornością rasowo-specyficzną i warunkowana jest jednym recesywnym genem (Jørgensen, 1971 a, 1971 b, 1991 b). Mimo, że odmiany z tą odpornością uprawiane są od 20 lat na dużym areale w Europie, to dotychczas nie znaleziono rasy fizjologicznej mączniaka posiadającej gen wirulencji komplementarny do tej odporności (Jørgensen, 1993; Atzema, 1998; Schwarzbach, 1997 a, 1997 b, 1998; Hovmøller i in., 2000). Ze względu na zwiększające się zainteresowanie zastosowaniem odporności *Mlo* w zwalczaniu *B. graminis* f. sp. *hordei* autorzy uznali za wskazane zebranie informacji dotyczących jej uwarunkowań genetycznych, fenotypu i mechanizmu działania.

GENETYKA

Odporność *Mlo* na mączniak prawdziwy jęczmienia jest warunkowana przez serię recesywnych alleli w locus *Mlo* (Schwarzbach, 1967; Jørgensen, 1991 a, 1994; Czembor i Fresk, 2003). Dotychczas opisano przynajmniej jeden allel (*mlo11*) w odmianach miejscowych z Etiopii oraz ponad 160 mutantów z odpornością *Mlo* otrzymanych w wyniku działania takich mutagenów jak EMS oraz promieniowania X i γ (Nover i Schwarzbach, 1971; Yamaguchi i Yamashita, 1979; Czembor i Gacek, 1991; Czembor i Czembor, 2003 b). Na podstawie badań genetycznych udowodniono istnienie 30 alleli *mlo* (Jørgensen, 1983, 1992 a, 1992 b; Piffanelli i in., 2002; Czembor i Czembor, 2003 a). Gen odporności w locus *Mlo* został zlokalizowany na dłuższym ramieniu chromosomu 4 w odległości 42 cM od genu *br2* i 50 cM od centromeru (Jørgensen, 1977 b; Jensen, 1987). Jørgensen i Jensen (1979) przeprowadzili badania genetyczne mające na celu wyjaśnienie struktury locus *Mlo*. Powyższe badania wykazały istnienie przynajmniej 3 zmutowanych miejsc oddalonych od siebie o ok. 0,05 procent rekombinacji. Jedno z tych miejsc zawiera allele *mlo1* i *mlo4* otrzymane w wyniku działania promieniowania X, a inne zawiera allele *mlo5*, *mlo8* i *mlo9* otrzymane w wyniku działania EMS. Trzecie z miejsc jest usytuowane między dwoma miejscami opisanymi powyżej i zawiera wyłącznie allel *mlo11* pochodzący z odmiany miejscowej z Etiopii (Jørgensen, 1976 a, 1976 b, 1977 a). Wielkość locus *Mlo* jest porównywalne z wielkością innych loci organizmów wyższych, które nie przekraczają zwykle 0,1% rekombinacji (Atzema, 1998). Wszystkie opisane dotychczas allele, mimo że powstały w wyniku różnych mutacji, wykazują identyczny fenotyp odporności (Jørgensen, 1983, 1992 a, 1992 b). Badania te wskazują na to, że dominujący (funkcjonalny) typ "dziki" genu *Mlo* koduje jeden produkt (białko), którego wytwarzanie może zostać zakłócone przez mutacje w kilku miejscach tego genu (Jørgensen, 1991 a, 1991 b). Badania genetyczne alleli *mlo1* do *mlo11* prowadzone przez Jørgensena i Jensena (1979) wykazały, że dominujący „dziki” allel *Mlo* uległ zmianie na recesywne allele poprzez mutacje

w jednym z przynajmniej trzech miejsc locus *Mlo*. Obecnie uważa się, że „dziki” gen *Mlo* pełni rolę negatywnego regulatora reakcji odpornościowej rośliny na zetknięcie się z patogenem (Collins i in., 2000; Lyngkjær i in., 2000; Piffanelli i in., 2002).

Zidentyfikowano dwa geny, *Ror1* i *Ror2*, które są wymagane do ekspresji odporności *Mlo* (Freialdenhoven i in., 1996; Collins i in., 2001). Rośliny jęczmienia z genem *mlo* i z jednym z zmutowanych genów *ror* wykazywały częściową ekspresję odporności *Mlo* (Schulze-Lefert i Kogel, 2000). Podobny system dwóch genów mających wpływ na ekspresję genu został opisany w przypadku rasowo specyficznego genu *Mla12* (Freialdenhoven i in., 1996; Jørgensen, 1996). Jednak geny *mlo* nie współdziałają z innymi genami odporności jęczmienia. Geny te mogą występować w odmianach jęczmienia z genami rasowo-specyficznymi oraz z genami warunkującymi odporność częściową.

FENOTYP

Długie komórki epidermy odmian jęczmienia z genem *mlo* umiejscowione nad tkankami przewodzącymi nie są penetrowane przez grzyba, podczas gdy komórki krótkie epidermy są penetrowane bardzo rzadko. Odporność *Mlo* charakteryzuje się głównie takimi cechami fenotypowymi jak obecność pojedynczych, stosunkowo małych kolonii grzyba, które rozwijają się prawie wyłącznie w wyniku infekcji komórek przyszparkowych (Wolfe, 1972; Wiberg, 1973, 1974). Tego rodzaju reakcję odpornościową oznaczono symbolem 0(4) (Nover 1972). Jednak, gdy roślina posiada dodatkowy efektywny gen odporności warunkujący na przykład reakcję odpornościową 2 to reakcja odpornościowa tej rośliny będzie oznaczona 0(2), a gdy ten dodatkowy gen będzie warunkował reakcję 0 to reakcja tej rośliny będzie oznaczona symbolem 0 (brak koloni grzyba) (Czembor, 2000; Czembor i Czembor, 2001).

Wielkość i liczba kolonii grzyba

Liczba i wielkość występujących pojedynczych koloni jest różna i zależy od wielu czynników. Ilość ta jest zawsze minimum 10 razy mniejsza niż u odmian podatnych oraz kolonie grzyba są wyraźnie mniejsze (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998; Lyngkjær i in., 2000).

Na podstawie dostępnej literatury można wyróżnić 9 głównych czynników mających wpływ na liczbę i wielkość koloni na roślinach z genem *mlo*:

Ilość inokulum

W wielu badaniach wykazano dodatnią zależność ilości inokulum z liczbą koloni grzyba (Jørgensen i Mortensen, 1977; Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998).

Genotyp grzyba

Mimo testowania tysięcy izolatów w Europie i Japonii nie znaleziono dotychczas izolatu mączniaka wirulentnego w stosunku do genu *mlo* (Andersen, 1991; Atzema i in., 1994, 1996; Heta i Takeda, 1995; Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998). Jednak wykazano istotne różnice w liczbie małych kolonii grzyba powstałych na roślinie po zakażeniu różnymi izolatami, co świadczy o istnieniu zróżnicowania w ich agresywności (Andersen 1991; Schwarzbach, 1998; Lyngkjær i in., 1995). Najwyższy opisany poziom agresywności w stosunku do genu *mlo* stanowi tylko ok. 10% agresywności patogena na materiale

roślinnym z głównymi genami odporności bez genu *mlo* (Lyngkjær i in., 1995; Atzema, 1998; Schwarzbach, 1979, 1998).

Allele *mlo*

Badania przeprowadzone w Niemczech (Habekuss i Hentrich, 1988; Hentrich i Habekuss, 1991; Röbbelen i Heun, 1991) wykazały, że odmiany z allelami *mlo* otrzymanymi w wyniku różnych mutacji tej samej odmiany zakażone mączniakiem różnią się między sobą liczbą kolonii oraz efektem pleiotropowym. Zinterpretowano ten fakt jako istnienie różnic fenotypowych odporności warunkowanej poszczególnymi allelami *mlo*. Wydaje się jednak, że dalsze badania są potrzebne dla potwierdzenia występowania takiego samego tła genetycznego użytych mutantów i braku innych mutacji powstałych w procesie mutagenyzy. Ostatnie badania tego zagadnienia przeprowadzone przez Atzemę (1998) nie wykazały istotnych różnic w funkcjonowaniu różnych alleli *mlo* w roślinach z tym samym tłem genetycznym. Autorka w swoich badaniach użyła 10 linii izogenicznych BCI odmiany Ingrid z allelami *mlo*: 1,3,4,5,6,7,8,9,10 i 11. Linie te zakażano izolatami HL3/5, a następnie liczono kolonie grzyba. Podobne badania przy użyciu linii izogenicznych odmiany Ingrid przeprowadzili Wolter i Zimmermann (1993). Wyniki ich badań były podobne do wyników otrzymanych przez Atzemę (1998).

Genotyp rośliny

W wielu badaniach wykazano wpływ „tła genetycznego” na ekspresję różnych alleli *mlo* oraz na liczbę kolonii grzyba (Jørgensen i Mortensen, 1977; Atzema, 1998; Baker i in., 1998). Atzema (1998) w badaniach swoich wykazała, że linie Ris5678R i BCImlo5 posiadające ten sam allel *mlo5* różnią się istotnie pod względem liczby kolonii grzyba. Schwarzbach (1987) opisał różny poziom odporności Mlo w różnych odmianach na zakażenie awirulentnymi w stosunku do genu *mlo* izolatami mączniaka. Stwierdził, że najwyższy poziom odporności miała odmiana Alexis, mniejszy Atem, a najmniej Apex. Wysoki poziom odporności odmiany Alexis został potwierdzony przez Atzemę (1998). Autorka ta wykazała, że odmiana Alexis posiadała najwyższy poziom odporności na wszystkie badane przez nią izolaty patogena. Odmianą najbardziej podatną okazała się odmiana Lotus. Tło genetyczne może być również przyczyną obserwowanych efektów ilościowych w ekspresji genów *mlo*. Zjawisko to opisano u odmian Grosso i Lotus, na których liczba kolonii zależała od użytych do zakażenia izolatów. Na roślinach tych odmian po zakażeniu niektórymi izolatami obserwowano zupełny brak kolonii grzyba, a po zakażeniu innymi izolatami kolonie grzyba były mniej lub bardziej liczne (Atzema 1998; Schwarzbach, 1998).

Wiek rośliny

Atzema (1998) badała trzytygodniowe siewki roślin z genem *mlo* oraz odmiany kontrolne Ingrid i Ris5678S nie posiadające genu *mlo*. Rośliny w stadium 3- lub 4-liścia inokulowała siedmioma izolatami, w tym dwoma częściowo *mlo* wirulentnymi HL3/5 i RaceI. Na siewkach posiadających gen *mlo* zaobserwowała zupełny brak kolonii grzyba, podczas gdy rośliny kontrolne bez genu *mlo* były porażone. Sugeruje to obecność mechanizmu powodującego wzrost ekspresji odporności Mlo wraz z wiekiem rośliny. Hwang i Heitefus (1982 a, 1982 b) wykazali, że odporność roślin na choroby w późniejszych stadiach rozwojowych rośliny może być zaobserwowana już w stadium

trzeciego liścia. Lyngkjær i wsp. (1997) stwierdzili, że dzieje się tak również w przypadku roślin z genem *mlo* zakażonych izolatem HL-3/5. Badania nad tym problemem oraz nad zagadnieniami związanymi ze zmianami fizjologicznymi w infekowanej mączniakiem komórkach epidermy roślin jęczmienia z genem *mlo* były prowadzone przez ostatnie 10 lat przez zespół Carvera w Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth, Wielka Brytania (Carver i in., 1991, 1992, 1994, 1996).

Warunki środowiska

Tymczasowe „załamanie” się odporności Mlo może spowodować m.in. obfitość wody dostępnej dla rośliny po okresie suszy (Newton i Young, 1996 a, 1996 b; Baker i in., 1998, 2000) oraz usunięcie stresu niskiej temperatury (Lyngkjær i in. 2000). Wykazano, że w warunkach laboratoryjnych i polowych niektóre genotypy jęczmienia zachowują się odmiennie (Newton, inf. ustna).

Dostępność mikro- i makroelementów

Wykazano, że dostępność azotu dla rośliny wpływa istotnie na poziom odporności Mlo (Newton i Young, 1996 a; Baker i in., 1998). Znacznie mniejsze papilla wytwarzane przez rośliny z genem *mlo* (podczas prób penetracji komórek epidermy przez grzyba) przy pozbawieniu ich dostępnego krzemu nie spowodowało zmniejszenia efektywności odporności Mlo (Zeyen i in., 2001).

Intensywność światła

Działanie intensywnego światła na rośliny z genem *mlo* powoduje zwiększenie liczby i wielkości plam nekrotycznych. Tłumaczy się to zmianami w metabolizmie tlenu pod wpływem intensywnego światła słonecznego (Dangl i in., 1996). Zmiany te obserwowano u niektórych odmian rosnących w warunkach polowych, ze szczególnym nasileniem u odmiany Krona (Walter i Zimmermann, 1993). W warunkach szklarniowych zmian takich nie obserwowano (Atzema, 1998).

Temperatura

Badania opisane przez Atzemę (1998) wykazały, że liczba kolonii powstałych w wyniku inokulacji roślin izolatem HL3/5 była 20–38% wyższa, gdy inokulacja i inkubacja była przeprowadzona w temperaturze 20°C, niż gdy to miało miejsce w temperaturze 17°C i 18°C.

Efekt plejotropowy

Drugą charakterystyczną cechą roślin jęczmienia z odpornością Mlo jest występowanie efektu plejotropowego genów *mlo* (Schwarzbach, 1976; Hentrich, 1979; Jørgensen, 1991 a). Najbardziej charakterystycznymi z tych efektów jest występowanie w różnym nasileniu chloroz i plam nekrotycznych. Występowanie chloroz i nekroz zmniejsza intensywność fotosyntezy w wyniku ograniczenia powierzchni asymilacyjnej roślin oraz ogranicza transport produktów fotosyntezy z liści do ziarniaków (Kjær i in., 1990; Jørgensen 1991 a). Według Schwarzbacha (1976), Kjæra i wsp. (1990) oraz Bjørnstada i Aastveita (1990) średni efekt plejotropowy u mutantów w porównaniu do form wyjściowych wyniósł dla masy ziarniaków ok. 4%–6%. Schwarzbach (1976) wykazał, że efekt plejotropowy dla wysokości roślin wynosi 0,3%, dla liczby kłosów 0,4%, dla liczby ziarniaków w kłosie 2,4%, a dla plonu 12,3%. W wielu badaniach wykazano istotny wpływ tła genetycznego

na wielkość efektu pleiotropowego genu *mlo* (Bjørnstad i Aastveit, 1990; Kjær i in., 1990; Lundquist, 1991; Atzema, 1998).

Dangl i wsp. (1996) przedstawił hipotezę tłumaczącą efekt pleiotropowy genu *mlo* tym, że gen ten należy do mutantów „Less”. „Less” są to mutanty, na których obserwuje się większe lub mniejsze plamy martwej tkanki (nekrozy) przy braku zetknięcia się tych roślin z patogenem. Bardzo często plamy te przypominają symptomy chorób np. reakcję odpornościową nadwrażliwości jęczmienia uwarunkowaną przez geny *Mla*, *MLk* i *MLh* na zakażenie mączniakiem. Reakcja nadwrażliwości polega na śmierci jednej lub więcej komórek epidermy po ich zetknięciu się ze strzępką infekcyjną grzyba. Bardzo często zamieranie komórek występuje również w przypadku zetknięcia się patogena z rośliną nieżywicieleką. Jednak tego rodzaju reakcje odpornościowe nie występują w roślinach jęczmienia z genem *mlo*. Peterhänsel i wsp. (1997) wykazali, że inokulacja roślin jęczmienia z odpornością *Mlo* mączniakiem pszenicy (*B. graminis* f. sp. *tritici*) nie powoduje zamierania komórek, a jedynie tworzenie papilli. Wskazuje to, że mechanizm odporności *Mlo* działa również w przypadku zetknięcia się roślin jęczmienia z patogenem, dla którego jęczmień nie jest żywicielem. Mutanty „less” są dość często obserwowane u innych gatunków roślin np. kukurydzy. Reakcja nadwrażliwości uruchamia często nabytą odporność systemiczną (SAR — systemic acquired resistance). Odporność SAR chroni roślinę przed wszystkimi patogenami (Dangl i in., 1996). Mutanty „Less” nie są związane ze znanymi genami odporności, ale mogą być związane z nieznanymi genami odporności. Najprawdopodobniej fenotyp mutantów „Less” jest wynikiem zaburzeń w funkcjonowaniu głównych genów odporności (genów R) (Sudupak i in., 1993; Dangl i in., 1996).

Trzy lata wcześniej pierwsza odmiana z genem *mlo* (Atem) została zarejestrowana, Schwarzbach (1976) wyraził pogląd, że w związku z efektem pleiotropowym genu *mlo* wyhodowanie odmiany dającej wysoki plon o dobrej jakości nie będzie możliwe. Jednak w wyniku odpowiednich krzyżowań i selekcji udało się zredukować efekt pleiotropowy genu *mlo* do minimum (Czembor i Czembor, 2003 a).

MECHANIZM ODPORNOŚCI

Odporność *Mlo* polega na uniemożliwieniu przenikania przez ścianę komórkową strzępki infekcyjnej *B. graminis* f. sp. *hordei*. Dzieje się tak, ponieważ tworzona jest warstwa ochronna (papilla) poniżej miejsca zetknięcia się strzępki infekcyjnej mączniaka z powierzchnią liścia (Lyngkjær, 1985; Skou, 1985; Stolzenburg i in., 1984; Inoue i in., 1994; Lyngkjær i Østergård, 1996). Papilla powstaje na skutek szybkiego wydzielania przez komórki epidermy różnych substancji chemicznych głównie kalozy i fenoli, ale także białek i węglowodanów. Papilla stanowi fizyczną i chemiczną barierę dla strzępki mączniaka i są powszechnym mechanizmem obronnym roślin wobec patogenów (Aist, 1976, 1983; Aist i in., 1979; Aist i Bushnell, 1991). Papilla warunkowana obecnością genu *mlo* są ponad dwa razy większe i grubsze od papilli wytwarzanych przez komórki rośliny w wyniku działania genów odporności rasowo-specyficznych np. *Mla* lub wytworzonych w przypadku, gdy strzępka infekcyjna nie była w stanie przeniknąć przez ścianę komórkową (Skou i in., 1984; Lyngkjær i Østergård, 1998). W wielu badaniach

udowodniono wysoki stopień korelacji między odpornością *Mlo* a rozmiarami papilli. Stwierdzono również, że niektóre linie podatne jęczmienia również wytwarzają stosunkowo duże papilla, co sugeruje, że na efektywność tego mechanizmu odporności wpływa nie tylko wielkość wytworzonej warstwy ochronnej, ale również jej skład (Skou 1982; Skou i in., 1984; Gold i in., 1986; Bayles i in., 1990; Zeyen i in., 1993). Wyraźnie mniejsze papilla są obserwowane, gdy przez ścianę komórki epidermy stara się przeniknąć strzępka infekcyjna izolatu HL3/5 częściowo wirulentnego w stosunku do genu *mlo* (Lyngkjær i in., 1996; Lyngkjær i Østergård, 1998). Ponadto gen *mlo* warunkuje szybsze odkładanie papilli (Aist i Israel, 1977; Bayles i in., 1990). Wykazano, że formowanie papilli w linii izogenicznej z genem *mlo* rozpoczęło się 60 minut przed próbą penetracji komórki przez strzępkę grzyba, podczas gdy dla linii izogenicznej nie posiadającej genu *mlo* formowanie się papilli rozpoczęło się 40 minut po próbie penetracji komórki przez strzępkę grzyba (Skou i in., 1984; Gold i in., 1986; Bayles i in., 1990).

Głównymi składnikami papilli jest kaloza i fenole. Kaloza jest wytwarzana przez komórki epidermy roślin jęczmienia w odpowiedzi na uszkodzenia mechaniczne (Skou i in., 1984; Koga i in., 1990; Yokoyama i in., 1991; Clark i in., 1994, 1995). Gdy strzępka infekcyjna przeniknie przez kutykulę i ścianę komórkową to grzybnia wrasta do wnętrza komórki formując haustorium (ssawkę), a wokół szyjki haustorium tworzy się kołnierz z kalozy. Wytwarzanie kalozy występuje u roślin jęczmienia pod wpływem uszkodzenia ściany komórkowej komórek epidermy przez czynniki abiotyczne (np. ostre ziarna piasku, ocieranie się rośliny o roślinę) i biotyczne (np. kłujka mszycy, strzępka infekcyjna zarodnika konidialnego mączniaka; Russo i Bushnell, 1989). Jednak u roślin z odpornością *Mlo* ilość wytworzonej kalozy jest blisko trzykrotnie większa (Skou, 1982; Skou i in., 1984; Gold i in., 1986; Zeyen i in., 1993). Badania prowadzone przez Bayles i Aista (1987) oraz Golda i wsp. (1986) udowodniły, że gen *mlo* wpływa istotnie na regulację gospodarki wapniem w komórkach skórki jęczmienia, a jony wapnia pełnią dużą rolę w aktywacji enzymów odpowiedzialnych za wytwarzanie kalozy (Kauss i in., 1983; Aist i Gold, 1987; Bayles i Aist, 1987; Pedersen, 1990; Zeyen, 1999).

Powszechnie występującym mechanizmem obronnym roślin na infekcję patogenów jest polimeryzacja związków fenolowych w ścianie komórkowej pod wpływem kontaktu z patogenem i tworzenie w ten sposób pierwszej bariery izolacyjnej wokół miejsca infekcji. Duże znaczenie fenoli podczas reakcji obronnej roślin jęczmienia, w wyniku której tworzone są papillae zostało udowodnione w wielu badaniach (Sherwood i Vance, 1982; Aist i in., 1988; Carver i in., 1991, 1994). Związki fenolowe działają wzmacniająco na ścianę komórkową komórek epidermy oraz papilli u jęczmienia (Carver i in., 1991; Clark i in., 1994, 1995; Zeyen i in., 1995). Utwardzone regiony ściany komórkowej oraz papilla powstałe poprzez przyłączone do włókien celulozy związki fenolowe stanowią fizyczną przeszkodę dla strzępki infekcyjnej grzyba (Stolzenburg i in., 1984; Lyngkjær i in., 2000). Obecność fenoli powoduje również, że ściany komórkowe komórek epidermy stają się odporne na działanie celulazy. Związki fenolowe wytwarzane są minimum 2 godziny szybciej u roślin z genem *mlo* niż u roślin podatnych (Stolzenburg i in., 1984).

Udowodniono również zwiększenie wydzielania H_2O_2 w komórkach epidermy roślin jęczmienia z genem *mlo* po zetknięciu się ze strzępką infekcyjną mączniaka (Hückelhoven

i in., 1999). H_2O_2 wpływa na wzmocnienie struktury ściany komórkowej, ma działanie fungostatyczne oraz pełni rolę w wyzwalaniu reakcji odpornościowej w komórkach otaczających miejsce infekcji roślin (Collins i in., 2000). Badania von Röpenacka i współpracowników (1998) wykazały istotny wpływ H_2O_2 na wzmocnienie struktury papilli.

Komórki przysparkowe nie wytwarzają papilli (Skou, 1985; Lyngkjær i in., 2000). Najprawdopodobniej spowodowane jest to tym, że komórki te mają specyficzną fizjologię i giętką ścianę komórkową, co umożliwia im otwieranie i zamykanie szparki. Wykazano, że w komórkach przysparkowych jęczmienia kaloza nie jest wytwarzana niezależnie od obecności alleli *mlo* (Skou, 1985). Liczne badania wykazały, że papilla są wytwarzane przez komórki epidermy również w czasie kiełkowania zarodnika konidialnego mączniaka niezależnie od istnienia genów odporności. Jednakże papilla te są znacznie mniejsze i około 50% cieńsze od tych wytwarzanych przez rośliny z odpornością *Mlo* (Skou, 1985; Aist i in., 1988; Lyngkjær i in., 2000).

Gen *mlo* najprawdopodobniej spełnia podstawową funkcję regulującą mechanizm obronny rośliny (Skou i in., 1984). Recesywność alleli *mlo* oraz otrzymanie ich na drodze mutacji wskazują na to, że „dziki” gen *Mlo* jest genem, który warunkuje powstanie określonego produktu (białka) w roślinie. Z drugiej strony wytwarzanie warstwowej struktury (papilla) w skład, której wchodzi mniej lub bardziej złożone związki chemiczne takie jak kalloza, białka i węglowodany sugeruje, że w tej reakcji odpornościowej jest aktywnych wiele genów (Jørgensen, 1991 a, 1992 a; Büschges i in., 1997; Lyngkjær i Østergård, 1998; Lyngkjær i in., 2000). Hipotezą łączącą obecność recesywnego genu powstałego w wyniku mutacji z aktywnością wielu genów warunkujących powstawanie produktów metabolicznych komórki jest pełnienie funkcji regulatora przez „dziki” gen *Mlo*, który może być inaktywowany w wyniku mutacji (Bayles i in., 1990; Hinze i in., 1991; Büschges i in., 1997). W myśl tej hipotezy, występowanie w większym lub mniejszym nasileniu chloroz i plam nekrotycznych na roślinach jęczmienia z odpornością *Mlo* może być wyjaśniona poprzez fakt, że regulacja genetyczna procesów metabolicznych rośliny jest zaburzona. Każde mechaniczne uszkodzenie może uaktywnić ten proces, a brak genetycznej kontroli może powodować trwanie tego procesu do momentu, gdy w komórce poddanej stresowi oraz w komórkach sąsiadujących z nią ulegną wyczerpaniu substraty dla odpowiednich procesów metabolicznych (Schulze-Lefert i in., 1994, 1999 a, 1999 b). Lyngkjær i Østergård (1998) wykazali, że odporność *Mlo* posiada aspekt specyficzny i niespecyficzny. Aspekt specyficzny jest skorelowany z wielkością udziału kalozy w papillach i ten aspekt odporności *Mlo* jest przewyższony przez częściowo wirulentny na gen *mlo* izolat HL3/5. Aspekt niespecyficzny jest związany z udziałem fenoli w papillach. Jak dotąd nie opisano izolatu mączniaka mogącego „przełamać” część niespecyficzną odporności *Mlo*.

W świetle dotychczasowych badań gen odporności *mlo* warunkuje odporność jedynie na infekcję grzyba *B. graminis* f. sp. *hordei*. Odporność ta jest niezależna od obecności innych znanych genów odporności na mączniaka prawdziwego jęczmienia (Lyngkjær i in., 2000). Jednak niektórzy badacze, np. Jørgensen (1992 a, 1992 b), spodziewają się, że ta odporność może być efektywna wobec innych patogenów penetrujących żywe komórki

epidermy i nie należy się spodziewać by gen *mlo* był efektywny wobec takich patogenów jak *Puccinia hordei* (infekująca roślinę przez aparaty szparkowe) czy *Drechslera teres* (produkujący toksyny) (Lyngkjær i in., 2000).

W ostatnich latach udowodniono, że obecność różnych alleli *mlo* w roślinach jęczmienia zwiększa ich podatność na zakażenie grzybem *Magnaporthe grisea* (Jarosch i in., 1999; Kogel i in., 1999). Na roślinach jęczmienia z genem *mlo* grzyb *M. grisea* rozwijał się szybciej, jego zarodnikowanie było nasilone a plamy nekrotyczne na roślinach znacznie większe. Biorąc to pod uwagę uważa się, że gen *mlo* nie warunkuje w sposób bezwzględny odporności na infekcje patogenów penetrujących rośliny jęczmienia przez żywe komórki skórki liścia. Powoduje to również problem w użyciu tego genu w odmianach jęczmienia na terenach, gdzie grzyb *M. grisea* przyczynia się do strat (np. południowa Francja czy północne Włochy) (Jarosch i in., 1999). Ostatnie doniesienia (Kumar i in., 2001) mówią, że obecność genu *mlo* wpływa na podatność jęczmienia na infekcję innego grzyba nekrofitycznego *Bipolaris sorokiniana*, powodującego brunatną plamistość jęczmienia.

Wyniki niektórych badań sugerowały, że gen *mlo* jest odpowiedzialny za zwiększoną podatność odmian jęczmienia na infekcję grzyba *Rhynchosporium secalis*. Jednak analiza pochodzenia szeregu odmian jęczmienia sugeruje, że powyższy związek jest wynikiem tła genetycznego oraz brakiem programów hodowli odpornościowej na grzyba *R. secalis* (Brown i Jonem, 1996; Lyngkjær i in., 2000).

BADANIA MOLEKULARNE

Budowa genu *Mlo*

Gen *Mlo* ma 1599 par zasad i koduje białko składające się z 533 aminokwasów o masie 60 kDa. Ma ono strukturę helikoidalną i umocowane jest w błonie komórkowej w 7 miejscach tak, że koniec z wolną grupą aminową znajduje się na zewnątrz komórki a koniec z grupą karboksylową wewnątrz komórki (Büschges i in., 1997; Devoto i in., 1999; Piffanelli i in., 1999). Dlatego białko to określane jest symbolem 7 TM — transmembrane). Białko to należy do powszechnie występującej w roślinach grupy białek umocowanych w błonie komórkowej (Elliot i in., 2002; Kim i in., 2002). Grupa tych białek występuje wcześnie w ewolucji roślin, gdyż białka tego typu stwierdzono w wielu grupach roślin w tym u mchów. Większa część białka znajduje się w cytoplazmie (Devoto i in., 1998, 1999, 2002; Stein i Somerville, 2002).

Dotychczasowe badania na poziomie molekularnym wyjaśniły zmiany mutacyjne w locus *Mlo* dla 15 alleli *mlo* (tab. 1) (Büschges i in., 1997; Schwarzbach, 1998; Piffanelli, 2002).

W 1998 roku budowa genu *mlo* została opatentowana (International Patent Publication Number WO9804586, AU731487, CA2260363, JP2000516811T) przez: Innes John Centre Innov Ltd, Panstruga Ralph, Büschges Rainer i Schulze-Lefert Paul Maria Jose. Patent zawiera 73 aspekty związane z budową genu *mlo* dotyczące m. in. modyfikacji struktury tego genu przez zastosowanie metod biologii molekularnej oraz wykorzystanie wiedzy na temat sekwencji tego genu w biotechnologii w tym roślin transgenicznych.

Natomiast nie dotyczy on użycia alleli *mlo* otrzymanych w wyniku mutagenезы lub występujących spontanicznie w odmianach miejscowych jęczmienia, w hodowli i badaniach genetycznych jęczmienia (Devoto i in., 1998, 1999; Schwarzbach, 1998; Piffanelli, 2002).

Tabela 1

Zmiany mutacyjne genu *Mlo* (Büschges i in., 1997; Schwarzbach 1998; Piffanelli i in., 2002)
Mutation changes of gene *Mlo* (Büschges et al., 1997; Schwarzbach 1998; Piffanelli et al., 2002)

Gen Gene	Mutacje Mutations	
	Nukleotydy Nucleotids	Aminokwasy Aminoacids
<i>mlo1</i>	T ⁴⁸⁴ → A	Trp ¹⁶² → Arg
<i>mlo2</i>	?	?
<i>mlo3</i>	2 delecje ¹¹⁸⁸	przesunięcie ramki odczytu w Phe ³⁹⁵ — shifting of reading frame in Phe ³⁹⁵
<i>mlo4</i>	11 delecji ⁴⁷⁸	przesunięcie ramki odczytu w Trp ¹⁵⁹ — shifting of reading frame in Trp ¹⁵⁹
<i>mlo5</i>	G ³ → A	Met ¹ → Ile
<i>mlo6</i>	?	?
<i>mlo7</i>	G ⁶⁷⁷ → A	Gly ²²⁶ → Asp
<i>mlo8</i>	A ¹ → Γ	Met ¹ → Val
<i>mlo9</i>	C ²⁸ → T	Arg ¹⁰
<i>mlo10</i>	6 delecji ⁵⁴³	brak Phe ¹⁸² i Thr ¹⁸³
<i>mlo11</i>	?	?
<i>mlo12</i>	?	?
<i>mlo13</i>	T ⁸⁹ → A	Val ⁵⁰ → Glu
<i>mlo14</i>	?	?
<i>mlo15</i>	?	?
<i>mlo16</i>	?	?
<i>mlo17</i>	C ⁹² → T	Ser ³¹ → Phe
<i>mlo18</i>	?	?
<i>mlo19</i>	?	?
<i>mlo20</i>	?	?
<i>mlo21</i>	?	?
<i>mlo22</i>	?	?
<i>mlo23</i>	?	?
<i>mlo24</i>	?	?
<i>mlo25</i>	?	?
<i>mlo26</i>	T ⁸⁰⁹ → A	Leu ²⁷⁰ → Phe
<i>mlo27</i>		Gly ³¹⁸ → Glu
<i>mlo28</i>		Thr ²²² → Ile
<i>mlo29</i>		Pro ³³⁴ → Leu
<i>mlo30</i>	delecje — deletions	brak 6 aminokwasów — 6 aminoacids lacking

Markery molekularne

Określono 3 rodzaje markerów molekularnych dla genu *mlo*: polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych (ang. RFLP = Restriction Fragment Length Polymorphism), polimorfizm losowo wzmocnionych fragmentów DNA (ang. RAPD = Random Amplified Polymorphic DNA) i polimorfizm długości fragmentów amplifikowanych (ang. AFLP = Amplification Fragment Length Polymorphism) (Hinze i in., 1991; Manninen i in., 1997; Simons i in., 1997).

Markery RFLP

Markery RFLP sprzężone z locus *Mlo* zostały zidentyfikowane przez Hinze i wsp. (1991), markery te pozwoliły na lokalizację tego locus na chromosomie 4 jęczmienia. Dalsze badania nad markerami RFLP dla locus *Mlo* wykazały, że zastosowanie markerów ABG394 i ABG396 było efektywne w praktyce hodowlanej (Hinze i in., 1991; Kleinhofs i in., 1993; Saghai-Marooft i in., 1994). Fragment chromosomu z locus *Mlo* wyznaczony przez dwa najbardziej ściśle sprzężone markery RFLP wynosi ok. 2,7 cM. Genom jęczmienia ma wielkość ok. 4800 Mb, czyli jest ok. 2 razy większy niż genom człowieka (Arumuganathan i Earle, 1991), a mapa genetyczna pokrywa ok. 1800 cM (Becker i in., 1995). Biorąc pod uwagę wielkość genomu jęczmienia, odcinek odpowiadający 2,7 cM zawiera fragment DNA wielkości kilku Mb.

Markery RAPD

Dla genu *mlo* zidentyfikowano również markery RAPD w oparciu o przetestowanie 60 linii podwojonych haploidów pochodzących ze skrzyżowania izogenicznej linii odmiany Ingrid z genem *mlo11* z odmianą podatną Pokko. Używając analizę skrajnych grup segregantów (BSA) zidentyfikowano 7 markerów RAPD, z których najsilniej sprzężony (1,6 cM) był marker F4-980 (Manninen i in., 1997).

Markery AFLP

Zastosowanie techniki AFLP (Zabeau i Vos, 1993; Vos i in., 1995) pozwala na znacznie dokładniejsze mapowanie interesującego nas fragmentu chromosomu z locus *Mlo*. Dokładność ta wynosi przynajmniej 0.1 cM. Technika AFLP została użyta w celu identyfikacji markerów sprzężonych ściśle z locus *Mlo* i do stworzenia dokładnej mapy genetycznej fragmentu chromosomu 4, na którym zlokalizowany jest ten gen (Simons i in., 1997). W badaniach tych zostało przeanalizowanych 8000 fragmentów AFLP i uzyskano 18 potencjalnych markerów AFLP dla genu *mlo*. Technika ta umożliwiła szybką ocenę ok. 250 tys. loci pod względem ich sprzężenia z locus *Mlo* i w oparciu o tę technikę stworzono fizyczną mapę fragmentu DNA, zawierającego locus *Mlo* o wielkości 30 kB.

PODSUMOWANIE

Mączniak właściwy jęczmienia obniża istotnie ilość i jakość uzyskiwanego plonu z porażonych roślin. Ze względu na dynamicznie rozwijający się w Polsce przemysł browarniany intensywnie wzrasta zapotrzebowanie na ziarno jęczmienia o bardzo dobrej jakości. W obecnej sytuacji ekonomicznej w Polsce stosowanie częstych oprysków fungicydami nie zawsze jest opłacalne i jedyną skuteczną ochroną przed mączniakiem jest uprawa odmian odpornych, zwłaszcza odmian z genem *mlo* warunkującym trwałą i wysoko efektywną odporność. Przedstawione w pracy podstawowe informacje dotyczące uwarunkowań genetycznych, fenotypu, mechanizmu odporności oraz badań molekularnych powinny istotnie pomóc w hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka. Rezultatem właściwego wykorzystania odporności *Mlo* przez genetyków, fitopatologów, hodowców będzie zwiększone i bardziej stabilne plonowanie jęczmienia, a przez to lepsze wyniki ekonomiczne uzyskane przez plantatorów jęczmienia.

LITERATURA

- Aist J. R. 1976. Papillae and related wound plugs of plant cells. *Ann. Rev. Phytopath.* 14: 145 — 163.
- Aist J. R. 1983. Structural responses as resistance mechanisms. In: *The dynamics of host defense*. Bailey J. A., Deverall B. J. (ed.). Sydney, Academic Press: 33 — 70.
- Aist J. R., Gold R. E. 1987. Prevention of fungal ingress: The role of papillae and calcium. In: *Molecular Determinants of Plant Diseases*, Nishimura S., Vance C. P., Doke N. (ed.). Springer-Verlag, Berlin: 47 — 58.
- Aist J. R., Bushnell W. R. 1991. Invasion of plants by powdery mildew fungi and cellular mechanisms of resistance. In: *The spore and disease initiation in plants and animals*. Cole G. T., Hoch H. C. (ed.). Plenum Press N. York: 321 — 345.
- Aist J. R., Israel H. W. 1977. Papilla formation: Timing and significance during penetration of barley coleoptiles by *Erysiphe graminis hordei*. *Phytopathol.* 67: 455 — 461.
- Aist J. R., Gold E. R., Bayles C. J., Morrison G. H., Chandra S., Israel H. W. 1988. Evidence that molecular components of papillae may be involved in *ml-o* resistance to barley powdery mildew. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 33: 17 — 32.
- Aist J. R., Kunoh H., Israel H. W. 1979. Challenge appresoria of *Erysiphe graminis* fail to breach preformed papillae of compatible barley cultivar. *Phytopathol.* 69: 1245 — 1250.
- Andersen L. 1991. *Mlo* aggressiveness in European barley powdery mildew. In: *Integrated Control of Cereal Mildews: Virulence Patterns and their Change*. Jørgensen J. H. (ed.). Risø Natl. Lab., Røskilde: 187 — 196.
- Anonim 1999. Rocznik statystyczny Rzeczypospolitej Polskiej. GUS. Zakład Wydawnictw Statystycznych, Warszawa.
- Arseniuk E. 1983. Odporność roślin na choroby. *Biul. IHAR* 151: 213 — 221.
- Arseniuk E. 1995 a. Odporność roślin uprawnych na stresy biologiczne i fizyczne. I. Zarys ewolucji i rozwoju teorii odporności roślin na stresy biotyczne. W: *Odporność Roślin na Choroby i Niesprzyjające Czynniki Środowiska*. Arseniuk E., Góral T., Czembor P. Cz. (wyd.), 12 — 14.09. Radzików: 19 — 37.
- Arseniuk E. 1995 b. Zmienność genetyczna w populacjach patogenów i szkodników — źródła, implikacje dla hodowli, techniki wykrywania. W: *Odporność Roślin na Choroby i Niesprzyjające Czynniki Środowiska*. Arseniuk E., Góral T., Czembor P. Cz. (wyd.), 12—14.09. Radzików: 139 — 150.
- Arumuganathan K., Earle E. D. 1991. Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Mol. Biol. Rep.* 9 (3): 208 — 219.
- Atzema J. L. 1998. Durability of *mlo* resistance in barley against powdery mildew caused by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. Ph. D. thesis, Szwajcarski Instytut Techniczny, Zurich, Szwajcaria: 1 — 93.
- Atzema J. L., Finckh M. R., Wolfe M. S. 1996. Genetics of the response of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* to *ml-o* resistance in barley. W: *Proc. 9th European Med. Cereal Rusts & Powdery Mildews Conference*. Kema G. H. J., Niks R. E., Daamen R. A. (eds.), 2–6.09. 1996, Lunteren, The Netherlands: 55 — 57.
- Atzema J., Limpert E., Wolfe M. S. 1994. Testing isolates of barley powdery mildew for *mlo* virulence. In: *Integrated control of cereal mildews and rusts: towards coordination of research across Europe*. European Commission, Directorate-General XII, Brussels. Limpert E., Finckh M. R., Wolfe M. S. (ed.): 47 — 48.
- Baker S. J., Newton A. C., Crabb D., Guy D. C., Jefferies R. A., Mackerron D. K. L., Thomas W. T. B., Gurr S. J. 1998. Temporary partial breakdown of *mlo*-resistance in spring barley by sudden relief of soil water-stress under field conditions: the effects of genetic background and *mlo* allele. *Plant Pathol.* 47: 401 — 410.
- Baker S. J., Newton A. C., Gurr S. J. 2000. Cellular characteristics of temporary partial breakdown of *mlo*-resistance in barley to powdery mildew. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 56: 1 — 11.
- Balkema-Boomstra, A. G., Mastebroek H. D. 1995. Effect of powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) on photosynthesis and grain yield of partially resistant genotypes of spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Breed.* 114: 126 — 130.
- Bayles C. J., Aist J. R. 1987. Apparent calcium mediation of resistance of an *ml-o* barley mutant to powdery mildew. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 30: 337 — 345.
- Bayles C. J., Ghemawat M. S., Aist J. R. 1990. Inhibition by 2-deoxy-D-glucose of callose formation, papilla deposition, and resistance to powdery mildew in an *mlo* barley mutant. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 36: 63 — 72.
- Becker J., Vos P., Kuiper M., Salamini F., Heun M. 1995. Combined mapping of AFLP and RFLP markers in barley. *Mol. Gen. Genet.* 249: 65 — 73.

- Bjørnstad Å, Aastveit K. 1990. Pleiotropic effects on the *ml-o* mildew resistance gene in barley in different genetical backgrounds. *Euphytica* 46: 217 — 226.
- Brown J. K. M., Jones E. R. L. 1995. The effect of the *mlo* mildew resistance gene on *Rhynchosporium secalis* of barley. UK Cereal Pathogen Virulence Survey 1995. Annual Report 1996: 47 — 49.
- Büsches R., Holtricher K., Panstruga R., Simons G., Wolter M., Frijters A., van Daelen R., van der Lee T., Diergaarde P., Groenendijk J., Topsch S., Vos P., Salamini F., Schulze-Lefert P. 1997. The barley *mlo* gene: A novel control element of plant pathogen resistance. *Cell* 88: 695 — 705.
- Carver T. L. W., Robbins M. P., Zeyen R. J. 1991. Effects of two PAL inhibitors on the susceptibility and localized autofluorescent host cell responses of oat leaves attacked by *Erysiphe graminis* DC. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 39: 269 — 287.
- Carver T. L., Zeyen R. J., Bushnell W. R., Robbins M. P. 1994. Inhibition of phenylalanine ammonia lyase and cinnamyl-alcohol dehydrogenase increased quantitative susceptibility of barley to powdery mildew (*Erysiphe graminis* DC.). *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 44: 261 — 272.
- Carver T. L., Zeyen R. J., Robbins M. P., Deame G. A. 1992. Effects of PAL inhibition on oat, barley and wheat cell response to appropriate and inappropriate formae speciales of *Erysiphe graminis* DC. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 41: 397 — 409.
- Carver T. L., Zhang L., Zeyen R. J., Robbins M. P. 1996. Phenolic biosynthesis inhibitors suppress adult plant resistance to *Erysiphe graminis* in oat at 20 °C and 10 °C. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 49: 121 — 149.
- Ceccarelli S., Grandio S., Leur van J. A. G. 1995. Barley landraces of the fertile crescent offer new breeding options for stress environments. *Diversity* 11: 112 — 113.
- Clark T. A., Zeyen R. J., Smith A. G., Carver T. L. W., Vance C. P. 1994. Phenylalanine ammonia lyase mRNA accumulation, enzyme activity and cytoplasmic responses in barley isolines differing at M1-a and M1-o loci, attacked by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 44: 171 — 185.
- Clark T. A., Zeyen R. J., Carver T. L. W., Smith A. G., Bushnell W. R. 1995. Epidermal cell cytoplasmic events and response gene transcript accumulation during *Erysiphe graminis* attack in isogenic barley lines differing at the M1-o locus. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 46: 1 — 16.
- Collins N., Sadanandom A., Zhou F., Shirasu K., Elliott C., Kurth J., Devoto A., Piffanelli P., Lahaye T., Hartmann A., Schulze-Lefert P. 2000. The genetic and molecular basis of disease resistance to the powdery mildew fungus in barley. In: Barley Genetics VIII, 8th International Barley Genetics Symp., 22–27.10.2000, Adelaide, Australia: 61 — 67.
- Collins N. C., Lahaye T., Peterhänsel Ch., Freialdenhoven A., Corbitt M., Schulze-Lefert P. 2001. Sequence haplotypes revealed by sequence-tagged site fine mapping of the Ror1 gene in the centromeric region of barley chromosome 1H¹. *Plant Physiol.* 125: 1236 — 1247.
- Czembor H. J. 1981 a. Dziedziczenie odporności jęczmienia na mączniak (*Erysiphe graminis* DC. EX Merat f. sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim.* 25 (5/6): 227 — 234.
- Czembor H. J. 1981 b. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* DC. EX Merat f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1975–1979. *Hod. Rośl. Aklim.* 25 (5/6): 215 — 225.
- Czembor H. J. 1983. Hodowla jęczmienia odpornego na choroby — stan badań i program. *Biul. IHAR* 150: 4 — 10.
- Czembor H. J. 1984 a. Dziedziczenie odporności jęczmienia na mączniak (*Erysiphe graminis* DC. EX Merat f. sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim.* 28(1): 33 — 44.
- Czembor H. J. 1984 b. Odporność jęczmienia ozimego na mączniak (*Erysiphe graminis* DC Ex Merat f. sp. *hordei*). *Hod. Rośl. Aklim.* 28 (1): 1 — 31.
- Czembor, J. H. 1996. Presence and expression of resistance genes to powdery mildew of barley in selections from Tunisian barley landraces. Ph. D. thesis, Department of Plant Pathology, Montana State University, Bozeman, USA.
- Czembor J. H. 2000. Sources of resistance to powdery mildew in barley landraces from Libya. *J. Swedish Seed Assoc.* 4: 232 — 248.
- Czembor J. H. 2002. Resistance to powdery mildew in selections from barley landraces. *Euphytica* 125 (3): 397 — 409.
- 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 J. H., Czembor H. J. 1999. Powdery mildew resistance in cultivars of winter barley from Polish Register. *Plant Breed. Seed Sci.* 43 (1): 65 — 75.
- 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 J. H., Czembor E. 2003 a. Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). II. Źródła i ich wykorzystanie w hodowli. *Biul. IHAR* 230 w druku.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003 b. Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). III. Trwałość odporności. *Biul. IHAR*, 230 w druku.
- Czembor J. H., Frese L. 2003. Powdery mildew resistance in selections from barley landraces collected from Turkey. *Die Bodenkultur*, w druku.
- 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. 1990. Wybrane problemy hodowli odpornościowej zbóż na choroby. *Biul. IHAR* 173/174: 53 — 64.
- Czembor H. J., Gacek E. 1991. Development of high-yielding and disease resistant barley cultivars through combination of mutagenesis with conventional cross-breeding. *Cereal Res. Commun.* 19: 43 — 49.
- Dangl J. L., Dietrich R. A., Richberg M. H. 1996. Death don't have mercy: cell death programs in plant-microbe interactions. *The Plant Cell* 8: 1793 — 1807.
- Devoto A., Piffanelli P., Nilsson L., Wallin E., Panstruga R., von Heijne G., Schulze-Lefert P. 1999. Topology, Subcellular localization, and sequence diversity of the Mlo family in plants. *J. Biol. Chem.* 274: 34993 — 35004.
- Devoto A., Piffanelli P., Panstruga R., Schulze-Lefert P. 1998. Structural and functional analysis of the *mlo* gene. In: *Proc. 7th Internat. Congress of Plant Pathol.* 9–16.08. Edinburgh, Scotland.
- Devoto A., Hartmann H.A., Piffanelli P., Elliot C., Simmons C., Taraminio G., Goh C.S., Cohen F.E., Schulze-Lefert P., Panstruga R. 2002. Molecular phylogeny and domain-specific co-evolution of the plant-specific seven transmembrane MLO family. *J. Mol. Evolution* 56: 77 — 88.
- Elliot C., Zhou F., Spielmeier W., Panstruga P., Schulze-Lefert P. 2002. Functional conservation of wheat and rice Mlo orthologs in defence modulation to the powdery mildew fungus. *Mol. Plant-Microbe Inter.* 15 (10): 1069 — 1077.
- Freialdenhoven A., Peterhänsel Ch., Kurrth J., Kreuzaler F., Schulze-Lefert P. 1996. Identification of genes required for the function of non-race-specific *mlo* resistance to powdery mildew in barley. *The Plant Cell* 8: 5 — 14.
- Gacek E. 1989. Problem wykorzystania genetycznej odporności w ochronie zbóż. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 374: 143 — 149.
- 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. 1992. Odporność mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* DC) i innych patogenów zbóż na fungicydy układowe. *Biul. IHAR* 184: 31 — 45.
- 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 mieszanin 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.
- Griffiths E., Gareth J. D., Valentine M. 1975. Effects of powdery mildew at different growth stages on grain yield of barley. *Ann. Appl. Biol.* 80: 343 — 349.
- Gold R. E., Aist J. R., Hazen B. E., Stolzenburg M. C., Marshall M. R., Israel H. W. 1986. Effects of calcium nitrate and chlortetracycline on papilla formation, mlo resistance and susceptibility of barley to powdery mildew. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 29: 115 — 129.
- Habekuss A., Hentrich W. 1988. Charakterisierung funktionell verschiedener ml-o Mutanten durch Primärinfektion, Pustelwachstum, Inkubationszeit und Befallsverlauf. *Tag.-Ber. Akad. LWW DDR Berlin*, 272: 229 — 237.
- Hentrich W. 1979. Multiple Allelie. Pleiotropie und züchterische Nutzung mehlauresistenter Mutanten des mlo-Locus der Gerste, Tag — Ber, Akad. Landwirtsch.-Wiss. DDR, 175: 191.

- Hentrich W., Habekuss A. 1991. Untersuchungen an heteroallelen mehlttauresistenten Mutanten des *mlo*-Locus der Sommergerste. Vorträge für Pflanzenzüchtung 19: 311 — 312.
- Heta H., Takeda K. 1995. Reaction of the resistant gene *ml-o* to various barley powdery mildew strains. Bull. of the Res. Inst. for Biores., Okayama Univ. 3: 11 — 16.
- Hinze K., Thompson R.D., Ritter E., Salamini F., Schulze-Lefert P. 1991. Restriction fragment length polymorphism-mediated targeting of the *ml-o* resistance locus in barley (*Hordeum vulgare*). Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 88: 3691
- Hovmøller, 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., Skinnes, H., Slater, S., and Vronska, O. 2000. The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery. Agronomie 20: 729 — 744.
- Hückelhoven R., Fodor J., Preis C., Kogel K. H. 1999. Hypersensitive cell death and papilla formation in barley attacked by the powdery mildew fungus are associated with hydrogen peroxide but not with salicylic acid accumulation. Plant Physiol. 119: 1251 — 1260.
- Hwang B. K., Heitefuss R. 1982 a. Characterization of adult plant resistance of spring barley to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*). I. Race specificity and expression of resistance. Phytopath. Zeit. 104: 168 — 178.
- Hwang B. K., Heitefuss R. 1982 b. Characterization of adult plant resistance of spring barley to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*). II. Infection process at different leaf stages. Phytopath. Zeit. 104: 179 — 190.
- Inoue S., Aist J. R., Macko V. 1994. Earlier papilla formation and resistance to barley powdery mildew induced by a papilla-regulating extract. Physiol. Mol. Plant Pathol. 44: 433 — 440.
- Jarosch B., Jansen M., Schaffrath U. 2003. Acquired resistance functions in *mlo* barley, which is hypersusceptible to *Magnaporthe grisea*. Mol. Plant Microbe Interact. 16 (2): 107 — 114.
- Jarosch B., Kogel K. H., Schaffrath U. 1999. The ambivalence of the barley *Mlo* locus: mutations conferring resistance against powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) enhance susceptibility to the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. Mol. Plant Mic. Interact. 12: 508 — 514.
- Jensen J. 1987. Linkage map of barley chromosome 4. In: Barley Genetics V. Okayama University Press, Okayama: 189.
- Jørgensen J. H. 1971 a. Comparison of induced mutant genes with spontaneous genes in barley conditioning resistance to powdery mildew. In: Mutation Breeding for Disease Resistance, IAEA — PL — 412/12: 117 — 124.
- Jørgensen J. H. 1971 b. Studies on induced and spontaneous mildew resistance genes at the *ml-o* locus in barley. Hereditas 69: 298.
- Jørgensen H.J. 1976a. Identification of powdery mildew resistant barley mutants and their allelic relationships. W: Barley Genetics III. Proc. sympos. 7–12.07.1975 Garching, Karl Thiernig Verlag, Munchen: 446 — 455.
- Jørgensen J. H. 1976 b. Studies on recombination between alleles in the *ml-o* locus of barley and pleiotropic effect of the alleles. In: Proc. Res. Co-ordination Meeting, Joint FAO/IAEA Division of Atomic Energy in Food and Agriculture, 15–19.09.1975 Ames (USA): 129 — 140.
- Jørgensen J. H. 1977a. Spectrum of resistance conferred by *ml-o* powdery mildew resistance genes in barley. Euphytica 26: 55 — 62.
- Jørgensen J. H. 1977 b. Location of the *ml-o* locus on barley chromosome 4. In: Induced Mutations Against Plant Diseases, IAEA, Vienna, Austria: 533 — 549.
- Jørgensen J. H. 1983. Experience and conclusions from the work at Risø on induced mutations for powdery mildew resistance in barley. W: Induced Mutations for Disease Resistance in Crop Plants II. Intern. Atomic Energy Agency, Vienna, Austria: 73 — 86.
- Jørgensen J. H. 1991 a. Mechanism of *Mlo* resistance to barley powdery mildew. Sveriges Ustadesförenings Tidskrift 101: 80 — 84.
- Jørgensen J. H. 1991b. Mutation studies on cereal disease resistance. W: Plant Mutation Breeding for Crop Improvement: Proceedings of an International Symposium on the Contribution of Plant Mutation Breeding to Crop Improvement Jointly Organized by the IAEA and FAO JAEA, 18–22.06.1990, vol. 2, Vienna, Austria: 81 — 91.
- Jørgensen, J. H. 1992 a. Sources and genetics of resistance to fungal pathogens. In: Barley Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology. Shewry P. R. (ed.): 441 — 458.

- Jørgensen J. H. 1992 b. Discovery, characterization and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. *Euphytica* 63: 141 — 152.
- Jørgensen J. H. 1993. Durability of resistance in the pathosystem: barley — powdery mildew. In: *Durability of disease resistance*, Jacobs Th., Parlevliet J. E. (ed.), Kluwer Academic Publishers, The Netherlands: 159 — 176.
- Jørgensen J. H. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. *Crit. Rev. Plant Sci.* 13: 97 — 119.
- Jørgensen J. H., Jensen H. P. 1979. Inter-allelic recombination in the *ml-o* locus in barley. *Barley Genet. Newsl.* 9: 37 — 39.
- Jørgensen J. H., Mortensen K. 1977. Primary infection by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* of barley mutants with resistance genes in the *ml-o* locus. *Phytopathol.* 67: 678 — 685.
- Kauss H., Köhle H., Jeblick W. 1983. Proteolytic activation and stimulation by Ca^{2+} of glucan synthase from soybean cells. *FEBS Lett.* 158: 84 — 88.
- Kim M. C., Lee S. H., Kim J. K., Chun H. J., Coi M. S., Chung W. S., Moon B. C., Kang C. H., Park C. Y., Yoo Y. H., Koo S. C., Koo Y. D., Jung J. C., Kim S. T., Schulze-Lefert P., Lee S. Y., Cho M. J. 2002. Mlo, a modulator of plant defense and cell death, is a novel calmodulin-binding protein. Isolation and characterization of a rice Mlo homologue. *J. Biol. Chem.* 277 (22): 19304 — 19314.
- Kim M.C., Panstruga R., Elliot C., Mueller J., Devoto A., Yoon H. W., Park Y.C., Cho M. J., Schulze-Lefert P. 2002. Calmodulin-regulated MLO defence suppression functions independently of heterotrimeric G proteins. *Nature* 416: 447 — 451.
- Kjær B., Jensen H. P., Jensen J., Jørgensen J. H. 1990. Associations between three *ml-o* powdery mildew resistance genes and agronomic traits in barley. *Euphytica* 46: 185 — 193.
- Kleinhofs A., Kilian A., Saghai Maroof M. A., Biyashev R. M., Hayes P., Chen F. Q., Lapitan N., Fenwick A., Blake T. K., Kanazin V., Ananiev E., Dahleen L., Kudrna D., Bollinger J., Knapp S. J. Liu B., Sorrells M. Heun M., Franckowiak J. D., Hoffman D., Skadsen R., Steffenson B. J. 1993. A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. *Theor. Appl. Genet.* 86: 705 — 712.
- Koga H., Bushnell, Zeyen R. J. 1990. Specificity of cell type and timing of events associated with papilla formation and the hypersensitive reaction in leaves of *Hordeum vulgare* attacked by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Can. J. Bot.* 68: 2344 — 2352.
- Kogel K. L., Jarosch B., Schaffrath U. 1999. *Mlo* confers non-race specific resistance against *Blumeria* but enhances susceptibility to the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. In: *First International Powdery Mildew Conference*, 29.08.-2. 09., Avignon, France: 83 — 84.
- Kumar J., Hüchelhoven R., Beckhove U., Nagarajan S., Kogel K. H. 2001. A compromised *Mlo* pathway affects the response of barley to the necrotrophic fungus *Bipolaris sorokiniana* (teleomorph: *Cochliobolus sativus*) and its toxin. *Phytopathol.* 91: 127 — 133.
- Lundqvist U. 1991. Swedish mutation research in barley with plant breeding aspects. A historical review. In: *Proc. Plant Mutation Breeding for Crop Improvement*, Volume 1, IAEA/FAO IAEA, Vienna, Austria: 135 — 147.
- Lyngkjær M. F. 1985. Infection of barley with *E. graminis*: effect of Mlo-virulence and Mlo-resistance. Ph.D. thesis, Copenhagen: 1 — 88.
- Lyngkjær M. F., Østergård H. 1996. Powdery mildew infection of barley with the mlo resistance gene. In: *Proc. 9th Cereal Rusts and Powdery Mildew Conference*, 2–6.09. Lunteren, NL. *Cereal Rusts and Powdery Mildew Bull.* 24: 58 — 60.
- Lyngkjær M. F., Østergård H. 1998. Interaction between powdery mildew and barley with *mlo5* mildew resistance. *Plant Pathol.* 47: 252 — 258.
- Lyngkjær M. F., Carver T. L. W., Zeyen R. J. 1997. Suppression of resistance to *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* conferred by the *mlo5* barley powdery mildew resistance gene. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 50: 17 — 36.
- Lyngkjær M. F., Jensen H. P., Østergård H. 1995. A Japanese powdery mildew isolate with exceptionally large infection efficiency on Mlo-resistant barley. *Plant Pathol.* 45: 786 — 790.
- Lyngkjær M. F., Newton A. C., Atzema J. L., Baker S. J. 2000. The barley *mlo*-gene: an important powdery mildew resistance source. *Agronomie* 20: 745 — 756.
- Lyngkjær M. F., Østergård H., Munk L. 1996. Papilla formation in leaves of mlo-resistant barley attacked by mlo-virulent powdery mildew. In: *COST 817 Population studies of airborne pathogens on cereals as a means of*

- improving strategies for disease control. Integrated control of cereal mildews and rusts: Towards Coordination of Research Across Europe. Limpert E., Finckh M. R., Wolfe M. S. (ed.): 227 — 236.
- Manninen O. M., Turpeinen T., Nissilä E. 1997. Identification of RAPD markers closely linked to the *mlo*-locus in barley. *Plant Breeding* 116: 461 — 464.
- Newton A.C., Young I.M. 1996 a. Temporary partial breakdown of Mlo powdery mildew resistance in barley. *Euphytica* 63: 141 — 152.
- Newton A. C. Young I. M. 1996 b. Temporary partial breakdown of Mlo-resistance in spring barley by the sudden relief of soil water stress. *Plant Pathology* 45: 970 — 974.
- Nover I. 1972. Untersuchungen mit einer für den Resistenzträger 'Lyallpur 3645' virulenten Rasse von *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Marchal. *Arch Pflanzenschutz* 8: 439 — 445.
- Nover I., Schwarzbach E. 1971. Inheritance studies with a mildew resistant barley mutant. *Barley Genetics Newsl.* 1: 36 — 37.
- Pedersen L. H. 1990. 1,3- β -glucansynthetase activity and callose synthesis in barley *mlo* mutants and mother varieties. (Abstract no. 582.) *Physiol. Plant.* 79: 102.
- Peterhänsel C., Freialdenhoven A., Kurth J., Kolsch R., Schulze-Lefert P. 1997. Interaction analyses of genes required for resistance responses to powdery mildew in barley reveal distinct pathways leading to leaf cell death. *Plant Cell* 9: 1397 — 1409.
- Piffanelli P., Devoto A., Schulze-Lefert P. 1999. Defence signalling pathways in cereals. *Curr. Opin. Plant Biol.* 2: 295 — 300.
- Piffanelli P., Zhou F., Casais C., Orme J., Jarosch B., Schaffrath U., Collins N.C., Panstruga R., Schulze-Lefert P. 2002. The barley MLO modulator of defense and cell death is responsive to biotic and abiotic stress stimuli. *Plant Physiol.* 129 (3): 1076 — 1085.
- Rasmusson, D. C. 1985. *Barley*. American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, Soil Science Society of America, Publishers. Madison, Wisconsin.
- Röbblen G., Heun M. 1991. Genetic analysis of partial resistance against powdery mildew in induced mutants of barley. In: *Plant Mutation Breeding for Crop Improvement, Volume 1*, IAEA, Vienna, Austria: 93 — 111.
- Röpenack E. von, Parr A., Schulze-Lefert P. 1998. Structural analyses and dynamics of soluble and cell wall bound phenolics in a broad spectrum resistance to the powdery mildew fungus in barley. *J. Biol. Chemistry* 273: 9013 — 9022.
- Russo V. M., Bushnell W. R. 1989. Responses of barley cells to puncture by microneedles and to attempted penetration by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Can. J. Bot.* 67: 2912 — 2921.
- Saghai Maroof M. A., Zhang Q., Biyashev R. M. 1994. Molecular marker analyses of powdery mildew resistance in barley. *Theor. Appl. Genet.* 88: 733 — 740.
- Sherwood R. T., Vance C. P. 1982. Initial events in the epidermal layer during penetration. In: *Plant Infection: The Physiological and Biochemical Basis*. Asada Y., Bushnell W. R., Ouchi S., Vance C. P. (ed.), Japan Scientific Societies Press. Tokyo: 27 — 44.
- Schally H., Zedebrauer R., Zwatz B. 1995. Virulenzanalyse am Beispiel Sommergerste-Mehltau in Österreich unter Nutzung der Kollektionssysteme Sporenfall und Pflanzendeposition. *Pflanzenschutzberichte* 55: 52 — 68.
- Schulze-Lefert P., Vogel J. 2000. Closing the ranks to attack by powdery mildew. *Trends in Plant science* 5 (8): 343 — 348.
- Schulze-Lefert P., Shirasu K., Lahaye T., Piffanelli P., Devoto A., Orme J. 1999 a. Pathways leading to resistance and death: interactions of powdery mildew and barley. In: *7th International Congress of Plant Pathol.*, N° 6.58.
- Schulze-Lefert P., Shirasu K., Sandanarom A., Devoto A., Piffanelli P., Elliott C., Orme J., Haizel T., Zhou F., Hartmann A. 1999 b. Genetic and molecular components controlling disease resistance to powdery mildew in barley. W: *First International Powdery Mildew Conference*, 29.08.-2. 09. Avignon, France: 69.
- Schulze-Lefert P., Freialdenhoven A., Scherag, B., Görg, R. 1994. Dissection of resistance pathways in barley to powdery mildew attack. W: *Advances in Molecular Genetics of Plant-Microbe Interactions* 3, Daniels M. J. (ed.), Kluwer Academic Publishers: 309 — 312.
- Schwarzbach E. 1967. Recessive total resistance of barley against mildew (*Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *hordei* Marchal) as a mutation induced by ethylmethansulphonate. *Genet. a. Šlecht.* 3: 157 — 161.
- Schwarzbach E. 1976. The pleiotropic effects of the *mlo* gene and their implications in breeding. W: *Barley Genetics III*, Karl Thieming, München: 440 — 445.

- Schwarzbach E. 1979. Response to selection for virulence against the *ml-o* based mildew resistance in barley, not fitting the gene-for-gene hypothesis. *Barley Genet. Newslet.* 9: 85 — 88.
- Schwarzbach E. 1987. Shifts to increased pathogenicity on *ml-o* varieties. In: *Integrated Control of Cereal Mildews: Monitoring the Pathogen*, Wolfe M. S., Limpert E. (ed.). Kluwer Acad. Press., Dordrecht, The Netherlands: 5 — 7.
- Schwarzbach E. 1997 a. Epidemiologic aspects of the *mlo* gene for resistance of barley to powdery mildew. *Genet. a Šlecht.* 33: 55 — 59.
- Schwarzbach E. 1997 b. Recent history of the *ml-o* gene. In: *Protection of Cereals Crops Against Harmful Organisms*. Tvaruzek L. (ed.) 1-4.07. Kromeriz, Czech Republik: 98.
- Schwarzbach E. 1998. The *mlo* based resistance of barley to mildew and the response of mildew populations to the use of varieties with the *mlo* gene. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 34: 3 — 10.
- Simons G., van der Lee T., Diergaarde P., van Daelen R., Groenendijk J., Frijters A., Buschges R., Hollricher K., Topsch S., Schulze-Lefert P., Salamini F., Zabeau M., Vos P. 1997. AFLP-based fine mapping of the *Mlo* gene to a 30-kb DNA segment of the barley genome. *Genomics* 44 (1): 61 — 70.
- Skou J. P. 1982. Callose formation responsible for the powdery mildew resistance in barley with genes in the *ml-o* locus. *Phytopathol. Zeit.* 104: 90 — 95.
- Skou J. P. 1985. On the enhanced callose deposition in barley with *ml-o* powdery mildew resistance genes. *Phytopath. Zeit.* 112: 207 — 216.
- Skou J. P., Jørgensen J. H., Lilholt U. 1984. Comparative studies on callose formation in powdery mildew compatible and incompatible barley. *Phytopath. Zeit.* 109: 147 — 168.
- Słaboński A. 1985. Jęczmień jary i ozimy. PWRiL, Warszawa: 1 — 91.
- Słaboński A. 1994. Jęczmień jary — problemy produkcji i wykorzystania. *Biul. IHAR* 154: 19 — 27.
- Stein M., Somerville S. C. 2002. *Mlo*, a novel modulator of plant defenses and cell death, binds calmodulin. *Trends in Plant Science* 7 (9): 379 — 380.
- Stolzenburg M.C., Aist J. R., Israel H. W. 1984. The role of papillae in resistance to powdery mildew conditioned by the *ml-o* gene in barley. I. Corrective evidence. *Physiol. Plant Pathol.* 25: 337 — 346.
- Sudupak M., Bennetzen J. L., Hubert S. H. 1993. Unequal exchange and meiotic instability of disease-resistance genes in the *Rp1* region of Maize. *Genetics* 133: 119 — 125.
- Vos P., Hogers R., Bleekers M., Reijans M., van der Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M. 1995. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23: 4407 — 4414.
- Thomas W.T.B., Baird E., Fuller J. D., Lawrence P., Young G.R., Russell J., Ramsay L., Waugh R., Powell W. 1998. Identification of a QTL decreasing yield in barley linked to *Mlo* powdery mildew resistance. *Mol. Breed.* 4 (5): 381 — 393.
- Walter U., Zimmermann H. 1993. Blattflecken, die den Ertrag nicht schmälern. Sortenspezifische Erscheinungsbilder und Auswirkungen der durch *mlo*-Gen bedingten Blattflecken bei Braugersten. *Neue Landwirtschaft* 1: 34 — 35.
- Wiberg A. 1973. Mutants of barley with induced resistance to powdery mildew. *Hereditas* 75: 83 — 100.
- Wiberg A. 1974. Genetical studies of spontaneous sources of resistance to powdery mildew in barley. *Hereditas* 77: 89 — 148.
- Wolfe M. S. 1972. The genetics of barley mildew. *Rev. Pl. Path.* 51 (8): 507 — 522.
- Wolter M., Hollricher K., Salamini F., Schulze-Lefert P. 1993. The *mlo* resistance alleles to powdery mildew infection in barley trigger a developmentally controlled defence mimic phenotype. *Mol. Gen. Genet.* 239: 122 — 128.
- Yamaguchi I., Yamashita A. 1979. Induced mutation of two-rowed barley resistant to powdery mildew, *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. I. Comparison of effects of gamma-rays and ethylene imine induction of resistant mutation. *Jpn. J. Breed.* 29: 217 — 227.
- Yokoyama K., Aist J. R., Bayles C. J. 1991. A papilla-regulating extract that induces resistance to barley powdery mildew. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 39: 71.
- Zabeau M., Vos P. 1993. European patent application. Publication No. EP 0534858.
- Zeyen R. J. 1999. Papillae and localized inorganic chemical elements in defense. In: *First International Powdery Mildew Conference*, 29.08.-2.09. Avignon, France: 66.

- Zeyen R. J., Ahlstrand G. G., Carver T. L. W. 1993. X-ray microanalysis of frozen-hydrated, freeze-dried, and critical point dried leaf specimens — Determination of soluble and insoluble chemical elements at *Erysiphe graminis* epidermal cell papilla sites in barley isolines containing *mlo* and *mlo* alleles. *Can. J. Bot.* 71: 284 — 296.
- Zeyen R. J., Bushnell W. R., Carver T. L. W., Robbins M. P., Clark T. A., Boyles D. A., Vance C. P. 1995. Inhibiting phenylalanine ammonia lyase and cinnamylalcohol dehydrogenase suppress *Mla1* (HR) but not *mlo5* (non-HR) barley powdery mildew resistances. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 47: 119 — 140.
- Zeyen R. J., Carver T. L., Lyngkjær M. F. 2001. The formation and role of papillae In: The powdery mildews: a comprehensive treatise. Belanger R. R., Dik A. J., Bushnell W. R. (ed.), APS Press, St. Paul, Minnesota, US, in. press.
- Zwatz B. 1987. Analyse der Resistenzfaktoren und Virulenzfaktoren im Wirt-Parasit-System Sommergarste-Sorten und Mehltau (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei*) in Österreich. *Die Bodenkultur* 38: 341 — 349.

JERZY H. CZEMBOR¹**ELŻBIETA CZEMBOR**²¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin² Samodzielna Pracownia Traw i Roślin Motylkowatych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Część II. Źródła odporności i ich wykorzystanie w hodowli jęczmienia

Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part II. Sources of resistance and their use in barley breeding

W latach 1990–2000 odporność Mło jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) stała się powszechnie używana w europejskich programach hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka. Dowiedziono, że odporność ta jest wysoce efektywna w ochronie jęczmienia przed porażeniem przez grzyba *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. W pracy podano najnowsze informacje na temat źródeł odporności Mło. W pracy opisano również wykorzystanie odporności Mło w hodowli nowych odmian jęczmienia.

Słowa kluczowe: hodowla, jęczmień, mączniak prawdziwy, odporność Mło, źródła odporności

Since the years 1990–2000 Mlo resistance of barley (*Hordeum vulgare* L.) has become commonly used in European barley breeding programmes for resistance to powdery mildew. This type of resistance has been proved to be very effective in protection of barley from against, fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. This paper presents the updated information about sources of the Mlo resistance. The work also describes the use of Mlo resistance in breeding of new barley cultivars.

Key words: barley, breeding, Mlo resistance, powdery mildew, sources of resistance

WSTĘP

Mączniak prawdziwy jest jedną z głównych chorób jęczmienia w Polsce i na świecie. Choroba ta jest powodowana przez grzyba *Blumeria graminis* (DC.) Golovin ex Speer f. sp. *hordei* (synonim *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Em Marchal) (Czembor, 1996). Do głównych strategii zwalczania tego patogena zalicza się stosowanie fungicydów oraz uprawę odmian odpornych (Gacek, 1998). Stosowanie fungicydów wiąże się z dodatkowymi kosztami poniesionymi na środki chemiczne, paliwo oraz sprzęt specjalistyczny.

Względy ekologiczne oraz występowanie ras fizjologicznych patogena odpornych na powszechnie stosowane fungicydy dodatkowo istotnie ogranicza skalę stosowania metody chemicznej zwalczania mączniaka. Dlatego wzrasta znaczenie hodowli odpornościowej jęczmienia (Czembor i Czembor, 1998, 1999). Głównymi celami współczesnej hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka jest wysoka plenność, efektywność odporności odmian oraz jej trwałość w praktyce produkcyjnej (Czembor i Czembor, 2001).

We współczesnym rolnictwie można zauważyć tendencje do zawężania bazy genetycznej uprawianych odmian jęczmienia, a tym samym do zwiększenia zagrożenia występowania epifitoz mączniaka. W ostatnich latach dużego znaczenia nabrała odporność Mlo (Czembor i Czembor, 2003 a, 2003 b). Około 20% odmian jęczmienia jarego uprawianych w Europie Zachodniej i Środkowej posiada odporność Mlo, a ten udział wciąż wzrasta (Atzema, 1998; Czembor i Czembor, 2001; Czembor i Czembor, 2002 b). Odporność ta charakteryzuje się wysoką efektywnością w stosunku do zakażenia grzybem *B. graminis* f. sp. *hordei*. W pracy przedstawiono źródła odporności Mlo i ich wykorzystania w hodowli jęczmienia odpornego na mączniaka.

ŹRÓDŁA ODPORNOŚCI MLO

Mutanty

Pierwszym mutantem, w którym wykazano obecność odporności Mlo był Mutant 66 (M66) (tab. 1).

Tabela 1

Pochodzenie alleli *mlo* opisanych w latach 1942–1975
Origin of *mlo* alleles described in the years 1942–1975

Odmiana źródłowa Mother variety	Mutant Mutant	Kraj Country	Rok Year	Mutagen Treatment	Allel Allele	Literatura References
Haisa	M66	Niemcy	1942	promieniowanie X X-rays	<i>mlo1</i>	Freisleben i Lein, 1942
Volkorn	H3502	Austria	1953	promieniowanie X X-rays	<i>mlo2</i>	Hänsel, 1971
Malteria Heda	MC20	Argentyna	1960	promieniowanie γ γ-rays	<i>mlo3</i>	Favret, 1960
Foma	SR1	Szwecja	1961	promieniowanie X X-rays	<i>mlo4</i>	Wiberg, 1973
Carlsberg II	R5678	Dania	1963	EMS	<i>mlo5</i>	Jørgensen, 1975
Carlsberg II	R6018	Dania	1963	EMS	<i>mlo6</i>	Jørgensen, 1975
Carlsberg II	R7085	Dania	1963	EMS	<i>mlo7</i>	Jørgensen, 1975
Carlsberg II	R7372	Dania	1963	EMS	<i>mlo8</i>	Jørgensen, 1975
Diamant	SZ5139b	Czechosłowacja	1965	EMS	<i>mlo9</i>	Schwarzbach, 1967
Foma	SR7	Szwecja	1966	promieniowanie γ γ-rays	<i>mlo10</i>	Wiberg, 1973
Grannenlose Zweizeilige	—	Etiopia (Niemcy, Dania)	1959 (1971)	—	<i>mlo11</i>	Hoffmann i Nover, 1959; Jørgensen, 1971

Tego mutantu otrzymano w wyniku działania promieni X na materiał roślinny niemieckiej odmiany Haisa i opisano go w 1942 roku (Freisleben i Lein, 1942). Do chwili obecnej otrzymano ponad 160 mutantów z genami *mlo* (Atzema, 1998). W latach 1942–

1975 opisano 11 alleli genu *mlo*. Kolejnych pięć mutantów z genami *mlo* (od *mlo12* do *mlo17*) zostało opisanych przez Hentrich (1979) (tab. 2). Yamaguchi i Yamashita (1979) opisali cztery mutanty z genami od *mlo18* do *mlo21* oraz Röbbelen i Heun (1991) cztery mutanty z genami od *mlo22* do *mlo25*. Lundqvist (1991) opisała 26 mutantów z genem *mlo*, jednakże mutanty te nie otrzymały oznaczeń, ponieważ nie przeprowadzono odpowiednich badań genetycznych (Jørgensen, 1994). Najbardziej rozpowszechniona odmiana z genem *mlo9*, Alexis, pochodzi z mutacji odmiany Diamant (mutant SZ51339b) wywołanej zastosowaniem EMS (Schwarzbach, 1967).

Tabela 2

Mutant y z allelami *mlo12* — *mlo26* opisane w latach 1977–1991
Mutants with alleles *mlo12* — *mlo26* described in the years 1977–1991

Allele	Mutant	Linia lub odmiana wyjściowa Mother cultivar	Literatura References
<i>mlo12</i>	Mutant no 4122	Elgina	Hentrich, 1977
<i>mlo13</i>	Mutant no 2018	Plena	Hentrich, 1977
<i>mlo14</i>	Mutant no 2029	Plena	Hentrich, 1977
<i>mlo15</i>	Mutant no 4123	Elgina	Hentrich, 1977
<i>mlo16</i>	Mutant no 2267	Alsa	Hentrich, 1977
<i>mlo17</i>	Mutant no 2034	Plena	Hentrich, 1977
<i>mlo18</i>	Mutant Ml-3A	Azuma Golden	Yamaguchi i Yamashita, 1979
<i>mlo19</i>	Mutant Ml-4F	Fuji Nijou	Yamaguchi i Yamashita, 1979
<i>mlo20</i>	Mutant Ml-9F	Fuji Nijou	Yamaguchi i Yamashita, 1979
<i>mlo21</i>	Mutant Ml-13F	Fuji Nijou	Yamaguchi i Yamashita, 1979
<i>mlo22</i>	Mutant B1012	Borni	Röbbelen i Heun, 1991
<i>mlo23</i>	Mutant B1101	Borni	Röbbelen i Heun, 1991
<i>mlo24</i>	Mutant B1865	Borni	Röbbelen i Heun, 1991
<i>mlo25</i>	Mutant N105	Borni	Röbbelen i Heun, 1991
<i>mlo26</i>	Mutant 2118	Plena	Habekuss i Hentrich, 1988

Odmiany miejscowe

Nover i Schwarzbach (1971) oraz Jørgensen (1971) opisali allel *mlo* występujący w etiopskiej linii jęczmienia Grannenlose Zweizeilige E. P. z kolekcji zgromadzonej w Halle — Hohenturm, Niemcy (tab. 3). Allel ten został nazwany przez Jørgensena (1976) *mlo11*. Linia ta pochodziła z materiałów zebranych w czasie niemieckich ekspedycji do Etiopii przeprowadzonych w latach 1937–1938. Niektóre z licznych prób nasion jęczmienia zebranych w czasie tych ekspedycji uległy zniszczeniu w czasie II wojny światowej. Dokładny opis tych obiektów został opublikowany po raz pierwszy przez Giesse i wsp. (1956). Niektóre z tych obiektów zebrane w Bulchi Gofa, Demhi Dollo i Ubamer Baco wykazywały odporność na mączniaka (Hoffman i Nover, 1959; Nover 1968, 1972; Meyer i Lehmann, 1979). Pochodzenie kilku etiopskich linii z odpornością Mlo nie jest w pełni udokumentowane, ponieważ wiele z nich pochodzi z wielokrotnej wymiany pomiędzy różnymi firmami hodowlanymi oraz bankami genów. W wyniku tej wymiany bardzo często te same linie otrzymywały różne oznaczenia, na przykład linia sześciorzędowa, czarnonasienna ma 6 różnych nazw: GGN00527 w Holenderskim Centrum Zasobów Genowych w Wageningen, L100 w Europejskiej Szkółce Odporności Jęczmienia, Abyssinian 1140 lub HOR2556 w Halle-Hohenturm i w Banku Genów

w Gatersleben, BBA1621 w Banku Genów w Braunschweig, CGN1121 w Wageningen (Jørgensen, 1992 a, 1992 b, 1992 c, 1994).

Tabela 3

Odmiany miejscowe jęczmienia z genem *mlo* (Negassa, 1985; Jørgensen, 1992; Czembor, 2000; Czembor, 2001, inf. ustna)
Barley landraces with *mlo* gene (Negassa, 1985; Jørgensen, 1992, Czembor, 2000; Czembor, 2001 pers. comm.)

Odmiana miejscowa Landrace	Kraj Country	Numer HOR No. HOR	Inne oznaczenie Other designation
Abyssinian 6	Etiopia	1677	
Abyssinian 9	Etiopia	42	
Abyssinian1102	Etiopia	2521	HOR3036, L94, BBA1465
Abyssinian 1105	Etiopia	3280	HOR4257
Abyssinian 1126	Etiopia	2574	Hor3075
Abyssinian 1139	Etiopia	2558	L99
Abyssinian1140	Etiopia	2556	L100, BBA1621
Abyssinian 2193	Etiopia	4259	
Abyssinian 2231	Etiopia	3210	
Abyssinian 2232	Etiopia	3540	
Abyssinian 6208	Etiopia	3025	BBA1400
E.P. 79	Etiopia	1504	HOR4408, L92, CI14017
Grannenlose Zweizeilige	Etiopia	2937	HOR3028, BBA1437
Duplialbum	Etiopia		CI11793
4 linie wyselekcjonowane z populacji zebranej we wsi Jinka 4 lines selected from population collected At vilage of Jinka	Etiopia		
Odmiana miejscowa 995	Libia		
Odmiana miejscowa 4124	Turcja		
Odmiana miejscowa 5589	Jemen		
Odmiana miejscowa 5590	Jemen		

W latach 1970–1983 H. J. Czembor oceniał w Zakładzie Doświadczalnym IHAR Bąków w warunkach polowych i szklarniowych ponad 3500 obiektów jęczmienia pod względem ich odporności na mączniaka. Około 10% tych obiektów pochodziło z Etiopii (informacja ustna. Czembor, 2000). W wyniku tych badań wykazano obecność odporności Mlo w 36 obiektach pochodzących z Etiopii (Czembor, 1981 a, 1984; Czembor i in., 1979; Kudła, 1990). Negassa (1985) opisał 4 linie posiadające odporność Mlo. Linie te pochodziły z populacji odmiany miejscowej zebranej w południowej Etiopii we wsi Jinka, prowincja Gemugofa. Linie te stanowiły 24% tej populacji. Populacja ta była jedyną spośród badanych 421, która posiadała odporność Mlo. Jørgensen (1988) przez okres 10 lat oceniał w warunkach polowych odporność na mączniaka około 4100 obiektów jęczmienia. Około 78% tych obiektów pochodziło z Etiopii. W 17 obiektach wykazał obecność odporności Mlo. Wszystkie te obiekty pochodziły z południowo-zachodniej Etiopii. Na podstawie tych wyników Jørgensen wyciągnął wniosek, że geny *mlo* mogą być znalezione z frekwencją od 0,2 do 0,6% w populacjach odmian miejscowych w południowo-zachodniej Etiopii, szczególnie w Bulchi Gofa, Dembi Dollo, Ubamer Baco, Sulto i Jimma.

W latach 1997–1999 H. J. Czembor i J. H. Czembor oceniali odporność na mączniaka w 158 populacjach odmian miejscowych pochodzących z Libii. Badane populacje

pochodziły z International Center for Agricultural Research in the Dry Areas ICARDA, Aleppo, Syria. Na podstawie analizy fenotypowej na zakażenie 23 izolatami oraz obserwacji pod mikroskopem wykazano obecność odporności Mlo w 3 liniach pochodzących z populacji 995. Populacja ta została zebrana w 1982 roku w okręgu Al Azziyah, Trypolitania (Czembor, 2000). Obecność recesywnego genu odporności w tych liniach została stwierdzona na podstawie analizy pokolenia F₂ pochodzącego ze skrzyżowania tych linii z odmianą podatną Pallas (Czembor i Czembor, 2002 a). Kolejne badania prowadzone w IHAR Radzików w latach 1999–2001, podczas których testowano odporność 103 populacji odmian miejscowych pochodzących z Turcji (Bank Genów w Brunszwiku) pozwoliły na wykazanie obecności genów *mlo* w 4 liniach populacji 4124 (Czembor i Fresk, 2003). Obecnie prowadzone są badania nad określeniem sposobu dziedziczenia odporności tych linii na mączniaka. Oprócz charakterystycznej dla genu *mlo* reakcji odpornościowej 0(4) na zakażenie użytymi izolatami mączniaka, linie opisanych dwóch odmian miejscowych wykazywały również reakcję 0. Najprawdopodobniej wynikało to z obecności obok genu *mlo* dodatkowych genów odporności na mączniaka warunkujących odporność w komórkach przysparkowych. Ostatnie badania prowadzone w IHAR Radzików w latach 2001–2002 nad odpornością 36 odmian miejscowych pochodzących z Jemenu (otrzymanych z ICARDA) wykazały obecność genu *mlo* w 2 liniach wyselekcjonowanych z populacji odmian miejscowych 5589 i 5590 (Czembor i Czembor, 2003). Są to jedyne doniesienia o obecności odporności Mlo w odmianach miejscowych jęczmienia pochodzących z innych krajów niż Etiopia.

WYKORZYSTANIE W HODOWLI

Europa

1. Lata 1979–1990

Wykorzystanie odporności Mlo otrzymanej w wyniku mutagenezy w hodowli nowych odmian jęczmienia jest notowane od wielu lat (Hänsel, 1971; Schwarzbach, 1976; Bjørnstad i Aastveit, 1990; Czembor i Gacek, 1991). Jednak efekt pleiotropowy działania genu *mlo*, warunkujący oprócz odporności również nekrotyczną plamistość liści oraz obniżenie plonu ziarna powodował, że hodowcy pomijali odporność Mlo, wykorzystując inne, bardziej efektywne odporności. W latach siedemdziesiątych i na początku lat osiemdziesiątych odporność uwarunkowana przez geny rasowo-specyficzne stała się mniej trwała (Czembor i Gacek, 1987, 1990; Gacek, 1990). Poszukiwanie trwalszej odporności spowodowało wzrost zainteresowania odpornością Mlo. Pomimo tego, że większość dotychczas prowadzonych badań i prac hodowlanych dotyczyła odporności Mlo otrzymanej na drodze mutagenezy, to pierwsze europejskie odmiany z odpornością Mlo pochodziły z trzech linii etiopskich odmian miejscowych: L92, L100 i Grannenlose Zweizeilige. Wszystkie te trzy źródła odporności mają najprawdopodobniej ten sam gen *mlo11* (Jørgensen, 1992, 1994; Schwarzbach, 1998).

Pierwszą europejską odmianą jęczmienia z odpornością Mlo była zarejestrowana w 1979 roku holenderska odmiana Atem (tab. 4). Źródłem odporności Mlo dla tej odmiany była linia L92. Następnie w 1982 zarejestrowano w Holandii odmianę Apel, dla której

donorem odporności była linia L100. Linia Grannenlose Zweizeilige była użyta jako źródło odporności do wyhodowania odmiany Salome zarejestrowanej w Niemieckiej Republice Demokratycznej w 1981. W NRD odmiana ta była uprawiana powszechnie w latach 80. i była użyta jako forma wyjściowa do wyhodowania takich odmian, jak Derkado, Krona i Bitrana. Wszystkie te odmiany, oprócz genu *mlo*, posiadały również inne geny odporności: Atem i Salome gen *Mlat*, a Apex geny *Mlg* i *Ml(CP)* (Jørgensen, 1992 b, 1992 c, Schwarzbach, 1998). Czwarte źródło odporności *Mlo* wyraźnie się różni od poprzednich trzech. Jest to linia Helena pochodząca z mutanta SZ5139b posiadająca gen *mlo9*. Mutant SZ5139b został otrzymany w wyniku działania EMS na materiał roślinny odmiany Diamant (Schwarzbach, 1976). Linia ta była użyta do wyhodowania odmiany browarnej jęczmienia Alexis (Fischbeck, 1992) zarejestrowanej w Niemieckiej Republice Federalnej w 1986.

Tabela 4

Pochodzenie pierwszych odmian jęczmienia posiadających odporność *Mlo* (Jørgensen, 1992; Schwarzbach, 1998)
Origin of the first barley cultivars with *Mlo* resistance (Jørgensen, 1992; Schwarzbach, 1998)

Źródło odporności <i>Mlo</i> Source of <i>Mlo</i> resistance	Allel Allele	Odmiana Cultivar	Kraj Country	Rok rejestracji Registration year	Pochodzenie Origin
L92	<i>mlo11</i>	Atem	NL	1979	[(L92 × Minerwa) × Emir] × Zephyr
		Dandy	UK	1986	Atem × Egmont
		Hart	UK	1988	Atem × Egmont
		Griffin	UK	1988	Atem × Jupiter
		Ace	UK	1989	Atem × Inga
		Totem	UK	1989	Atem × Inga
		Chariot	UK	1991	(Atem × Carnival) × Dera
		Chariot	UK	1991	(Atem × Carnival) × Dera
L100	<i>mlo11</i>	Apex	NL	1982	{[(L100 × Volla) × Julia] × Cebeco 6721} × Aramir
		Lotus	NL	1988	{[(L100 × Volla) × Julia] × Cebeco 6721} × Aramir
		Britannia	UK	1989	Apex × Casino
		Grosso	NL	1988	Apex × Cebeco 6708
		Magda	NL	1990	Apex × Cebeco 6708
Grannenlose Zweizeilige	<i>mlo11</i>	Salome	D	1981	{(Grannen. Zwei. × 8909-45) × [Diamant × (Alsa × Freya)] × (Galina × H.1400 B.3-64)}
		Derkado	D	1987	Salome × Lada
		Marlen	D	1990	Salome × BBG1142/4-79
		Bitrana	D	1990	Salome × Hadm. 1879-78
Diamant Mutant	<i>mlo9</i>	Alexis	D	1986	{[(Diamant Mut. × Helena) × (Baladi × Rika)] × (Proctor × W 409/250)} × Trumpf

W latach osiemdziesiątych XX w. odmiany jęczmienia jarego z genem *mlo* były uprawiane głównie w Niemczech (Wschodnich i Zachodnich), Wielkiej Brytanii, Belgii, Holandii, Danii i Włoszech. Pod koniec lat 80. XX w. odmiany Atem, Apex, Alexis zaczęto powszechnie uprawiać w całej Europie. Odmiana Atem była uprawiana na dużym areale szczególnie w Wielkiej Brytanii, Austrii, Belgii i Holandii. W roku 1986 areal ten wynosił ok. 250 tys. ha. Odmiana Apex była przede wszystkim uprawiana w RFN i Austrii osiągając największy areal uprawy (ok. 120 tys. ha) w roku 1988. Ponadto w Austrii były

uprawiane inne odmiany z genem *mlo* jak Robin (1985) i Grosso (1987) (tab. 5). W 1990 roku odmiana Alexis była uprawiana na około 450 tys. ha i zajmowała w RFN 35% areálu powierzchni jęczmienia jarego oraz 20% w Danii i Włoszech (Jørgensen, 1992 b; 1992 c, Lyngkjær i in., 1996; Schwarzbach, 1998). Odmiany posiadające odporność *Mlo* uprawiane w Europie zajmowały w 1982 — 4,7%, 1984 — 11,4%, 1988 — 20,8% i w 1990 — 30,2% (ponad 700 tys. ha) areálu uprawy jęczmienia jarego (Jørgensen, 1992). W Wielkiej Brytanii procentowy udział odmian z genem *mlo* przekroczył 20% już w 1983 roku (tab. 6). Uprawiana była wówczas głównie odmiana Atem (20,3%). W latach 1980–1990 odmiana ta miała największy udział procentowy w zasiewach odmian jęczmienia z genem *mlo* osiągając największy udział (27,9%) w roku 1985.

Tabela 5

Odmiany jęczmienia jarego zarejestrowane w Austrii w latach 1980–1999 (Besenhofer, 2000, inf. ustna)
Spring barley cultivars registered in Austria in the years 1980–1999 (Besenhofer, 2000, pers. comm.)

Odmiana Cultivar	Rok rejestracji Registration year	Rok wykreślenia z rejestru Year of withdrawing from register	Pochodzenie Origin
Atem	1980	1994	[(L92 × Minerva) × Emir] × Zephyr
Apex	1984	1998	{[(L100 × Volla) × Julia] × Cebeco 6721} × Aramir
Robin	1985	1994	Trumpf × Maris Mink
Grosso	1987	1996	Apex × Cebeco 6708
Extra	1990		Europa × Atem
Roland	1990	1992	[(Baladi × Rikal) × Tellus] × [(Monte Cristo × Tellus) × Lud]
Magda	1991		Cebeco 6708 × Apex
Pannonia	1991	1996	(Rupal × Aramir) × Atem
Otis	1991	1999	(St. 08020 × Europa) × Atem
Bonaire	1992	1997	[(Cebeco 7757 × Havila) × Cebeco 7756] × Apex
Ditta	1992		Apex × 76-1754-6
Quartz	1992	1997	NRPD 82-999 × Apex
Derkado	1994	1996	Lada × Salome
Marina	1994	1997	St. 11424-79 × Salome
Panorama	1995		H 53 D × CF 79
Barke	1996		Liebelle × Alexis
Video	1998		(Prisma × Magda) × Femina
Danuta	1999		90014DH × (110/86 × Maresi)

2. Lata 1991–2000

W Wielkiej Brytanii w latach 90. XX w. odmianami z genem *mlo* uprawianymi na największym areale były Alexis i Chariot (tab. 6). Odmiana Alexis dominowała w latach 1991–1993, a maksymalny udział tej odmiany był w 1993 roku i wynosił 33,9%. W latach 1994–1999 wiodącą odmianą była odmiana Chariot osiągająca maksymalny udział procentowy w roku 1996 wynoszący 31,4. Maksymalny udział procentowy odmian z genem *mlo* w Wielkiej Brytanii był w 1993 roku i wynosił 88,4. Od tego roku obserwuje się stałą tendencję zmniejszania się udziału odmian z genem *mlo* w tym kraju do 45,6 (1999), przy jednoczesnym wzroście liczby zarejestrowanych odmian z genem *mlo* z 9 w 1993 do 17 w 1999 (tab. 6, 7). W 1999 na 23 odmian rekomendowanych w Wielkiej Brytanii 11 z nich (48%) posiadało gen *mlo* (tab. 7) (Clarkson, 1998; Anonim, 1999 d).

W Niemczech udział procentowy odmian z genem *mlo*, głównie odmiany Alexis i Krona, w zasiewach osiągnął w 1994 roku blisko 60%, a w Nadrenii Palatynacie blisko 100% (tab. 8) (Anonim, 1995; Atzema, 1998). W następnych latach procent ten jednak malał i wynosił w latach 1997–1999 blisko około 30%.

Tabela 6

Odmiany jęczmienia jarego z genem *mlo* oraz ich udział procentowy w zasiewach w Wielkiej Brytanii w latach 1980–1999 (Plater, 2000, inf. ustna)
Spring barley cultivars with *mlo* gene and their percentage share in growing area in the United Kingdom in the years 1980–1999 (Slater, 2000, pers. comm.)

Rok Year	Liczba odmian z genem <i>mlo</i> Number of cultivars with <i>mlo</i> gene	% odmian z genem <i>mlo</i> % of cultivars with <i>mlo</i> gene	Udział procentowy poszczególnych odmian w zasiewach jęczmienia jarego Percentage share in growing area
1980	1	1,4	Atem (1,4)
1981	1	7,4	Atem (7,4)
1982	1	9,1	Atem (9,1)
1983	2	20,6	Apex (0,3), Atem (20,3)
1984	2	24,4	Apex (3,4), Atem (21,0)
1985	2	33,8	Apex (5,9), Atem (27,9)
1986	3	28,6	Apex(1,0), Atem (27,6), Dandy (<0,1)
1987	3	23,6	Apex (0,1), Atem (22,9), Dandy (0,6)
1988	4	15,7	Alexis (0,5), Apex (<0,1), Atem (14,7), Dandy (0,5)
1989	4	15,8	Alexis (1,6), Atem (12,2), Dandy (1,1), Hart (0,9)
1990	5	27,2	Alexis (8,6), Atem (9,9), Casino (0,9), Dandy (1,4), Hart (6,4)
1991	6	27,2	Alexis (22,3), Atem (5,9), Chariot (0,4), Dandy (2,0), Derkado (0,7), Hart (8,6)
1992	8	72,8	Alexis (33,4), Atem (2,5), Chariot (8,9), Dandy (2,2), Derkado(13,9), Hart(11,9), Heron (<0,1), Juno (<0,1)
1993	9	88,4	Alexis (33,9), Atem (1,3), Chariot (21,2), Dandy (1,8), Derkado (18,4), Hart (10,5), Heron (0,3), Juno 91,0), Riviera (<0,1)
1994	10	76,3	Alexis (19,2), Atem (1,2), Chariot (27,2), Dandy (2,3), Derkado (13,1), Hart (11,4), Heron (1,3), Juno (0,2), Riviera (0,4), Tankard (<0,1)
1995	12	62,1	Alexis (11,4), Atem (0,8), Chariot (29,9), Cheifain (0,1), Dandy (2,5), Derkado (4,5), Hart (9,8), Heron (0,4), Juno (0,1), Pitcher (0,1), Riviera (2,3), Tankard (0,2)
1996	10	54,6	Alexis (7,6), Atem (0,5), Chariot (31,4), Dandy (2,3), Derkado (2,1), Draught (0,1), Hart (8,9), Landlord (0,3), Riviera (1,0), Tankard (0,4)
1997	12	49,1	Alexis (3,8), Atem (0,1), Chalice (0,3), Chariot (31,3), Dandy (2,3), Derkado (1,2), Ferment (0,2), Hart (7,3), Landlord (1,0), Livet (0,1), Riviera (1,3), Tankard (0,2)
1998	13	48,9	Alexis (2,3), Atem (0,1), Century (1,0), Chalice (2,5), Chariot (27,5), Dandy (2,9), Decanter (0,7), Derkado (0,4), Ferment (0,1), Hart (6,6), Landlord (1,4), Riviera (3,4), Tankard (<1,0)
1999	17	45,6	Alexis (0,6), Atem (0,1), Berwick (0,2), Century (6,3), Chalice (0,8), Chariot (16,6), Chaser (0,3), Chime (0,2), Dandy (2,8), Decanter (2,8), Derkado (0,2), Hart (6,3), Landlord (0,6), Riviera (6,9), Saloon (0,2), Static (0,7), Tankard (0,1)

W 1999 roku w Niemczech na 35 zarejestrowanych odmian jęczmienia jarego 14 odmian (40%) posiadało gen *mlo*, a w roku 2000 na 40 odmian ten gen posiadało 18 odmian (45%) (tab. 9) (Anonim, 1995, 1996 b, 1997 b, 1998 b, 1999 b, 2000). Odmiana Alexis jest główną odmianą uprawianą w Danii (tab. 10). Została ona zarejestrowana w tym kraju w 1987 roku i jej udział wynosił: 21% (1990 rok), ponad 30% w latach 1991–1993, ok. 20% w latach 1994–1998 i 14,4% w 1999. W Danii, w roku 1990, zarejestrowanych było

10 odmian z genem *mlo* (tab. 11). Odmiany Alexis i Verner były pierwszymi odmianami zarejestrowanymi w Szwecji, w 1991 roku (Jalli, 2000, inf. ustna). W kraju tym odmiana Alexis była najpowszechniej uprawianą odmianą z genem *mlo* w ostatnich latach (9,4% w 1997 roku i 8,0% w 1998 roku) (Löhde, 2000, inf. ustna). W Finlandii pierwszą odmianą z genem *mlo* zarejestrowaną w 2000 roku była odmiana Barke (Jalli, 2000, inf. ustna).

W Austrii w latach 90. XX w. zarejestrowano 14 odmian, jednak udział odmian z genem *mlo* w tym kraju był niewielki i wynosił w ostatnich latach mniej niż 15% (tab. 5). W Republice Czeskiej zarejestrowano w latach 90. cztery odmiany wyhodowane przez czeskich hodowców: Forum (1993), Atribut (1996), Olbram (1996) i Heris (1998) oraz trzy odmiany hodowli niemieckiej: Krona (1996), Nordus (1998) i Madeira (1999).

Tabela 7

Pochodzenie odmian jęczmienia jarego posiadające gen *mlo* zarejestrowanych w Wielkiej Brytanii w roku 1999 (Anonim, 1999)

Origin of spring barley cultivars with *mlo* gene registered in United Kingdom in 1999 (Anonymous, 1999)

Odmiana Cultivar	Pochodzenie Origin	Hodowca Breeder
Alexis	Breun 1622 × Trumpf	Breun
Century	Cooper × (Chariot × Brahms)	Nickerson Seeds, Lincs.
Chalice	(Cooper × NFC 514-5) × Chariot	New Farm Crops, Lincs.
Chaser	(NFC SB94-20 × Cork) × NFC 94-11	New Farm Crops, Lincs.
Chariot	Dera × CSB 626/12	PBI Cambridge
Chime	Heron × 92.25	Nickerson Seeds, Lincs
Dandy	Egmont × Atem	PBI Cambridge
Decanter	Heron × Dallas	Nickerson Seeds, Lincs
Derkado	Lada × Salome	Nordsaat
Hart	Egmont × Atem	PBI Cambridge
Landlord	(Platoon × NFC 86/60) × Chariot	New Farm Crops, Lincs.
Riviera	Stanza × Cebeco 8331	PBI Cambridge
Saloon	Cork × Hind	New Farm Crops, Lincs
Static	Landlord × Cork	New Farm Crops, Lincs.

Pierwszą odmianą zarejestrowaną w 1993 była odmiana Forum. Udział tej odmiany był największy w latach 1996–1998 i wynosił ok. 10%. W roku 1998 odmiany z genem *mlo* miały 39% udział w zasiewach jęczmienia jarego (odmiana Olbram — 15% udział), ale w roku 1999 udział ten spadł do 25% (Dreiseitl, 2000, inf. ustna; Schwarzbach, 2000, inf. ustna). Na Słowacji uprawiane są dwie odmiany wyhodowane w Republice Czeskiej: Forum (od 1993 roku) i Atribut (od 1996 roku). Ich udział procentowy w zasiewach wynosi ok. 10% (Plesnik, 2000, inf. ustna).

Tabela 8

Udział procentowy powierzchni uprawy odmian jęczmienia z genem *mlo* w Niemczech w latach 1994, 1997 i 1998

Percentage share in growing area of barley cultivars with *mlo* gene in Germany in 1994, 1997 and 1998

Odmiana Cultivar	Udział procentowy w powierzchni uprawy Percentage share in growing area		
	1994	1997	1998
Barke	0	4,45	13,10
Alexis	25,22	10,06	8,11
Krona	24,17	7,66	3,73
Apex	8,84	2,19	1,53
Madras	0	2,52	0,92
Ricarda	0	0	0,36
Brenda	0	2,18	0,19
Charlotte	0	0	0,06
Madeira	0	0	0,06
Chariot	0,37	0,86	0,02
Otis	0,76	0,01	0,02
Aspen	0	0	0
Chantal	0	0	0
Viskosa	0	0	0
Derkado	0	0	0

Tabela 9

Odmiany jęczmienia jarego posiadające gen *mlo* zarejestrowane w Niemczech w roku 2000 (Anonim, 1999 b, 2000)

Spring barley cultivars with *mlo* gene registered in Germany (Anonymous, 1999b, 2000)

Odmiana Cultivar	Gen odporności Resistance gene	Rok rejestracji Registration year	Pochodzenie Origin	Hodowca Breeder
Alexis	<i>mlo</i>	1986	Breun 1662 × Trumpf	Saatzucht Breun
Apex	<i>mlo</i> , <i>Mlg</i> , <i>MI(CP)</i>	1983	{Cebeco 6721 × [Julia × (Volla × L100)]} × Aramir	Cebeco
Aspen	<i>mlo</i>	1999	Vintage × Chariot	Nickerson Seeds
Barke	<i>mlo</i>	1996	Libelle × Alexis	Saatzucht Breun
Brenda	<i>mlo</i>	1995	(Nebi × 11827/80) × Gimpel	Semundo
Chantal	<i>mlo</i>	1999	Chariot × Krona	Schweiger H.
Chariot	<i>mlo</i>	1994	Dera × CSB 626/12	PBI Saatzeit
Charlotte	<i>mlo</i>	1998		Saatenvertrieb Nord
Danuta	<i>mlo</i>	2000		
Eunova	<i>mlo</i>	2000		
Krona	<i>mlo</i>	1990	[(Nebi × 11827/80) × 29314/78] × Gimpel	Saatzeit Hadmersleben
Madeira	<i>mlo</i>	1998	Hadm. 12939-82 / Hadm. 63787-83	Saatzeit Hadmersleben
Madras	<i>mlo</i>	1997	R 62761 × 4.2606) × Alexis	Lochow-Petkus
Neruda	<i>mlo</i>	2000		
Otis	<i>mlo</i>	1992		Lochow-Petkus
Ricarda	<i>mlo</i>	1998	Nomad × Chariot	Nickerson Seeds
Saloon	<i>mlo</i>	2000		
Viskosa	<i>mlo</i>	1999	(Salome × Maresi) × 90014DH	Nordsaat

We Francji i na Węgrzech udział odmian jęczmienia jarego z genem *mlo* w zasiewach wynosi ok. 5% (Bousset, 2000, inf. ustna; Caffier, 2000, inf. ustna; Manninger, 2000, inf. ustna). Na Węgrzech w ostatnich latach uprawiano jedynie 3 odmiany z genem *mlo*. Były

to odmiana Szofi hodowli węgierskiej i dwie niemieckie odmiany Krona i Brenda (Manninger, 2000, inf. ustna). W Hiszpanii jęczmień jest uprawiany na 3,5 mln ha, w tym ok. 80% stanowi jęczmień jary i co najmniej 4 odmiany posiadają gen *mlo*. Jednak określenie udziału tych odmian w zasiewach jest bardzo utrudnione, gdyż do zasiewu używa się tylko ok. 7% kwalifikowanego materiału siewnego (Molina-Cano, 2000, inf. ustna).

Tabela 10

Udział procentowy głównych odmian jęczmienia jarego z genem *mlo* zarejestrowanych w Danii w latach 1987–1998 (Lyngkjær i in., 1996; Jaiser, 2000, inf. ustna)
Percentage share in growing area of spring barley cultivars with *mlo* gene registered in Denmark in the years 1987–1998 (Lyngkjær i in., 1996; Jaiser, 2000, pers. comm.)

Odmiana Cultivar	Rok Year											
	1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998
Alexis	< 1	< 1	3	21	36	34	33	22	18	20	20	20
Krona	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	0	0
Bartok	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	9
Barke	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Inne Another	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1
Suma Total	< 1	0	3	21	36	35	33	27	23	25	30	31

Tabela 11

Procentowy udział w zasiewach jęczmienia jarego odmian z genem *mlo* w Danii w 1999 roku (Hovmøller, 2000, inf. ustna; Lyngkjær, 2000, inf. ustna)
Percentage share in growing area of spring barley cultivars with *mlo* gene in Denmark in 1999 (Hovmøller, 2000, pers. comm., Lyngkjær, 2000 pers. comm.)

Odmiana Cultivar	Procentowy udział w zasiewach Percentage share in growing area	Pochodzenie Origin	Hodowca Breeder
Alexis	14,4	Triumph × Breun St1622	Pajbjergfonden
Bartok	4,7	Flute × (Joline × Apex)	Pajbjergfonden
Barke	4,3	Libelle × Alexis	DLF-Trifolium A/S
Otira	2,2	Bartok × Sj930331	Sejet
Ferment	2,1	Chariot × (Cooper × NFC327-10)	Sejet
Paloma	0,5	(Corgi × Alexis) × (Corgi × Alis Abed)	Abed
Wren	0,5	Alexis × Heron	Sejet
Chamant	<0,1	Krona × 'Kode'	Sejet
Charlotte	0	brak danych no data	
Aspen	0	brak danych no data	
Suma Total	28,7		

Oprócz tego odmiany z genem *mlo* są uprawiane we Włoszech, Belgii, Holandii oraz na małym areale w Irlandii, Portugalii i Szwajcarii (Anonim, 2000; Jalli, 2000, inf. ustna; Löhde, 2000, inf. ustna; Vincent 2000, inf. ustna). Brak jest zarejestrowanych odmian

z genem *mlo* w Grecji, na Ukrainie i w Rosji (Bladenopoulos, 2000, inf. ustna; Vronska 2000, inf. ustna).

Polska

Pierwszą zarejestrowaną w Polsce odmianą jęczmienia z genem *mlo* była odmiana Grosso wyhodowana przez firmę holenderską Cebeco Zaden (tab. 12). Odmiana ta została zarejestrowana w roku 1989 i została wykreślona z rejestru w 1994. Było to 10 lat po rejestracji pierwszej europejskiej odmiany (Atem) z genem *mlo*. Firma Cebeco Zaden zarejestrowała w Polsce również inne dwie odmiany z genem *mlo*. W roku 1990 odmianę Lotus (wykreślona z rejestru w 1993) oraz w 1991 roku odmianę Magda (wykreślona z rejestru w 1999) (Anonim, 1989, 1990, 1991). Wszystkie te trzy odmiany posiadały allel *mlo11* pochodzący z linii L100 (Jørgensen, 1992 b, 1992 c). Pierwszymi odmianami jęczmienia jarego z genem *mlo* wyhodowanymi przez polskie firmy hodowlane były odmiany Bies i Rabel zarejestrowane w 1996 roku (Anonim, 1996 a). Odmiana Bies została wyhodowana przez zespół P. Jarosza w SHR Modzurów oraz odmiana Rabel przez zespół H. J. Czembora w IHAR. Odmiany te mają allel *mlo11* pochodzący również z linii L100 (Jørgensen, 1992 b, 1992 c). Firma Semundo Saatzucht zarejestrowała w Polsce odmiany Kronę (1997) i Brendę (1998). Obie te odmiany posiadają allel *mlo11* pochodzący z Grannenlose Zweizeilige.

Tabela 12

Odmiany jęczmienia jarego posiadające gen *mlo* zarejestrowane w Polsce w roku 1999 (Anonim, 1989, 1990, 1991, 1996 a, 1997 a, 1998 a, 1999 a; Czembor, Czembor, 1998)
Spring barley cultivars with *mlo* gene registered in Poland in 1999 (Anonim, 1989, 1990, 1991, 1996 a, 1997 a, 1998 a, 1999 a; Czembor, Czembor, 1998)

Odmiana Cultivar	Rok zarejestrowania Registration year	Rok wykreślenia Year of withdrawing	Pochodzenie Origin	Hodowca Breeder	Allel <i>mlo</i> Allele <i>mlo</i>	Pochodzenie allelu <i>mlo</i> Origin of <i>mlo</i> allele
Grosso	1989	1994	Cebeco 7608 × Apex	Cebeco Zaden B.V. (NL)	<i>mlo11</i>	L100
Lotus	1990	1993	{Cebeco 6721 × [Julia × (Volla × L100)]} × Aramir	Cebeco Zaden B.V. (NL)	<i>mlo11</i>	L100
Magda	1991	1999	Cebeco 6708 × Apex	Cebeco Zaden B.V. (NL)	<i>mlo11</i>	L100
Bies	1996		Grosso × HE 1440	SHR Modzurów	<i>mlo11</i>	L100
Rabel	1996		Bielik × Lotus	IHAR	<i>mlo11</i>	L100
Krona	1997	1999	[(Nebi × 11827/80) × 29314/78] × Gimpel	Semundo Saatzucht (DE)	<i>mlo11</i>	Grannenlose Zweizeilige
Bryl	1998		(Aramir × Bielik) × Magda	IHAR	<i>mlo11</i>	L100
Rasbet	1998		Rudzik × Aleksis	IHAR	<i>mlo9</i>	Diamant Mutant
Refren	1998		Bielik × Magda	IHAR	<i>mlo11</i>	L100
Brenda	1998		(Nebi × 11827/80) × Gimpel	Semundo Saatzucht (DE)	<i>mlo11</i>	Grannenlose Zweizeilige
Forum	2000		[H 378-75 × (Horpatsi Ketscoros × 1712/78)] × 044/78	Hybritech a.s. (CZ)	?	?

Tabela 13

Udział procentowy powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych odmian jęczmienia z odpornością Mlo — dane z Głównego Inspektoratu Inspekcji Nasiennej
Percentage share in growing area of seed plantations of spring barley cultivars with Mlo resistance — data from Polish Seed Inspectorate

Odmiana Cultivar	Rok Year				
	1996	1997	1998	1999	2000
Bies	0,02	0,38	1,20	1,23	2,03
Rabel	0,10	0,33	0,77	1,25	0,97
Magda	0,01	0,01	—	—	—
Krona	0,02	1,37	2,96	—	—
Brenda	—	0,08	2,57	8,37	8,38
Bryl	—	—	0,29	2,48	4,85
Rasbet	—	—	0,04	0,79	1,51
Refren	—	—	0,16	0,97	1,40
Forum	—	—	—	—	0,23
Suma Total	0,15	2,17	7,99	15,09	19,37

W roku 1998 zarejestrowano kolejne trzy odmiany z genem *mlo* wyhodowane przez IHAR. Są to: odmiana Bryl (zespół E. Gacka) oraz odmiany Rasbet i Refren (zespół H. J. Czembora). Odmiany Bryl i Refren posiadały allel *mlo11* pochodzący z linii L100, a odmiana Rasbet posiadał allel *mlo9* pochodzący z mutanta odmiany Diamant (Jørgensen, 1992 b, 1992 c; Anonim, 1997 a, 1998 a, 1999 a; Czembor i Czembor, 1998). W 2000 roku zarejestrowano odmianę Forum. Podsumowując, do wyhodowania odmian jęczmienia z genem *mlo* zarejestrowanych w Polsce wykorzystano 3 z 4 używanych przez europejskich hodowców źródeł odporności Mlo.

Największy udział w 1996 roku miała odmiana Rabel, w 1997 odmiana Krona i w 1998 odmiany Krona i Brenda (tab. 13). W latach 1999 i 2000 zdecydowanie największy udział procentowy powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych odmian z odpornością Mlo miała odmiana Brenda (powyżej 8%). Udział procentowy powierzchni zakwalifikowanych plantacji nasiennych odmian z odpornością Mlo stanowił w 1996 roku 0,15%, w 1997 roku 2,17%, w 1998 roku 7,99%, w 1999 roku 15,09% i w 2000 roku 19,37%.

Świat

Najprawdopodobniej odmiany z genami *mlo* nie są uprawiane poza Europą (Schwarzbach, 2000, inf. ustna; Czembor 2000, inf. ustna). Odporność Mlo nie jest obecna w odmianach uprawianych w USA (Bushnell i Leath 2000, inf. ustna), Japonii (Yamaoka, 2000, inf. ustna), Australii (Barr 2000, inf. ustna), Nowej Zelandii (Cromey 2000, inf. ustna) i krajach Północnej Afryki i Zachodniej Azji (Yahyaui, 2000, inf. ustna). Brak zarejestrowanych odmian z odpornością *mlo* w krajach poza Europą potwierdza znany fakt, że intensywna hodowla jęczmienia odpornego na mączniaka prawdziwego jest prowadzona głównie w krajach środkowej i północnej Europy, a zwłaszcza w Danii, Wielkiej Brytanii, Niemczech, Austrii, Polsce i Czechach. Jest to spowodowane faktem, że na terenie tych krajów jęczmień jest uprawiany na dużym areale, a umiarkowany, morski klimat sprzyja rozwojowi epifitów *B. graminis* f. sp. *hordei*.

PODSUMOWANIE

Z krajów, gdzie odmiany jęczmienia jarego z genem *mlo* są uprawiane na stosunkowo dużym obszarze należy wymienić Danię (ok. 30%) (Jaiser 2000, inf. ustna), Niemcy (ok. 30%) (Flach, 2000, inf. ustna) (Löhde, 2000, inf. ustna), Czechy (ok. 25%) (Dreiseitel, 2000, inf. ustna), Polska (ok. 20%), Szwecja (ok. 26%; 16% odmiana Alexis) Austria (ok. 15%) (Besenhofer, 2000, inf. ustna), Słowacja (ok. 10%) (Plesnik 2000, inf. ustna). Felsenstein i Fischbeck (1993) stwierdzili, że około 30% powierzchni jęczmienia jarego w Europie Zachodniej i Centralnej stanowiły odmiany z odpornością *Mlo*. Według szacunków Atzema (1998) oraz autorów procent ten w ostatnich latach nie uległ większym zmianom.

Tabela 14

Odmiany jęczmienia z genem *mlo* zarejestrowane w latach 1979–2000 (Anonim, 1989, 1990, 1991, 1995, 1996 a, 1996 b, 1997 a, 1997 b, 1998 a, 1998 b, 1999 a, 1999 b, 1999 c, 1999 d, 2000, 2001; Schwarzbach, 2000, inf. ustna)

Barley cultivars with *mlo* gene registered in the years 1979–2000 (Anonim, 1989, 1990, 1991, 1995, 1996 a, 1996 b, 1997 a, 1997 b, 1998 a, 1998 b, 1999 a, 1999 b, 1999 c, 1999 d, 2000, 2001; Schwarzbach, 2000, pers. comm.)

Lp. No.	Odmiana Cultivar	Pierwsza rejestracja First registration		Gen Gene
		Rok Year	Kraj Country	
1	2	3	4	5
1	Atem	1979	NL	<i>mlo11, Ml(La)</i>
2	Salome	1981	D	<i>mlo11, Mla7</i>
3	Apex	1984	NL	<i>mlo11, Mlg</i>
4	Dandy	1984	UK	<i>mlo11,?</i>
5	Hart	1985	UK	<i>mlo11,?</i>
6	Robin	1985	A	<i>mlo?</i>
7	Alexis	1986	D	<i>mlo9</i>
8	Dercado	1987	D	<i>mlo11,?</i>
9	Isis	1987	H	<i>mlo?,?</i>
10	Griffin	1988	UK	<i>mlo11,?</i>
11	Grosso	1988	NL	<i>mlo11,?</i>
12	Lotus	1988	NL	<i>mlo11,?</i>
13	Ace	1989	UK	<i>mlo11</i>
14	Britannia	1989	UK	<i>mlo11,?</i>
15	Totem	1989	UK	<i>mlo11,?</i>
16	Bitrana	1990	D	<i>mlo11,?</i>
17	Casino	1990	UK	<i>mlo?</i>
18	Krona	1990	D	<i>mlo11,?</i>
19	Magda	1990	NL	<i>mlo11, Mla12</i>
20	Marina	1990	D	<i>mlo11,?</i>
21	Marlen	1990	D	<i>mlo11,?</i>
22	Roland	1990	A	<i>mlo?</i>
23	Stanza	1990	F	<i>mlo11,?</i>
24	Adrien	1991	NL	<i>mlo?,?</i>
25	Bartok	1991	UK	<i>mlo11,?</i>
26	Chariot	1991	UK	<i>mlo11,?</i>
27	Extra	1991	A	<i>mlo11?,?</i>
28	Pannonia	1991	A	<i>mlo11?,?</i>

c.d. Tabela 14

1	2	3	4	5
29	Verner	1991	S	<i>mlo?</i>
30	Ditta	1992	D	<i>mlo11,?</i>
31	Forester	1992	UK	<i>mlo?,?</i>
32	Juno	1992	UK	<i>mlo?</i>
33	Otis	1992	D	<i>mlo11,?</i>
34	Reggae	1992	NL	<i>mlo11,?</i>
35	Bonaire	1993	F	<i>mlo11?,?</i>
36	Chalice	1993	UK	<i>mlo11,?</i>
37	Forum	1993	CZ	<i>mlo?</i>
38	Bereta	1994	DK	<i>mlo9,?</i>
39	Heron	1994	UK	<i>mlo?,?</i>
40	Paloma	1994	DK	<i>mlo9,?</i>
41	Sultane	1994	F	<i>mlo9,?</i>
42	Cadeau	1995	DK	<i>mlo9,?</i>
43	Cheiftain	1995	UK	<i>mlo?</i>
44	Gant	1995	DK	<i>mlo9,?</i>
45	Merete	1995	DK	<i>mlo?,?</i>
46	Panorama	1995	A	<i>mlo?,?</i>
47	Pitcher	1995	UK	<i>mlo?</i>
48	Riviera	1995	UK	<i>mlo11?,?</i>
49	Atribut	1996	CZ	<i>mlo?, Mla6</i>
50	Barke	1996	D	<i>mlo9,?</i>
51	Bella	1996	D	<i>mlo11,?</i>
52	Bies	1996	PL	<i>mlo11</i>
53	Draught	1996	UK	<i>mlo11</i>
54	Olbram	1996	CZ	<i>mlo?,?</i>
55	Rabel	1996	PL	<i>mlo11</i>
56	Tankard	1996	UK	<i>mlo11,?</i>
57	Escada	1997	D	<i>mlo9,?</i>
58	Ferment	1997	UK	<i>mlo11,?</i>
59	Landlord	1997	UK	<i>mlo11?,?</i>
60	Madras	1997	D	<i>mlo9</i>
61	Brenda	1998	D	<i>mlo11,?</i>
62	Bryl	1998	PL	<i>mlo11</i>
63	Charlotte	1998	D	<i>mlo?</i>
64	Heris	1998	CZ	<i>mlo6,?</i>
65	Madeira	1998	D	<i>mlo?</i>
66	Otira	1998	DK + UK	<i>mlo11,?</i>
67	Pasadena	1998	D	<i>mlo11,?</i>
68	Prestige	1998	UK	<i>mlo11</i>
69	Rasbet	1998	PL	<i>mlo9</i>
70	Refren	1998	PL	<i>mlo11</i>
71	Ricarda	1998	D	<i>mlo11</i>
72	Alliot	1999	DK	<i>mlo?,?</i>
73	Aspen	1999	D	<i>mlo11</i>
74	Avec	1999	S	<i>mlo?</i>
75	Berwick	1999	UK	<i>mlo?</i>
76	Buddy	1999	S	<i>mlo?</i>
77	Century	1999	UK	<i>mlo11,?</i>
78	Chantal	1999	D	<i>mlo11,?</i>
79	Chaser	1999	UK	<i>mlo?</i>
80	Danuta	1999	A	<i>mlo?,?</i>
81	Decanter	1999	UK	<i>mlo11?,?</i>
82	Static	1999	UK	<i>mlo11?,?</i>
83	Szofi	1999	H	<i>mlo?</i>
84	Viskosa	1999	UK	<i>mlo?</i>

c. d. Tabela 14

1	2	3	4	5
85	Chime	2000	UK	<i>mlo11?</i> ,?
86	Eunova	2000	D	<i>mlo?</i>
87	Hydrogen	2000	DK	<i>mlo?</i> ,?
88	Jersey	2000	NL	<i>mlo?</i> ,?
89	Neruda	2000	UK + D	<i>mlo?</i> ,?
90	Saloon	2000	UK	<i>mlo?</i> ,?
91	Cellar	2001	UK	<i>mlo?</i> ,?
92	Pewter	2001	UK	<i>mlo?</i> ,?
93	Annasofie	?	DK	<i>mlo?</i>
94	Avec	?	S	<i>mlo?</i>
95	Boner	?	NL	<i>mlo?</i> ,?
96	Buddy	?	S	<i>mlo?</i>
97	Ivana	?	?	<i>mlo?</i> ,?
98	Lisbet	?	DK	<i>mlo?</i>
99	Livet	?	UK	<i>mlo?</i> ,?
100	Nordus	?	D	<i>mlo?</i> ,?
101	Quartz	?	UK	<i>mlo11</i>
102	Ragtime	?	DK	<i>mlo?</i>
103	Verner	?	S	<i>mlo?</i>
104	Wren	?	UK	<i>mlo11</i> ,?

Tabela 15

Liczba odmian jęczmienia z genem *mlo* oraz ich udział w zasiewach w wybranych krajach Europy w 1999 roku
Number of barley cultivars with *mlo* gene and their percentage of growing area in some European countries in 1999

Kraj Country	Liczba odmian Number of cultivars	Udział procentowy Percentage share	Źródło informacji Sources of information
Austria	7	< 15	Besenhofer, 2000, inf. ustna
Belgia*	6	63	Löhde, 2000, inf. ustna
Czechy	8	25	Dreiseitl, 2000, inf. ustna
Dania	10	28,7	Jaiser, 2000, inf. ustna
Finlandia	1	< 3	Jalli, 2000, inf. ustna
Francja	4	20	Caffier, 2000, inf. ustna
Grecja	0	0	Bladenopoulos, 2000, inf. ustna
Hiszpania	4	—	Molina-Cano, 2000, inf. ustna
Niemcy **	18	< 30	Flach, 2000, inf. ustna
Polska**	6	15	Czembor, 2000, inf. ustna
Słowacja	2	< 10	Plesnik, 2000, inf. ustna
Szwajcaria	1	—	Vincent, 2000, inf. ustna
Szwecja	7	< 17	Löhde, 2000, inf. ustna, Jalli, 2000, inf. ustna
Ukraina	0	0	Vronska, 2000, inf. ustna
Węgry	3	< 5	Manninger, 2000, inf. ustna
Wielka Brytania	17	45,6	Plater, 2000, inf. ustna

* Dane dla 1998; Data for 1998

** Dane dla 2000; Data for 2000

W Europie są uprawiane wyłącznie odmiany jęczmienia jarego z odpornością *Mlo*. Jest to zgodne ze strategią, według której, w hodowli nowych odmian jęczmienia ozimego nie powinno się używać tych samych źródeł odporności, które występują lub są wprowadzane do jęczmienia jarego. W ten sposób unika się identycznego podłoża genetycznego

odporności na mączniaka u odmian jarych i ozimych oraz ograniczenie sprzyjających warunków dla pojawienia się epifitów tej choroby (Czembor i Gacek, 1987; 1990; Czembor i Czembor, 1999).

Hodowcy uzyskali pełne odmiany jęczmienia z odpornością Mlo istniejącą w postaci mutantów i odmian miejscowych. Przełomem w hodowli było wykorzystanie w hodowli odmian miejscowych, gdyż mutanty wnosili podczas krzyżowań szereg cech wpływających niekorzystnie na plon. W latach 1979–1989 zarejestrowano 15 odmian z genem *mlo*, głównie w Holandii, Wielkiej Brytanii i Niemczech (tab. 14). Do roku 2001 zarejestrowano w Europie około 104 odmian z genem *mlo*, w tym 5 wyhodowanych w polskich firmach hodowlanych. Odmiany te są uprawiane powszechnie w krajach Europy Zachodniej i Centralnej (tab. 15). Duża liczba wysokoplennych odmian stanowi doskonałe źródło odporności Mlo dla programów hodowlanych jęczmienia jarego w Europie i w Polsce. Biorąc to pod uwagę należy spodziewać się, że liczba zarejestrowanych odmian w najbliższych latach będzie rosła. Informacje zawarte w przedstawionym opracowaniu powinny pomóc polskim hodowcom w hodowli odpornościowej jęczmienia na mączniaka z wykorzystaniem odporności Mlo.

LITERATURA

- Anonim 1989. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 83.
- Anonim 1990. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 100.
- Anonim 1991. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 110.
- Anonim 1995. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 227.
- Anonim 1996 a. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 191.
- Anonim 1996b. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 231.
- Anonim 1997 a. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 209.
- Anonim 1997 b. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 242.
- Anonim 1998 a. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 169.
- Anonim 1998 b. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 235.
- Anonim 1999a. Lista Odmian Roślin Rolniczych, Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 180.
- Anonim 1999 b. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 258.
- Anonim 1999 c. European Brewery Convention, Barley and Malt Committee, Results Field Trials Harvest 1998, Zoeterwoude: 1 — 79.
- Anonim 1999 d. UK Recommended Lists of Cereals, Cereals Variety Handbook, NIAB: 1 — 143.
- Anonim 2000. BSA Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte, Bundessortenamt, Hannover, Land — Verlag: 1 — 256.

- Anonim 2001. Lista Opisowa Odmian 2000. Rośliny Zbożowe, Rośliny Okopowe, Groch siewny, Rzepak. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka: 1 — 173.
- Atzema J. L. 1998. Durability of mlo resistance in barley against powdery mildew caused by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*, Praca doktorska, Szwajcarski Instytut Techniczny, Zurich, Szwajcaria: 1 — 93.
- Bjørnstad Å, Aastveit K. 1990. Pleiotropic effects on the *ml* — *o* mildew resistance gene in barley in different genetical backgrounds. *Euphytica* 46: 217 — 226.
- Clarkson J. D. S. 1998. UK cereal pathogen virulence survey. Annual Report, The United Kingdom Cereal Pathogen Virulence Survey Committee, Cambridge, England: 1 — 90.
- Czembor H. J. 1981. Dziedziczenie odporności jęczmienia na mączniak (*Erysiphe graminis* DC. ex Merat f. sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim.* 25 (5/6): 227 — 234.
- Czembor H. J. 1984. Dziedziczenie odporności jęczmienia na mączniak (*Erysiphe graminis* DC. ex Merat f. sp. *hordei* Marchal). *Hod. Rośl. Aklim.* 28 (1): 33 — 44.
- Czembor, J. H. 1996. Presence and expression of resistance genes to powdery mildew of barley in selections from Tunisian barley landraces. Ph. D. thesis, Department of Plant Pathology, Montana State University, Bozeman, USA.
- Czembor J. H. 2000. Sources of resistance to powdery mildew in barley landraces from Libya. *Sveriges Utsadesforenings Tidskrift. Journal of the Swedish Seed Association* 110 (4): 232 — 248.
- Czembor J. H. 2002. Resistance to powdery mildew in selections from barley landraces. *Euphytica* 125(3): 397 — 409.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 1998. Powdery mildew resistance in cultivars of spring barley from Polish Register. *Plant Breeding and Seed Sci.* 42 (2): 87 — 99.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 1999. Powdery mildew resistance in cultivars of winter barley from Polish Register. *Plant Breeding and Seed Sci.* 43 (1): 65 — 75.
- 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 J. H., Czembor H. J. 2002 a. Selections from barley landrace collected in Libya as new sources of effective resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). *Rostlinna Vyroba* 48 (5): 217 — 223.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2002 b. Leaf rust (*Puccinia hordei*) and powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) resistance genes in barley cultivars and breeding lines from Polish register. *EUCARPIA Cereal Section Meeting "From Biodiversity to Genomics: Breeding Strategies for small Grain Cereals in the Third Millenium"*. Salsomaggiore, Italy, 21–25 Nov. (Poster 5.19): 235.
- Czembor J. H., Frese L. 2002. Powdery mildew resistance in selections from barley landraces collected from Turkey. *Die Bodenkultur*.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003 a. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). I. Genetyka, fenotyp, mechanizm i badania molekularne *Biul. IHAR* 230: w druku.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003 b. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). II. Trwałość odporności. *Biul. IHAR* 230: w druku.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 2003. Identification of new sources of resistance in selections from barley landraces collected in Yemen. *Cereal Rusts and Powdery Mildew Bull.* (in press).
- 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. 1990. Wybrane problemy hodowli odpornościowej zbóż na choroby. *Biul. IHAR* 173/174: 53 — 64.
- Czembor H. J., Gacek E. 1991. Development of high-yielding and disease resistant barley cultivars trough combination of mutagenesis with conventional cross-breeding. *Cereal Res. Commun.* 19: 43 — 49.
- Czembor H. J., Gacek E., Kudła M. M. 1979. Źródła odporności na mączniak jęczmienia *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Hod. Rośl. Aklim.* 23 (6): 337 — 355.
- Favret E. A. 1960. Induced mutations for resistance to diseases. *Genetica Agraria* 13: 1 — 26.
- Fischbeck G. 1992. Barley cultivar development in Europe — success in the past and possible changes in the future. In: *Barley genetics VI*. vol. 2, Munck L. (ed.), Munksgård Intern Publ., Copenhagen: 885 — 901.

- Felsenstein F. G., Fischbeck G. 1993. Sommergerste: Mlo-Mehlaueresistenz gefährdet. Pflanzenschutz-Praxis 2: 30 — 31.
- Freisleben R., Lein A. 1942. Über die Auffindung einer mehlauresistenten Murante nach Röntgenbestrahlung einer anfälligen reinen Linie von Sommergerste. Naturwiss., 30: 608.
- 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.
- Giessen J. E., Hoffmann W., Schottenloher R. 1956. Die Garsten Äthiopiens und Erythräas. Z. Pflanzenzüchtg. 35: 377 — 440.
- Habekuss A., Hentrich W. 1988. Charakterisierung funktionell verschiedener ml-o Mutanten durch Primärinfektion Pustelwachstum, Inkubationszeit und Befallsverlauf. Tag.-Ber. Akad., DDR Berlin, 272: 229 — 237.
- Hänsel H. 1971. Experience with a mildew — resistant mutant (mut. 3502) of Volkorn barley induced in 1952. In: Mutation breeding for disease resistance, IAEA — PL — 412/13: 125 — 129.
- Hentrich W. 1977. Mildew — resistant mutants in spring barley. Induced mutations against plant diseases IAEA/FAO Vienna, 1977: 333 — 341.
- Hentrich W. 1979. Multiple Allelie. Pleiotropie und züchterische Nutzung mehlauresistenter Mutanten des mlo-Locus der Gerste, Tag-Ber, Akad. Landwirtsch. — Wiss. DDR, 175: 191.
- Hoffmann W., Nover I. 1959. Ausgangsmaterial für die Züchtung mehlauresistenter Gersten. Z. Pflanzenzüchtg. 42: 68 — 78.
- Jørgensen J. H. 1971. Comparison of induced mutant genes with spontaneous genes in barley conditioning resistance to powdery mildew. In: Mutation Breeding for Disease Resistance, IAEA — PL — 412/12: 117 — 124.
- Jørgensen J. H. 1976. Identification of powdery mildew resistant mutants and their allelic relationship. In: Barley Genetics III, Karl Thieme Verlag, München: 446.
- Jørgensen J. H. 1988. Screening of *Hordeum vulgare* for powdery mildew resistance. Nordisk Jordbrugsforsk 70: 529.
- Jørgensen, J. H. 1992 a. Sources and genetics of resistance to fungal pathogens. In: Barley genetics, biochemistry. Molecular biology and biotechnology. Shewry P. R. (ed.): 441 — 458.
- Jørgensen J. H. 1992 b. Discovery, characterization and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. Euphytica 63: 141 — 152.
- Jørgensen J. H. 1992 c. Discovery, characterization and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. In: Breeding for disease resistance. Johnson, G. J. Jellis (eds.). Kluwer Acad. Publ., Dordrecht.
- Jørgensen J. H. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. Critical Reviews in Plant Sciences 13: 97 — 119.
- Kudła M. 1990. Sposób dziedziczenia odporności na mączniak (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* Marchal) wybranych form jęczmienia. Praca doktorska, ZDHAR Bąków: 1 — 32.
- Lundqvist U. 1991. Swedish mutation research in barley with plant breeding aspects. A historical review. In: Plant mutation breeding for crop improvement, Volume 1, IAEA, Vienna, Austria: 135 — 147.
- Lyngkjær M. F., Jørgensen H. J., Østergård H. 1996. Is Mlo powdery mildew resistance in barley durable? 13th Danish Plant Protection Conference; Pest and Diseases. SP rapport 4: 145 — 155.
- Meyer H., Lehmann C. O. 1979. Resistenzeigenschaften im Gersten — und Weizensortiment Gatersleben. 22. Prüfung von Sommergersten auf ihr Verhalten gegen zwei neue Rassen von Mehltau (*Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *hordei* Marchal). Kulturpflanze 27: 181 — 188.
- Negassa M. 1985. Geographic distribution and genotypic diversity of resistance to powdery mildew of barley in Ethiopia. Hereditas 102: 113 — 121.
- Nover I. 1968. Eine neue, für die Resistenzzüchtung bedeutungsvolle Rasse von *Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *hordei* Marchal. Phytopathol. Z. 62: 199 — 201.
- Nover I. 1972. Untersuchungen mit einer für den Resistenzträger Lyallpur 3645 virulenten Rasse von *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Marchal. Arch Pflanzenschutz 8: 439 — 445.

- Nover I., Schwarzbach E. 1971. Inheritance studies with a mildew resistant barley mutant. *Barley Genetics Newsl.* 1: 36 — 37.
- Röbblen G., Heun M. 1991. Genetic analysis of partial resistance against powdery mildew in induced mutants of barley. In: *Plant mutation breeding for crop improvement*, Volume 1, IAEA, Vienna, Austria: 93 — 111.
- Schwarzbach E. 1967. Recessive total resistance of barley against mildew (*Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *hordei* Marchal) as a mutation induced by ethylmethansulphonate. *Genet. a Šlecht.* 3: 157 — 161.
- Schwarzbach E. 1976. The pleiotropic effects of the *mlo* gene and their implications in breeding. In: *Barley genetics III*, Karl Thieming, München: 440 — 445.
- Schwarzbach E. 1998. The *mlo* based resistance of barley to mildew and the response of mildew populations to the use of varieties with the *mlo* gene. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 34: 3 — 10.
- Wiberg A. 1973. Mutants of barley with induced resistance to powdery mildew. *Hereditas* 75: 83 — 100.
- Yamaguchi I, Yamashita A. 1979. Induced mutation of two-rowed barley resistant to powdery mildew, *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. I. Comparison of effects of gamma-rays and ethylene amine induction of resistant mutation. *Jpn. J. Breed.* 29: 217 — 227.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy pragną podziękować za niepublikowane informacje następującym osobom: A. Barr (Adelaide University, Waite Campus, Australia), G. Besenhofer (Federal Off. and Res. Center, Wiedeń, Austria), K. Bladenopoulos (Cereal Institute — NAGREF, Thermi — Thessaloniki, Grecja), L. Bousset (INRA, Thiverval Grignon, Francja), B. Bushnell (USDA, Cereal Rust Lab., St. Paul, Minesota, USA), V. Caffier (INRA, Beaucouze, Francja), M. Cromeý (Crop and Food Research, Christchurch, Nowa Zelandia), A. Dreiseitl (Agricultural Research Institute, Kromeriz, Czechy), K. Flath (Fed. Biol. Res. Centre for Agric. and Forestry, Kleinmachnov, Niemcy), S. German (INIA La Estanzuela, Colonia, Urugwaj), M. S. Hovmøller (Danish Institute of Agricultural Sciences — DIAS, Research Centre Flakkebjerg, Dania), H. Jaiser (Plant Breeders Seed Traiding, Planteforeadling, Dania), M. Jalli (Agricultural Resarch Centre, Jokioinen, Finlandia), S. Leath (North Carolina State Univ., Raleigh, USA), J. Löhde (Svalof Weibull AB, Szwecja), M. Lyngkjær (Riso National Lab., Roskilde, Dania), K. Manninger (Plant Protection Institute, Budapeszt, Węgry), J. L. Molina-Cano (IRTA, Lleida, Hiszpania), S. Plesnik (Comenius University, Bratysława, Słowacja), E. Schwarzbach (Miroslav, Czechy), S. Slater (National Institute of Agricultural Botany — NIAB, Cambridge, Wielka Brytania), M. Vincent (Swiss Federal Research Station for Plant Production of Changins — RAC, Nyon, Szwajcaria), O. T. Vronska (Institute of Agriculture Obroshino, Ukraina), A. Yahyaui (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas — ICARDA, Aleppo, Syria).

JERZY H. CZEMBOR ¹ELŻBIETA CZEMBOR ²¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin² Samodzielna Pracownia Traw i Roślin Motylkowatych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Część III. Trwałość odporności

Mlo resistance of barley to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) Part III. Durability of resistance

Mączniak prawdziwy (powodowany przez *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) jest jedną z najważniejszych chorób jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.). Uprawa odpornych odmian jest skuteczną metodą ochrony jęczmienia przed tą chorobą. Dotychczas nie znaleziono izolatów *B. graminis* f. sp. *hordei* wirulentnych w stosunku do genu *mlo*. Odporność Mło uważana jest za trwałą, ponieważ jest efektywna przez długi okres czasu. W pracy przedstawiono główne zagadnienia związane z trwałością odporności Mło.

Słowa kluczowe: jęczmień, mączniak prawdziwy, odporność Mło, trwałość odporności

Powdery mildew (caused by *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) is one of the most important diseases affecting the barley. The growing of resistant cultivars is the effective method to control of this disease. Until now no virulent isolates of *B. graminis* f. sp. *hordei* to *mlo* gene have been found. The Mlo resistance is considered to be durable because it has remained effective for a long time while being used widely. In this paper were discuss the main aspects of durability of the Mlo resistance.

Key words: barley, Mlo resistance, powdery mildew, durability of resistance

WSTĘP

Odporność na choroby, w tym na mączniaka prawdziwego zbóż (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*), jest jednym z głównych czynników warunkujących wysokie plony nasion jęczmienia. Stosowanie fungicydów oraz zabiegi agrotechniczne to jedne ze sposobów zwalczania chorób roślin (Gacek, 1990, 1992, 1998). Jednak skuteczność zabiegów agrotechnicznych w zwalczaniu patogenów liściowych jęczmienia jest niewielka, a stosowanie fungicydów jest kosztowne (koszt fungicydu, paliwa, robocizny, opryskiwaczy) oraz prowadzi do wzrostu poziomu odporności patogenów na fungicydy

(Gacek, 1992). Stosowanie fungicydów ulega również ograniczeniom ze względów ekologicznych (Czembor i Czembor, 2001). Uprawa odmian odpornych znacznie obniża nasilenie chorób, w tym mączniaka prawdziwego zbóż, oraz powoduje zwiększenie plonów średnio o 4–10% oraz poprawia stabilność plonowania (Gacek i Czembor, 1983; Gacek, 1992).

Populacja grzyba *B. graminis* f. sp. *hordei* charakteryzuje się dużą dynamiką zmian genetycznych pod względem ilościowym i jakościowym (Czembor, 1981; Czembor i Kudła, 1984; Lyngkjær i in., 2000). Związane jest to z silną presją selekcyjną ze strony genetycznie jednorodnych odmian żywiciela na chorobotwórczość patogena (Czembor i Gacek, 1987, 1990; Czembor, 2002). Głównymi źródłami zmienności u mączniaka są mutacje oraz rozmnażanie płciowe. W Europie Środkowej mutacje wydają się być głównym czynnikiem przyczyniającym się do powstawania nowych genów wirulencji i ich kombinacji w populacji *B. graminis* f. sp. *hordei*. Współczynnik mutacji spontanicznych w jednym locus od awirulencji do wirulencji waha się od 10^{-9} do 10^{-6} na jedną generację patogena (Marshall, 1977; Torp i Jensen, 1985).

Grzyb *B. graminis* f. sp. *hordei* jest patogenem którego zarodniki konidialne są przenoszone z wiatrem. W warunkach Polski większość wiatrów jest z kierunku zachodniego, co w powiązaniu z faktem, że wegetacja w Europie Zachodniej zaczyna się wcześniej niż w Polsce powoduje powszechne występowanie tego grzyba wiosną na plantacjach jęczmienia w naszym kraju (Czembor i Kudła, 1984; Limpert i in., 1999; 2000). Zarodniki konidialne tego grzyba znaleziono na wysokości kilku tys. m nad ziemią i udowodniono ich przemieszczanie się na odległość do 500 km (Jenkyn i Bainbridge, 1978). Na porażonej grzybem *B. graminis* f. sp. *hordei* roślinie jęczmienia można zaobserwować setki kolonii grzyba. Od zetknięcia się zarodnika konidialnego z rośliną do powstania kolonii grzyba wytwarzającej zarodniki konidialne w optymalnych warunkach potrzeba 8–10 dni. W warunkach niesprzyjających rozwojowi grzyba proces ten trwa nawet 25 dni. Jedna kolonia grzyba wytwarza w warunkach optymalnych ok. 300 tys. zarodników konidialnych (Jørgensen, 1988). Biorąc to pod uwagę patogen może się szybko namnażać aseksualnie wytwarzając ok. 20 cykli rozwojowych w ciągu sezonu wegetacyjnego w warunkach Europy Środkowej (Limpert, 1985).

Johnson (1984) zdefiniował trwałą odporność gospodarza na patogena jako typ odporności, który jest efektywny w powszechnie uprawianych odmianach przez długi okres czasu. Według tej definicji odporność Mlo jęczmienia na mączniaka jest odpornością trwałą. Znane są przypadki załamania się odporności warunkowanej pojedynczymi genami, która była efektywna przez kilkadziesiąt lat, czyli uznawana za trwałą. Przykładem jest gen *Mlg*, który warunkował efektywną odporność jęczmienia na europejską populację mączniaka przez ponad 50 lat oraz gen *Rpg1*, który warunkował wysoce efektywną odporność pszenicy na rdzę żdźbłową w USA przez ponad 40 lat (Wolfe i Schwarzbach, 1978 a, 1978 b; Steffenson, 1992).

W ciągu ostatnich 20 lat areal uprawy odmian jęczmienia z genem *mlo* warunkującym odporność na mączniaka prawdziwego *B. graminis* f. sp. *hordei* istotnie wzrastał (Schwarzbach, 1997 b, 1998; Czembor i Czembor, 2003 b). Odporność ta jest nadal w pełni efektywna gdyż nie znaleziono izolatu patogena z wirulencją w stosunku do genu *mlo*.

W ostatnich latach pojawiały się alarmujące doniesienia z różnych krajów Europy np. Austrii, Niemiec, Wielkiej Brytanii, na temat występowania dużego nasilenia mączniaka na odmianach z genem *mlo* (Jørgensen, 1992; Atzema, 1998). Jednak były to fałszywe alarmy wynikające z faktu, że rolnicy myśleli, że uprawiają odmianę z genem *mlo*, a w rzeczywistości była to odmiana bez genu *mlo*, lub z faktu, że rolnicy wysiali odmianę z genem *mlo* z dużą domieszką odmiany bez genu *mlo* (Jørgensen, 1992; Newton i Young, 1996; Atzema, 1998). Atzema (1998) badała izolaty *B. graminis* f. sp. *hordei* pobrane z pól, na których były uprawiane odmiany z genem *mlo*, gdzie zaobserwowano podwyższony poziom występowania mączniaka, jednak jej szczegółowe badania laboratoryjne nie wykazały ich podwyższonej wirulencji w stosunku do genu *mlo*. Zwiększone nasilenie mączniaka na tych polach można tłumaczyć wysokim nawożeniem azotowym lub stresem suszy.

Dlatego, biorąc pod uwagę „niezwykłą” trwałość odporności uwarunkowanej przez gen *mlo* oraz spekulacje wśród rolników, genetyków, hodowców i fitopatologów nad możliwością jej „załamania” celem przedstawionej pracy jest opisanie niektórych aspektów trwałości odporności Mlo.

TRWAŁOŚĆ ODPORNOŚCI MLO NA TLE EUROPEJSKICH BADAŃ PATOGENICZNOŚCI POPULACJI *B. GRAMINIS* F. SP. *HORDEI*

Mimo szerokiego użycia w Europie odmian z genem *mlo* odporność Mlo pozostała wysoce efektywna (Lyngkjær i in., 2000; Schwarzbach i in., 2002; Czembor i Czembor, 2003 b). Wiele danych otrzymanych w wyniku monitorowania zmian wirulencji w populacji mączniaka w 12 krajach Europy (Austria, Czechy, Dania, Finlandia, Francja, Łotwa, Niemcy, Polska, Słowacja, Ukraina, Węgry, Wielka Brytania) w ciągu ostatnich lat wskazuje na brak izolatów wirulentnych w stosunku do genu *mlo* (Atzema, 1998; Lyngkjær i in., 2000; Schwarzbach i in., 2002). Jedynie w 1998 roku dane monitorowania populacji mączniaka w Wielkiej Brytanii wykazały zauważalny wzrost liczby kolonii grzyba na odmianie Riviera a wyniki eksperymentów przeprowadzonych w Wielkiej Brytanii sugerują niewielki wzrost agresywności populacji mączniaka w stosunku do roślin z genem *mlo* (Atzema, 1998; Slater i Clarkson, 1999, 2001 a, 2001 b).

Już od 20 lat genetycy, hodowcy i fitopatolodzy zajmujący się odpornością jęczmienia na mączniaka spodziewają się „załamania” odporności Mlo. Obawy te są częściowo potwierdzone przez fakt, że opisano 2 izolaty mączniaka o podwyższonej wirulencji w stosunku do genu *mlo* (Schwarzbach, 1979; Lyngkjær i in., 1995). Na początku lat 90. XX wieku niektórzy autorzy donosili, że w populacji mączniaka następuje wzrost wirulencji w stosunku do genu *mlo* (Felsenstein i Fischbeck, 1992, 1993). W celu wyjaśnienia tego problemu na terenie Centralnej Europy, gdzie odmiany jęczmienia jarego posiadające gen *mlo* były uprawiane na dużą skalę, podjęto badania mające na celu określenie adaptacji patogena w latach 1993–1994 (Atzema, 1998). Do badań wybrano 3 regiony: Saksonia, Dolna Austria i Nadrenia Palatynat. W Dolnej Austrii jęczmień jary miał 70% udział w zasiewach jęczmienia. Uprawę odmiany Atem rozpoczęto tam w 1981 roku i w latach 1983–1993 odmiany Atem i Apex stanowiły 30–60% zasiewów jęczmienia

jarego. W Saksonii pierwszą uprawianą odmianą z genem *mlo* była Salome i rozpoczęto jej uprawę w 1982 roku. W późniejszych latach uprawiane były również inne odmiany z genem *mlo*: Krona i Bitrana. W latach 1993–1994 odmiany z genem *mlo* miały 85% udział w zasiewach jęczmienia jarego. Około 30% uprawianego jęczmienia w tym regionie stanowił jęczmień jary. Regionem, w którym występowała duża presja selekcyjna w kierunku wytworzenia izolatów *mlo*-wirulentnych był również region Nadrenii Palatynatu. W regionie tym w latach 1990–1996 wszystkie uprawiane odmiany jęczmienia jarego (Alexis i Krona) posiadały gen *mlo*, a jęczmień jary stanowił 75% powierzchni zasiewów jęczmienia. W tych warunkach presja selekcyjna w kierunku powstania *mlo*-wirulentnych była duża, jednak nie znaleziono izolatów *mlo*-wirulentnych lub o podwyższonej wirulencji w stosunku do genu *mlo*. Był to niespodziewany wynik, gdyż według statystycznych wyliczeń *mlo*-wirulentne izolaty powinny występować w populacji mączniaka na tych terenach z frekwencją ok. 1% (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998).

W 1997 roku Schwarzbach badał populację *B. graminis* f. sp. *hordei* w południowo-zachodniej Słowacji, na Morawach, Czechach, wschodnich Niemczech oraz w Danii w celu określenia adaptacji patogena do odporności Mlo. W tym celu był użyty chwytacz zarodników grzyba umieszczony na dachu samochodu. W chwytaczu tym na pożywce agarowej z dodatkiem benzimidazolu i ampiciliny były umieszczone fragmenty liści linii podatnej SM42 oraz linii HL70 z genem *mlo9*. Izolaty mączniaka były zbierane z łapacza co 100–200 km. Badania te różniły się istotnie od badań opisanych przez Andersena (1989) i Atzemę i wsp. (1994) znacznie większą liczbą izolatów ocenianych pod względem stopnia ich wirulencji do genu *mlo*. Opracowano specjalną procedurę pozwalającą na testowanie poszczególnych populacji mączniaka prowadząc selekcję i izolując izolaty o zwiększonym stopniu wirulencji na gen *mlo*. Wynikiem tych badań było stwierdzenie obecności izolatów wykazujących zwiększoną wirulencję w stosunku do genu *mlo*, jednak wirulencja ta nie była większa niż 10 razy w porównaniu do awirulentnych izolatów kontrolnych. Wirulencja tych izolatów była znacznie mniejsza niż opisany wcześniej, częściowo *mlo*-wirulentny izolat HL3. Największa frekwencja tego rodzaju izolatów występowała w okolicy Magdeburga (3,5%), podczas gdy w regionie Lipska wynosiła ona 2%, a w Czechach i na Morawach 0,1%. Wyniki otrzymane w Niemczech, Danii i na Słowacji nie mogą być interpretowane jednoznacznie ze względu na małą liczbę zebranych izolatów. W badaniach oceniono 5972 izolaty i w 10 izolatach stwierdzono częściową wirulencję w stosunku do genu *mlo*. Biorąc pod uwagę przedstawione wyniki stwierdzono, że w populacji mączniaka w Europie Środkowej izolaty o częściowo zwiększonej wirulencji w stosunku do genu *mlo* występują z frekwencją ok. 0,2%. Po analizie i wykluczeniu wyników otrzymanych dla populacji mączniaka zebranej w okolicach Magdeburga, gdzie prawie wyłącznie uprawiano odmiany z genem *mlo* oceniono, że frekwencja ta dla pozostałych badanych regionów wynosi ok. 0,1%. Podsumowując te badania należy stwierdzić, że frekwencja izolatów o stosunkowo niewielkim wzroście wirulencji na gen *mlo* (maksymalnie 10 razy więcej kolonii w stosunku do kontroli) jest bardzo niska i biorąc pod uwagę ustabilizowany w ostatnim czasie udział odmian z genem *mlo* w zasiewach jęczmienia jarego, wynoszący ok. 30% dla Europy Środkowej, odporność

Mlo powinna utrzymać swoją trwałość przez jeszcze stosunkowo długi czas (Schwarzbach, 1997 a, 1997 b, 1998).

IZOLATY O CZĘŚCIOWO PODWYŻSZONEJ WIRULENCJI W STOSUNKU DO GENU *MLO*

Pierwszy izolat o podwyższonej wirulencji w stosunku do genu *mlo* (HL-3) został opisany przez Schwarzbacha (1979), w tym samym roku, w którym zarejestrowano pierwszą odmianę z genem *mlo* w Europie. Izolat ten wyselekcjonowano w warunkach szklarniowych w wyniku wielokrotnego zakażenia siewek jęczmienia z genem *mlo9* izolatem GE-3. Zarodniki konidialne pochodzące z nielicznych kolonii grzyba powstałych na roślinach służyły do powtórnego zakażenia siewek z genem *mlo9*. Cykl ten powtarzano ok. 40 razy. Następnie porównano agresywność izolatu wyjściowego GE-3 i otrzymanego HL-3. Agresywność izolatu GE-3 oceniono jako zdolność utworzenia 0,02 kolonii na 100 zarodników konidialnych, a izolatu HL-3 jako zdolność utworzenia 2,72 kolonii na 100 zarodników konidialnych. Patogeniczność izolatów GE-3 oraz HL-3 była porównywana również przez innych badaczy, którzy potwierdzili wyniki otrzymane przez Schwarzbacha (1979) (Andersen i Jørgensen, 1992; Lyngkjær i Østergard, 1996, 1998). Autorzy ci w wyniku badań mikroskopowych stwierdzili również, że izolat HL-3 tworzy kolonie na komórkach długich epidermy ponad 1000 razy częściej, na komórkach krótkich epidermy ponad 75 razy częściej, a na komórkach przyszparkowych 10 razy częściej niż jego izolat wyjściowy GE-3. W badaniach tych stwierdzono również, że izolat HL-3 tworzył kolonie 50 razy częściej niż izolat GE-3. Lyngkjær i wsp. (1995) opisali izolat RaceI, pochodzący z Japonii, wykazujący częściową wirulencję w stosunku do genu *mlo* podobną do wirulencji izolatu HL-3. Izolat ten uzyskano w latach 50. XX wieku w Japonii, podczas gdy nie uprawiano odmian z genem *mlo*, a jego częściową *mlo*-wirulencję opisano dopiero 40 lat później.

Najwyższy opisany poziom agresywności izolatów HL-3 i Race I w stosunku do genu *mlo* stanowi tylko ok. 10% agresywności patogena na materiale roślinnym z głównymi genami odporności, ale bez genu *mlo*. Jednak opisanie izolatów HL-3 i Race I świadczy o tym, że *mlo*-wirulentne izolaty mogą powstać w sposób spontaniczny w warunkach naturalnych. Częściowo zostało to potwierdzone obserwacjami opisanymi przez Felsensteina i Fischbecka (1992, 1993) oraz Schwarzbacha (1987, 1998) dotyczącymi populacji mączniaka na terenie Niemiec oraz przez Yahyaoui i wsp. (1997) dotyczącymi populacji mączniaka na terenie Maroka i Tunezji. W badaniach tych wykazano istnienie, jednak z bardzo niską frekwencją, izolatów o częściowo zwiększonej wirulencji w stosunku do genu *mlo*.

Podstawy genetyczne wirulencji *Vo* u haploidalnego grzyba *B. graminis* f. sp. *hordei* nie zostały dokładnie scharakteryzowane. Schwarzbach (1979) sugerował, że stopniowy wzrost wirulencji grzyba w stosunku do genu *mlo* w jego eksperymentach dotyczących izolatu HL-3 wskazuje, że wirulencja w stosunku do genu *mlo* jest kontrolowana przez więcej niż jeden gen. Ponadto 6 genotypów wyselekcjonowanych w wyniku tego eksperymentu można było rozdzielić na 4 grupy ze względu na ich tempo rozwoju, co wskazywało na udział minimum 3 genów. Opinie o tym, czy opisane 2 izolaty nazywać

agresywnymi czy wirulentnymi są podzielone. W praktyce rolniczej izolaty te nie stanowią istotnego zagrożenia gdyż: (1) są one tylko częściowo mlo-wirulentne, (2) częściowa mlo-wirulencja tych izolatów uwiadcza się głównie na pierwszym liściu siewki oraz (3) na częściową mlo-wirulencję tych izolatów wpływają istotnie czynniki zewnętrzne (temperatura, nawożenie azotem, dostępność wody) (Atzema, 1998; Czembor i Czembor, 2003 a). Fakt, że dotychczas znane izolaty o podwyższonej wirulencji w stosunku do genu *mlo* nie wykazują jej w stosunku do roślin starszych niż 3 tygodnie może wskazywać na to, że stopień ekspresji odporności Mlo wzrasta z wiekiem rośliny. Ma to bardzo duże znaczenie dla odporności polowej odmian z genem *mlo* na mączniaka (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998; Czembor i Czembor, 2003 a).

INDUKOWANIE ZWIĘKSZONEGO STOPNIA ODPORNOŚCI GENOTYPÓW JĘCZMIENIA Z GENEM *MLO*

Inokulacja roślin jęczmienia zarodnikami konidialnymi grzyba *B. graminis* f. sp. *hordei* powoduje zmiany w poszczególnych komórkach epidermy prowadzące do zwiększenia lub zmniejszenia ich podatności na zakażenie tym grzybem (Atzema, 1998; Lyngkjær i Carver, 1999). Mechanizm tego rodzaju indukcji był badany dla odmiany z genem *mlo* używając izolatów awirulentnych i wirulentnych w stosunku do tego genu (Lyngkjær i Carver, 1999). Badania te wykazały, że w przypadku użycia izolatu o zwiększonej wirulencji w stosunku do genu *mlo*, gdy infekcja się powiedzie i wytworzone zostanie haustorium, to ekspresja odporności Mlo zainfekowanej komórki oraz komórek sąsiednich jest ograniczona. Natomiast w przypadku użycia izolatu awirulentnego w stosunku do genu *mlo*, gdy infekcja się nie powiedzie to ekspresja reakcji odpornościowej Mlo zainfekowanej komórki oraz komórek sąsiednich jest wzmocniona zarówno w stosunku do izolatów wirulentnych, jak i izolatów o zwiększonej wirulencji *Vo* (Lyngkjær i Carver, 1999; Lyngkjær i in., 2000). Tego rodzaju indukowanie zwiększonej lub zmniejszonej podatności powoduje, że podczas gdy większość genotypów populacji *B. graminis* f. sp. *hordei* nie jest wirulentna w stosunku do genu *mlo*, to rośliny jęczmienia rosnące w polu będą wykazywały wysoki poziom odporności indukowanej, zarówno w stosunku do izolatów wirulentnych, jak i izolatów o zwiększonej wirulencji w stosunku do genu *mlo*. W przypadku, gdy wirulencja *Vo* stanie się powszechna dla populacji mączniaka to będzie ona w sposób istotny wpływała na indukowanie zwiększonej podatności roślin jęczmienia na tego patogena (Atzema, 1998; Lyngkjær i Carver, 1999).

PRESJA SELEKCYJNA W KIERUNKU POWSTANIA IZOLATÓW *B. GRAMINIS* F. SP. *HORDEI* WIRULENTNYCH W STOSUNKU DO GENU *MLO*

Uprawa odmian jęczmienia z genem *mlo* na bardzo dużą skalę wywiera istotną presję selekcyjną w kierunku zwiększenia wirulencji w stosunku do tego genu w populacji mączniaka. Dotychczas opisano 3 główne przyczyny braku występowania izolatów z wirulencją *Vo* w warunkach polowych w ciągu ostatnich 20 lat: specyficzny mechanizm działania odporności Mlo, uwarunkowanie genetyczne tej odporności oraz mała selekcyjna

korzystać częściowo mło-wirulentnych izolatów mączniaka w warunkach naturalnych (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998; Lyngkjær i in., 2000; Schwarzbach i in., 2002).

Mechanizm działania

Mechanizm działania odporności Mło polega głównie na szybkim formowaniu stosunkowo bardzo dużych i strukturalnie zwartych warstw ochronnych (papilla) na skutek prób penetracji strzępek grzyba do wnętrza komórek epidermy jęczmienia. Mechanizm obronny, jakim jest wytwarzanie papilli występuje również u roślin jęczmienia z niezmutowanym genem *mlo* (niezmutowanym) oraz jest powszechny u pszenicy, owsa i wielu innych gatunków roślin (Aist i Gold, 1987; Carver i in., 1992). Tak więc gen *mlo* nie warunkuje nowego rodzaju reakcji odpornościowej rośliny, jedynie w sposób ilościowy i jakościowy wzmacnia już istniejący, jakim jest wytwarzanie papilli (Czembor i Czembor, 2003 a). Mechanizm ten u roślin bez genu *mlo* oraz bez genów głównych, warunkujących odporność na mączniaka powoduje, że ponad 80% zarodników konidialnych nie jest w stanie zainfekować komórek epidermy. U roślin z genem *mlo* procent ten jest znacznie wyższy i wynosi 99,96% (Atzema, 1998).

W przeciwieństwie do genów odporności warunkujących reakcję nadwrażliwości, odporność warunkowana genem *mlo* wpływa głównie na efektywność zakażenia patogenem rośliny żywicielskiej i nie powoduje typów infekcji charakterystycznych dla odporności opisanych w skali fitopatologicznej jako 0, 1, 2, 3, lecz warunkuje typ infekcji 4 typowy dla roślin podatnych. Jednak liczba kolonii jest ok. 500 razy mniejsza na roślinach z genem *mlo* w stosunku do roślin podatnych co zostało określone odnoszącym się tylko do genu *mlo* typem infekcji 0(4) (Atzema, 1998; Lyngkjær i in., 2000; Schwarzbach i in., 2002; Czembor i Czembor, 2003 a). Efektywność ta zależy głównie od rodzaju komórek epidermy, przez które wnika strzępka infekcyjna grzyba i dla izolatów awirulentnych w stosunku do genu *mlo* wynosi ona: dla komórek przysparkowych 0,8%, dla komórek krótkich w sąsiedztwie szparek 0,1%, a dla komórek długich mniej niż 0,003% (Andersen, 1989; Andersen i Jørgensen, 1992). Wymienione rodzaje komórek stanowią kolejno 6%, 35% i 59% powierzchni liścia. Zjawisko zróżnicowanej podatności na zakażenie mączniakiem różnych rodzajów komórek skórki jęczmienia jest charakterystyczne nie tylko dla genu *mlo*, ale zostało opisane również dla innych genów (Koga i in., 1990; Mishina i in., 1993). Obecność na roślinach z genem *mlo* nielicznych kolonii grzyba wytwarzających zarodniki konidialne powoduje znaczne obniżenie presji selekcyjnej w kierunku *Vo* niż jest to w przypadku większości genów odporności warunkujących typ infekcji 0, 1, 2, (brak zarodnikowania) lub 3 (bardzo ograniczone zarodnikowanie) (Atzema, 1998; Lyngkjær i in., 2000).

Uwarunkowanie genetyczne

Obserwacje i badania nad częściowo wirulentnym izolatem HL-3 wskazują na istnienie od 3 do 6 genów odpowiedzialnych za częściowo zwiększoną wirulencję tego izolatu w stosunku do genu *mlo* (Schwarzbach, 1979; Andersen, 1991; Atzema i in., 1996). Wyniki badań Atzemy (1998) polegających na skrzyżowaniu izolatów E1 i E82 z częściowo wirulentnym izolatem HL3/5 wyselekcjonowanym przez Schwarzbacha (1979) wskazują, że częściowa mło-wirulencja izolatu HL3/5 warunkowana jest obecnością minimum 4 genów o zróżnicowanym stopniu ekspresji. Działanie jednego

z tych genów ma charakter regulujący ekspresję pozostałych 3 genów. Wyniki te są potwierdzeniem wcześniejszych obserwacji dokonanych przez Andersena (1991). Wirulencja *Vo* jest więc cechą ilościową i wymaga skumulowania w jednym genotypie patogena kilku lub kilkunastu genów. Prawdopodobieństwo by tak się stało jest bardzo małe, a przede wszystkim o wiele mniejsze niż w przypadku odporności warunkowanej jednym genem, jak to ma miejsce dla 36 genów odpornościowych głównych, używanych w hodowli jęczmienia w ciągu ostatnich siedemdziesięciu lat (Atzema, 1998). Recesywność genu *mlo* wynika z braku funkcjonalnego białka kodowanego przez „dziki” gen *mlo*. Białko to składa się z 533 aminokwasów i wiele alleli genu *mlo* powstało w wyniku mutacji punktowych, najczęściej delecji jednej lub kilku par zasad spośród 1599 par zasad stanowiących gen *mlo* (Büschegees i in., 1997; Czembor i Czembor, 2003 a). Biorąc pod uwagę opis genu *mlo* na poziomie molekularnym prawdopodobieństwo zaistnienia mutacji przywracających funkcjonalność genu *Mlo* jest bardzo małe.

Dotychczas nazwano i opisano 30 różnych alleli *mlo*, jednak obecność genu *mlo* została stwierdzona w 160 mutantach oraz kilkunastu liniach pochodzących z odmian miejscowych zebranych w Etiopii, Libii, Turcji i Jemenie (Czembor i Czembor, 2003 a). Mimo tak dużej liczby źródeł tej odporności obecnie w hodowli odmian jęczmienia jarego używa się głównie allelu *mlo11* oraz rzadziej allelu *mlo9*. Aby zwiększyć trwałość odporności *Mlo* należy zalecać hodowcom sięganie również po inne opisane allele tego genu. Ponadto fakt istnienia tak dużej liczby alleli *mlo* powoduje, że z chwilą „załamania” się odporności uwarunkowanej allelami *mlo11* i *mlo9* można będzie sięgnąć po inne istniejące allele, lub uzyskać nowe allele na drodze mutacji i przy zastosowaniu technik molekularnych (Jørgensen, 1984, 1993, 1994; Czembor i Gacek, 1991).

Korzyść selekcyjna

Korzyść selekcyjna dla nowej wirulencji może być określona jako zwiększony udział danego izolatu w populacji naturalnej mączniaka w ciągu jednego cyklu selekcyjnego. W warunkach naturalnych prawie identyczne genotypy jęczmienia rosną na stosunkowo dużych obszarach. Rozwój choroby odbywa się głównie na skutek infekcji pierwotnej powodowanej przez zarodniki konidialne izolatów pochodzących często z odległych (oddalonych o kilkadziesiąt kilometrów) źródeł. Infekcja pierwotna odbywa się krótko po wschodzie roślin i dalszy rozwój choroby odbywa się autonomicznie w obrębie populacji patogena na poszczególnych polach. Biorąc to pod uwagę odbywa się tylko jeden cykl selekcyjny w ciągu sezonu (Wolfe i Schwarzbach, 1978 a, 1978 b; Bousset, 2000). Praktyczną miarą namnażania się poszczególnych izolatów (selekcyjnej korzyści) jest liczba kolonii wytworzonych w stosunku do liczby zarodników konidialnych, jakie zetknęły się z gospodarzem. Schwarzbach (1998) przedstawił teoretyczne dane dotyczące tego zagadnienia zakładając m.in., że region jest „fitopatologicznie” zamknięty, izolaty namnażają się aseksualne, gospodarz (jęczmień) rośnie w zasiewie czystym, selekcja izolatów odbywa się tylko podczas infekcji pierwotnej. W tej pracy wykazał, że korzyść selekcyjna izolatów częściowo *mlo*-wirulentnych wynosi ułamki procenta (dla obecnego 20%–50% udziału powierzchni jęczmienia z genem *mlo*) oraz, że potrzeba kilkadziesiąt lat, aby odporność *Mlo* straciła swoją efektywność. Przedstawione przez niego rozważania tłumaczą obserwowaną przez ćwierć wieku trwałość odporności *Mlo*. Procent ten może

w warunkach naturalnych być większy na skutek dwóch dodatkowych czynników. Pierwszym z nich jest powstanie w sposób nieprzewidywalny mutantów, które będą zawierały w sobie wiele zmutowanych genów prowadzących do zwiększenia ich wirulencji w stosunku do genu *mlo* (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998). Drugim czynnikiem jest rekombinacja seksualna, która wprawdzie występuje rzadko (np. ok. 25% zarodników workowych w populacji mączniaka jesienią w Wielkiej Brytanii), to może istotnie wpływać na powstanie nowych, częściowo *mlo*-wirulentnych izolatów (Atzema, 1998). Jej znaczenie istotnie wzrośnie z chwilą, gdy w uprawie znajdą się odmiany jęczmienia ozimego z genem *mlo*. Niektórzy hodowcy jęczmienia uzyskali już zaawansowane linie jęczmienia ozimego z genem *mlo* (Spunar, 1996; Atzema, 1998). Większość hodowców, genetyków i fitopatologów uznaje słuszność ograniczenia wykorzystania genu *mlo* w odmianach jęczmienia jarego, ale w krajach, w których uprawia się głównie jęczmień ozimy wykorzystanie odporności *Mlo* staje się uzasadnione. Presja selekcyjna wywierana przez odmiany z genem *mlo* na populację patogena jest znacznie mniejsza niż presja selekcyjna wywierana przez odmiany z genami głównymi odporności, warunkującymi odporność, w wyniku której izolaty awirulentne nie wytwarzają zarodników konidialnych. Spowodowane jest to dużo większym zróżnicowaniem genetycznym populacji mączniaka występujących na odmianach z genem *mlo* niż na odmianach z genami rasowo specyficznymi, ponieważ w tym ostatnim przypadku przeżyć mogą jedynie izolaty wirulentne w stosunku do tych genów (Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998; Schwarzbach i in., 2002).

PODSUMOWANIE

Biorąc pod uwagę przedstawione aspekty trwałości odporności *Mlo* można uznać, że znaczenie jej będzie wzrastać. Odporność *Mlo* zachowa swój trwały charakter przez następne kilkadziesiąt lat pod warunkiem spełnienia 5 zaleceń: (1) nie wprowadzanie do uprawy odmian jarych i ozimych z odpornością *Mlo* na tym samym terenie, (2) stosowanie genu *mlo* w połączeniu z innymi genami głównymi w nowych odmianach jęczmienia, (3) stosowanie odmian wieloliniowych i mieszanek odmianowych, w których część linii/odmian była by z genem *mlo*, a część linii/odmian z innymi genami odporności, (4) stosowanie poprawnej agrotechniki oraz ograniczenie występowania stresów fizjologicznych, (5) stosowanie integrowanego systemu ochrony roślin: uprawa odmian z genem *mlo* w połączeniu z odpowiednią agrotechniką (nawożenie, nawadnianie itp.) oraz z zastosowaniem środków ochrony roślin (Jørgensen, 1984, 1993; Atzema, 1998; Schwarzbach, 1998; Lyngkjær i in., 2000; Czembor i Czembor, 2003 a, 2003 b, 2003 c).

LITERATURA

- Aist J. R., Gold R. E. 1987. Prevention of fungal ingress: The role of papillae and calcium. In: Nishimura S., Vance C. P., Doke N. (ed.) Molecular Determinants of Plant Diseases, Springer-Verlag, Berlin: 47 — 58.
 Andersen L. 1989. Overvågning af *Mlo* aggressivitet. Nordic Plant Protection Conference 1989. Helsingør, Denmark: 79 — 86.

- Andersen L. 1991. Mlo aggressiveness in European barley powdery mildew. W: Integrated Control of Cereals: Virulence Patterns and Their Change. Jørgensen (ed.), Risø National Laboratory, Roskilde, Denmark: 187 — 196.
- Andersen L, Jørgensen J. H. 1992. Mlo aggressiveness in barley powdery mildew. Norweg. J. Agric. Sci. 7: 77 — 87.
- Atzema J. L. 1998. Durability of mlo resistance in barley against powdery mildew caused by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. Praca doktorska, Szwajcarski Instytut Techniczny, Zurich: 1 — 93.
- Atzema J., Finckh M. R., Wolfe M. 1996. Genetics of the response of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* to mlo resistance in barley. W: Proc. of the 9th European and Mediterranean Cereal Rust and Powdery Mildews Conference, 2/6. 09. 1996, Lunteren, Holandia: 55 — 57.
- Atzema J., Limpert E., Wolfe M. 1994. Testing isolates of barley powdery mildew for Mlo virulence. In: Integrated Control of Cereal Mildews and Rusts: Towards Coordination of Research Across Europe, Limpert E., Finckh M. R., Wolfe M. S. (ed.), Kappel am Abis, 5–10.11.1994: 47 — 48.
- Bousset L., Østegård H., Hovmøller M. S., Caffier V., Valavieille-Pope C. 2000. Effectiveness of powdery mildew resistance genes in autumn-sown and spring-sown barley crops. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica 35: 153 — 160.
- Büschges R., Hollricher K., Panstruga R., Simons G., Wolter M., Frijters A., van Daelen R., van der Lee T., Diergaarde P., Groenendijk J., Topsch S., Vos P., Salamini F., Schulze-Lefert P. 1997. The barley *mlo* gene: A novel control element of plant pathogen resistance. Cell 88: 695 — 705.
- Carver T. L., Zeyen R. J., Robbins M. P., Dearne G. A. 1992. Effects of PAL inhibition on oat, barley and wheat cell response to appropriate and inappropriate formae speciales of *Erysiphe graminis* DC. Physiol. and Molec. Plant Path. 41: 397 — 409.
- Czembor J. H. 1981. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* DC EX Merat f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1975–1979. Hod. Rośl. Aklim. 25 (5/6): 216 — 226.
- Czembor J. H. 2002. Resistance to powdery mildew in selections from barley landraces. Euphytica 125 (3): 397 — 409.
- 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 J. H., Czembor E. 2003 a. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). I. Genetyka, fenotyp, mechanizm i badania molekularne Biul. IHAR, w druku.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003 b. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). II. Źródła i ich wykorzystanie w hodowli. Biul. IHAR, w druku.
- Czembor J. H., Czembor H. J. 2003 c. Identification of new sources of resistance in selections from barley landraces collected in Yemen. Cereal Rusts and Powdery Mildew Bull. in press
- 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. 1990. Wybrane problemy hodowli odpornościowej zbóż na choroby. Biul. IHAR 173/174: 53 — 64.
- Czembor H. J., Gacek E. 1991. Development of high-yielding and disease resistant barley cultivars through combination of mutagenesis with conventional cross-breeding. Cereal Res. Commun. 19: 43 — 49.
- Czembor H. J., Kudła M. M. 1984. Rasy fizjologiczne mączniaka jęczmienia (*Erysiphe graminis* DC EX Merat f. sp. *hordei* Marchal) występujące w Polsce w latach 1980-1982. Hod. Rośl. Aklim. 28 (3/4): 219 — 220.
- Felsenstein F. G., Fischbeck G. 1992. Das Resistenzrisiko aus der Luft gegriffen. Pflanzenschutz-Praxis, 2: 18 — 21.
- Felsenstein F. G., Fischbeck G. 1993. Sommergerste: Mlo-Mehltauersistenz gefährdet. Pflanzenschutz-Praxis, 2: 30 — 31.
- 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. 1992. Odporność mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* DC) i innych patogenów zbóż na fungicydy układowe. Biul. IHAR 184: 31 — 45.

- 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 mieszanin zbóż ze szczególnym uwzględnieniem jęczmienia. *Biul. IHAR* 151: 37 — 45.
- Jenkyn M. J., Bainbridge A. 1978. Biology and pathology of cereal powdery mildew. In: *The powdery mildew*. Spencer D. M. (ed.): 283 — 321.
- Johnson R. 1984. A critical analysis of durable resistance. *Annual Review of Phytopathol.* 22: 303 — 330.
- Jørgensen J. H. 1984. Durability of the *mlo* powdery mildew resistance genes in barley. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 6: 33 — 31.
- Jørgensen J. H. 1988. *Erysiphe graminis*, powdery mildew of cereal grasses. *Advances in Plant Pathol.* 6: 137 — 157.
- Jørgensen J. H. 1993. Durability of resistance in the pathosystem: barley-powdery mildew. In: *Durability of disease resistance*. Jacobs Th., Parlevliet J. E. (ed.), Kluwer Academic Publishers, Dordrecht: 159 — 176.
- Jørgensen J. H. 1992. Discovery, characterization and exploitation of *Mlo* powdery mildew resistance in barley. *Euphytica* 63: 141 — 152.
- Jørgensen J. H. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. *Critical Reviews in Plant Sciences* 13: 97 — 119.
- Koga H., Bushnell, Zeyen R. J. 1990. Specificity of cell type and timing of events associated with papilla formation and the hypersensitive reaction in leaf of *Hordeum vulgare* attacked by *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*. *Can. J. Bot.* 68: 2344 — 2352.
- Limpert E. 1985. Ursachen unterschiedlicher Zusammensetzung des Gerstenmehltaus, *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Marchal, und deren Bedeutung für Züchtung und Anbau von Gerste in Europa. PhD thesis TU München, Germany: 183.
- Limpert E., Bartos P., Graber W. K., Müller, Fuchs J. G. 2000. Increase of virulence complexity of nomadic airborne pathogens from west to east across Europe. *Acta Phytopathol. Entomologica Hungarica* 35: 261 — 272.
- Limpert E., Godet F., Muller K. 1999. Dispersal of cereal mildews across Europe. *Agric. Forest Meteorol.* 97 (4): 293 — 308.
- Lyngkjær M. F., Carver T. L. W. 1999. Induced accessibility and inaccessibility to *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in barley epidermal cells attacked by a compatible isolate. *Physiol. Mol. Pathol.* 55: 151 — 162.
- Lyngkjær M. F., Østergård H. 1996. Powdery mildew infection of barley with the *mlo* resistance gene. In: *Proc. of the 9th European and Mediterranean Cereal Rust and Powdery Mildews Conference*, 2-6. 09. 1996, Lunteren, Hollandia: 58 — 60.
- Lyngkjær M. F., Østergård H. 1998. Interaction between powdery mildew and barley with *mlo5* mildew resistance. *Plant Pathol.* 47: 252 — 258.
- Lyngkjær M. F., Jensen H. P., Østergård H. 1995. A Japanese powdery mildew isolate with exceptional large infection efficiency on *Mlo*-resistant barley. *Plant Pathol.* 44: 786 — 790.
- Lyngkjær M. F., Jørgensen J. H., Østergård H. Is *Mlo*-powdery mildew resistance in barley durable? In: *13th Danish Plant Protection Conference, Pest and Diseases*. SP Rapport 4: 145 — 155.
- Lyngkjær M. F., Newton A. C., Atzema J. L., Baker S. J. 2000. The barley *mlo*-gene: an important powdery mildew resistance source. *Agronomie* 20: 745 — 756.
- Marshall D. R. 1977. The advantages and hazards of genetic homogeneity. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 287: 1 — 20.
- Mishina G. N., Serezhkina G. V., Andreev L. N. 1993. Cytophysiological study of the effect of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* appressoria on the nuclear apparatus of barley cells. *Biol. Biull. Russ. Acad. Sci.* 19: 289 — 296.
- Newton A. C., Young I. M. 1996. Temporal partial breakdown of *Mlo* resistance in spring barley by the sudden relief of soil water stress. *Plant Pathol.* 45: 973 — 977.
- Schwarzbach E. 1979. Response to selection for virulence against the *ml-o* based mildew resistance in barley, not fitting the gene-for-gene hypothesis. *Barley Genet. Newslet.* 9: 85 — 88.
- Schwarzbach E. 1987. Shifts to increased pathogenicity on *ml-o* varieties. In: *Integrated control of cereal mildews: monitoring the pathogen*. M. S. Wolfe, E. Limpert (eds.): 5 — 7.

- Schwarzbach E. 1997. Epidemiologic aspects of the *mlo* gene for resistance of barley to powdery mildew. Genet. a Šlecht. 33: 55 — 59.
- Schwarzbach E. 1997. Recent history of the *ml-o* gene causing resistance of barley against mildew. In: Protection of Cereal Crops Against Harmful Organisms, Tvarůžek (ed.), 1–4. 07. 1997, Kroměříž, Republika Česka: 98.
- Schwarzbach E. 1998. The *mlo* based resistance of barley to mildew and the response of mildew populations to the use of varieties with the *mlo* gene. Czech J. Genet. Plant Breed. 34: 3 — 10.
- Schwarzbach E., Slater S. E., Clarkson J. D. S. 2002. Occurrence of partially *mlo*-virulent isolates of barley powdery mildew in agricultural environments in Europe. Cereal Rusts and Powdery Mildew Bull. www.crpmb.org/2002/0208schwarzbach.
- Slater S. E., Clarkson J. D. S. 1999. Mildew of barley, U.K. Cereal Pathogen Virulence Survey 1998. Annual Report: 43 — 51.
- Slater S. E., Clarkson J. D. S. 2001 a. Reaction of spring barley cultivars carrying the *mlo* resistance to infection by powdery mildew isolates in the UK. Cereal Rusts and Powdery Mildews Bulletin [www.crpmb.org/]2001/0724slater.
- Slater S. E., Clarkson J. D. S. 2001 b. Mildew of barley, U.K. Cereal Pathogen Virulence Survey 2000. Annual Report: 50 — 59.
- Spunar J. 1996. Genetical breeding and epidemiological aspects of incorporating the *mlo* gene for powdery mildew resistance into winter barley. Geneticko a Slechteni 32: 213 — 220.
- Steffenson B. J. 1992. Analysis of durable resistance to stem rust in barley. Euphytica 63: 153 — 167.
- Torp J., Jensen H. P. 1985. Screening for spontaneous virulent mutants to *Erysiphe graminis* DC f. sp. *hordei* on barley lines with resistance genes *ML-a1*, *ML-a6*, *ML-a12* and *ML-g*. Phytopath. Z. 112: 17 — 27.
- Yahyaoui M., Reinhold M., Scharen A. L. 1997. Virulence spectrum in populations of the barley powdery mildew pathogen *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* in Tunisia and Morocco in 1992. Plant Pathology 46: 139 — 146.
- Wolfe M. S., Schwarzbach E. 1978 a. The recent history of the evolution of barley powdery mildew in Europe. In: Spencer D. M. (ed.). The powdery Mildews, London, N. York, San Francisco, Academic Press. 129 — 155.
- Wolfe M. S., Schwarzbach E. 1978 b. Patterns of race changes in powdery mildews. Ann. Rev. Phytopathol. 16: 159 — 180.

MARIA CHRZĄSTEK**EDYTA PACZOS-GRZĘDA**

Instytut Genetyki i Hodowli Roślin

Akademia Rolnicza, Lublin

Analiza molekularna i cytologiczna oraz ocena niektórych cech ilościowych mieszańców międzygatunkowych *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Molecular and cytogenetic analysis and estimation of some quantitative traits of interspecific hybrids *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Celem pracy były badania genetyczne i hodowlane mieszańców międzygatunkowych F₂ *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form rodzicielskich. Mieszańcowy charakter tej kombinacji potwierdzono przy pomocy metody RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). W celu określenia stabilności cytogenetycznej otrzymanych mieszańców analizowano konfiguracje chromosomów w komórkach macierzystych pyłku (KMP) w stadium metafazy I i anafazy I, frekwencję mikrojąder w tetradach oraz żywotność i wymiary ziaren pyłku. W metafazie I obserwowano głównie biwalenty, a w anafazie I sporadycznie występowały chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe. Zarówno w mieszańcach, jak i w formach wyjściowych obserwowano prawidłowo wykształcone tetrazy i wysoką żywotność pyłku. Uzyskane wyniki świadczą o dobrej stabilności cytogenetycznej testowanych genotypów. Mieszańce porównywano z formami rodzicielskimi pod względem wybranych cech ilościowych. W większości przypadków stwierdzono istotne różnice. W porównaniu z odmianą Borys, mieszańce były wyższe i miały dłuższą wiechę. Jednocześnie liczba kłosek w wieszce oraz liczba i masa ziarniaków były niższe aniżeli w formie matecznej. Stwierdzono również wyższą płodność kłosa i zawartość białka ogółem w ziarniakach, ale równocześnie niższą masę tysiąca ziarniaków (MTZ).

Słowa kluczowe: *Avena sativa* L., *Avena fatua* L., cechy ilościowe, KMP, mejoza, mieszańce międzygatunkowe, RAPD

The aim of the presented paper were genetic and breeding studies of F₂ interspecific hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms. Hybrid character of this cross combination was confirmed using the RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) method. Configurations of chromosomes in pollen mother cells (PMCs) at metaphase I and anaphase I, frequency of micronuclei in tetrads, viability and size of pollen grains were analysed in order to estimate the cytogenetic stability of hybrids. At metaphase I mainly bivalents were observed and at anaphase I rarely lagging chromosomes and chromatid bridges were noted. In the hybrids, as well as in the initial forms, tetrads

were properly formed and pollen was highly viable. The obtained results testify to good stability of the analysed genotypes. The hybrids were compared to their parental forms regarding some quantitative traits. In majority of cases significant differences were stated. In comparison with the Borys variety, hybrids were higher and had longer panicles. Number of spikelets per panicle, as well as number and weight of kernels, were lower than in the parental forms. Higher fertility and total protein content in kernels, but at the same time lower weight of 1000 kernels were stated.

Key words: *Avena sativa* L., *Avena fatua* L., interspecific hybrids, meiosis, PMC, quantitative traits, RAPD

WSTĘP

Owies zwyczajny (*Avena sativa* L.) jest klasycznym przykładem gatunku uprawnego o bardzo wąskiej puli genowej. Założeniem wielu programów hodowlanych jest poszerzenie zmienności genetycznej owsa poprzez wprowadzenie pożądanych genów z innych gatunków lub rodzajów. Stosuje się w tym celu różne metody, najczęściej jest to krzyżowanie międzygatunkowe i międzyrodzajowe. Bogatym źródłem korzystnych genów są gatunki dzikie (Stalker, 1980; Ladizinsky, 1986; Leggett, 1996). Przyjmuje się, że im większy jest dystans genetyczny pomiędzy krzyżowanymi komponentami tym większe jest prawdopodobieństwo uzyskania wartościowych mieszańców. Silne bariery krzyżowalności stanowią istotne ograniczenie w bezpośrednim wykorzystaniu genów warunkujących korzystne cechy (Thomas, 1992). W krzyżowaniach międzygatunkowych owsa wykorzystuje się głównie gatunki heksaploidalne, najczęściej *Avena sterilis* L. (Paczos-Grzęda, 2002). Gatunek *Avena fatua* L. miał dotychczas ograniczone zastosowanie w hodowli. Może on natomiast być dawcą wielu interesujących genów m.in. warunkujących odporność na rdzę koronową, rdzę żdźbłową, skrzypionki zbożowe, tolerancję na BYDV, karłowatość, wysoką zawartość białka i tłuszczu w ziarniakach, mrozoodporność, odporność na herbicydy, długi okres spoczynku nasion, szybki wzrost vegetatywny, wczesność czy odporność na suszę (Rines i in., 1980; Luby, Stuthman, 1983; Frey, 1986; Leggett, 1996; Cavan i in., 1998; Milach i in., 1997).

W trakcie selekcji korzystnych genotypów z populacji mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych nieodzowne jest testowanie roślin pod względem stabilności cytogenetycznej (Thomas, Al-Ansari, 1980; Thomas i in., 1980).

Współczesna hodowla coraz częściej wspomagana jest informacjami uzyskiwanymi w oparciu o analizy molekularne. Zastosowanie markerów molekularnych umożliwia ocenę zróżnicowania materiałów hodowlanych, dobór właściwych komponentów do krzyżowań, potwierdzanie mieszańcowego pochodzenia uzyskanego potomstwa oraz identyfikację i selekcję pożądanych form. Badania DNA mogą w znacznym stopniu ułatwić i przyspieszyć otrzymywanie nowych, doskonalszych odmian.

Celem pracy było określenie stabilności cytogenetycznej mieszańców międzygatunkowych F₂ *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz potwierdzenie mieszańcowego charakteru tej kombinacji przy pomocy markerów RAPD. Ponadto przeprowadzono ocenę niektórych cech ilościowych mieszańców i form rodzicielskich.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem pracy były uzyskane w Instytucie Genetyki i Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Lublinie mieszańce międzygatunkowe F₂ heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz formy rodzicielskie.

Doświadczenie założono metodą bloków losowanych, w trzech powtórzeniach, w Gospodarstwie Doświadczalnym w Czesławicach. Ziarniaki wysiano w rozstawie 10 × 20 cm.

W okresie wegetacji pobrano materiał do analizy mejozy i żywotności pyłku. Wiechy i pylniki utrwalono w roztworze Carnoya, a następnie wykonywano preparaty rozmazowe w 2% acetokarminie. W około 150 komórkach macierzystych pyłku (KMP) każdej formy analizowano konfiguracje chromosomów w metafazie I oraz częstotliwość chromosomów opóźnionych i mostów chromatydowych w anafazie I. Ponadto określono frekwencję mikrojąder, obserwując ok. 2500 tetrad. We wszystkich formach oznaczono żywotność pyłku na podstawie stopnia wypełnienia cytoplazmą ok. 3000 ziaren pyłku. Średnie wymiary pyłku ustalono mierząc długość i szerokość 50 ziaren z każdej formy. Pomiary wykonywano pod mikroskopem przy powiększeniu 8 × 40 stosując mikrometr okularowy i przedmiotowy.

Po zbiorze wykonano laboratoryjną ocenę 30 pojedynków z każdej formy rodzicielskiej i 60 mieszańców. Analizowano następujące cechy: wysokość roślin (cm), liczbę pędów produkcyjnych, długość wiechy [cm], liczbę kłosek w wieszce, liczbę i masę ziarniaków z wiechy (g), płodność kłoska (liczba ziarniaków przypadająca na jeden kłosek w wieszce) oraz MTZ (g) (masa ziarniaków z wiechy / liczba ziarniaków z wiechy × 1000). Zawartość białka ogółem w ziarniakach obłuszczonych i nieobłuszczonych oznaczono metodą Kjeldahla stosując przelicznik 5,7.

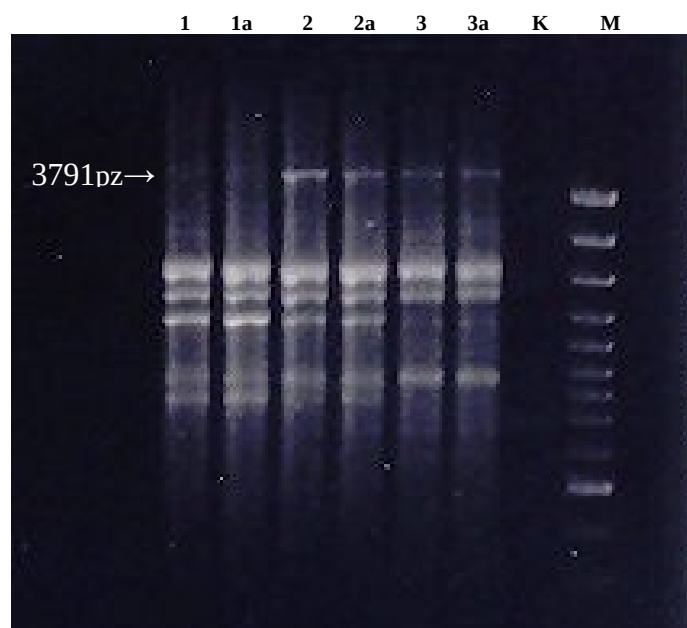
Wstępnym etapem analiz molekularnych była ekstrakcja DNA przeprowadzona metodą Milligana (1992) w dwóch powtórzeniach dla każdego genotypu z pięciu koleotypy kilkunastu siewek. Amplifikację markerów RAPD przeprowadzono zmodyfikowaną metodą Williamsa i wsp. (1990) na termocyklerze Thermal Cycler 480 (Perkin-Elmer). Analizowano dwie próby DNA z każdej formy, prowadząc jednocześnie reakcję kontrolną bez matrycy DNA. Uzyskane produkty rozdzielano na 1,5% żelu agarozowym z 0,01% EtBr w buforze TBE przez 2 h przy napięciu 100 V. Masę prążków określano porównując je z markerem wielkości GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder Plus (Fermentas, Litwa) wykorzystując program „Dnafrag” wersja 3.03.

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

W przedstawionej pracy analizowano mieszańce F₂ uzyskane w wyniku skrzyżowania polskiej odmiany Borys (*Avena sativa* L.) z dzikim gatunkiem *Avena fatua* L. W celu

potwierdzenia mieszańcowego pochodzenia badanej kombinacji zastosowano metodę RAPD. Poszukiwano starterów generujących takie fragmenty DNA, które nie były obecne u odmiany matecznej, ale ulegały amplifikacji zarówno u formy ojcowskiej, jak i mieszańców. Spośród 40 analizowanych starterów wyselekcjonowano jeden (W-02) spełniający powyższe kryterium. Generował on fragment DNA wielkości 3791pz (rys. 1). Niski poziom polimorfizmu wykrywany metodą RAPD u gatunków heksaploidalnych z rodzaju *Avena* sprawia, że do jednoznacznej identyfikacji mieszańców międzygatunkowych heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. wskazane byłoby przeanalizowanie większej liczby starterów RAPD lub zastosowanie metody pozwalającej na detekcję większej zmienności, takiej jak AFLP (Vos i in., 1995) lub ISSR (Zietkiewicz i in., 1994). Jednakże metoda RAPD została wykorzystana do analizy gatunków z rodzaju *Avena* wielokrotnie (Penner i in., 1993; Wight i in., 1994; Loskutov, Perchuk, 2000).



Rys. 1. Obraz markerów RAPD amplifikowanych w obecności startera W02. 1, 1a – *Avena sativa* L. cv. Borys; 2, 2a – *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L.; 3, 3a – *Avena fatua* L.; K – kontrola; M – marker wielkości

Fig. 1. RAPD patterns obtained with the primer W02 1, 1a – *Avena sativa* L. cv. Borys; 2, 2a – *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L.; 3, 3a – *Avena fatua* L.; K – control; M – molecular weight marker

Z wielu dotychczasowych badań wynika, że w heksaploidalnym owsie, podobnie jak u pszenicy, ma miejsce biwalentna koniugacja chromosomów (Rajhathy, Thomas, 1972). Obserwując konfiguracje chromosomów w metafazie I w mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz w formach rodzicielskich stwierdzono, że chromosomy tworzyły głównie biwalenty (tab. 1). Występowały one najczęściej w postaci pierścieni,

rzadziej miały kształt prętów. Formy rodzicielskie różniły się od siebie pod względem kształtu biwalentów. W odmianie Borys w płytce metafazowej obserwowano średnio 20,21 biwalentów pierścieniowych, natomiast w *Avena fatua* L. było ich 18,45. W mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys $\times$ *Avena fatua* L. na komórkę przypadało średnio 20,28 pierścieni. Liczba biwalentów otwartych, czyli prętów w poszczególnych komórkach *Avena fatua* L. wahała się od 0 do 5 i wynosiła średnio 2,30. Paczos-Grzęda (2002) obserwowała mniej prętów (1,44) w innym dzikim heksaploidalnym gatunku *Avena sterilis* L. Spośród badanych w pracy form, jedynie w płytkach metafazowych *Avena fatua* L. sporadycznie obserwowano uniwalenty (0,06/KMP). Podobnie niską frekwencję uniwalentów stwierdzili McMullen i wsp. (1982) analizując mieszańce *Avena sativa* L. $\times$ *Avena sterilis* L. i formy rodzicielskie. W badanych w pracy materiałach nie obserwowano połączeń multiwalentnych. Niektórzy autorzy na podstawie analizy koniugacji chromosomów w mieszańcach *Avena sativa* L. $\times$ *Avena sterilis* L. twierdzą, że regularna mejoza i niemal wyłącznie biwalentna koniugacja mogą świadczyć o wysokiej homologii krzyżowanych genotypów (McMullen i in., 1982; Sereno-Tavares i in., 1992). Znacznie więcej zakłóceń obserwowano w mieszańcach otrzymanych poprzez krzyżowanie gatunków o różnym stopniu ploidalności (Leggett, 1983; 1984; Dilkova i in., 2000). Według wielu autorów koniugacja chromosomów owsa jest kontrolowana poligenicznie (Thomas, Al-Ansari, 1980). Dotychczas, w odróżnieniu od pszenicy, nie zidentyfikowano genów odpowiadających za biwalentną koniugację chromosomów w rodzaju *Avena*.

W anafazie I, w komórkach analizowanych form obserwowano nieliczne chromosomy opóźnione i mosty chromatydowe (tab. 1). Najwięcej chromosomów opóźnionych (0,14/KMP) i mostów (0,41/KMP) stwierdzono w genotypie *Avena fatua* L. W odmianie Borys średnia liczba chromosomów opóźnionych wynosiła 0,03, a mostów chromatydowych 0,33. Poziom zaburzeń w anafazie u mieszańców był zbliżony do formy matecznej. W testowanych przez McMullena i wsp. (1982) mieszańcach *Avena sativa* L. $\times$ *Avena sterilis* L. na komórkę przypadało od 0,55 do 1,79 chromosomów opóźnionych. W 4% komórek autorzy obserwowali mosty chromatydowe.

O zaburzeniach w mejozie świadczy również obecność mikrojąder w tetradach. Obserwowano je we wszystkich badanych w pracy formach (tab. 1). Najmniej mikrojąder stwierdzono w odmianie Borys (0,02), a najwięcej w *Avena fatua* L. (0,07). W mieszańcach na jedną tetradę przypadało średnio 0,04 mikrojąder. McMullen i wsp. (1982) obserwowali mikrojądra w 39,2% analizowanych tetrad. W mieszańcach uzyskanych przez wyżej wymienionych autorów w wyniku krzyżowania 9 genotypów *Avena sativa* L. z 7 genotypami *Avena sterilis* L. na jedną tetradę przypadało średnio 1,17 mikrojąder.

Uwzględniając zaburzenia w metafazie I i anafazie I oraz częstotliwość mikrojąder w tetradach można stwierdzić, że najmniej stabilnym spośród badanych form był genotyp *Avena fatua* L. Podobnie McMullen i wsp. (1982) oraz Paczos-Grzęda (2002) obserwowali mniej regularną mejozę w *Avena sterilis* L. niż w liniach i odmianach *Avena sativa* L.

Tabela 1

Metafaza I i anafaza I w KMP oraz częstotliwość mikrojąder w tetradach mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. i form wyjściowych

Metaphase I, anaphase I and frequency of micronuclei in tetrads of interspecific hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Metafaza I Metaphase I					Anafaza I Anaphase I		% tetrad % of tetrads					Średnia liczba mikro- jąder w tetradzie Mean number of micro- nuclei per tetrad
	Biwalenty Bivalents				uniwalenty univalents	średnia liczba chromosomów opóźnionych mean number of lagging chromosomes	średnia liczba mostów chromatydowych mean number of chromatid bridges						
	pierścienie rings		pręty rods					bez mikro- jąder without micro- nuclei	z 1 mikro- jądrem with 1 micro- nucleus	z 2 mikro- jądra- mi with 2 micro- nuclei	z 3 mikro- jądra- mi with 3 micro- nuclei	z większą liczbą mikrojąder with higher number of micronuclei	
	liczba number	%	liczba number	%									
Borys	20,21	96,24	0,79	3,76	0,00	0,03	0,33	99,09	0,61	0,24	0,06	0,00	0,020
<i>Avena fatua</i>	18,45	88,92	2,30	11,08	0,06	0,14	0,41	96,24	1,78	0,94	0,73	0,31	0,067
Borys × <i>A. fatua</i>	20,28	96,57	0,72	3,43	0,00	0,06	0,30	97,99	0,76	0,58	0,59	0,08	0,041

Zarówno formy rodzicielskie, jak i mieszańce charakteryzowały się wysoką żywotnością pyłku (tab. 2). Najwięcej pyłku całkowicie wypełnionego cytoplazmą stwierdzono w mieszańcach *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. (99,07%). Testowane genotypy różniły się pod względem wielkości ziaren pyłku (tab. 2). Największe ziarna obserwowano u *Avena fatua* L. (57,72 μm × 51,65 μm), średnie u odmiany Borys (52,74 μm × 47,62 μm), a najmniejsze u mieszańców (48,67 μm × 43,52 μm). W badaniach Gornalla (1977) średnica ziaren pyłku u *Avena fatua* L. była większa o 2 μm niż u *Avena sativa* L. Według Katsiotisa i Forsberga (1995) wielkość ziaren pyłku w rodzaju *Avena* jest pozytywnie skorelowana z liczbą chromosomów. Wśród gatunków na tym samym poziomie ploidalności autorzy nie stwierdzili różnic.

Tabela 2

Żywotność i wymiary ziaren pyłku mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form wyjściowych
Viability and size of pollen grains in hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Pyłek żywotny Viable pollen grain		Pyłek nieżywotny Unviable pollen grains				Wymiary ziaren pyłku Size of pollen grains	
	całkowicie wypełniony cytoplazmą fully filled up with cytoplasm		częściowo wypełniony cytoplazmą partly filled up with cytoplasm		pusty not filled up with cytoplasm		średnia długość mean lenght (μm)	średnia szerokość mean width (μm)
	liczba number	%	liczba number	%	liczba number	%		
Borys	2930	97,67	8	0,26	62	2,07	52,74	47,62
<i>Avena fatua</i>	2963	98,77	22	0,73	15	0,50	57,72	51,65
Borys × <i>A. fatua</i>	2972	99,07	11	0,37	17	0,57	48,67	43,52

Brak zaburzeń w mejozie i wysoka żywotność pyłku mogą świadczyć o dobrej stabilności cytogenetycznej analizowanych mieszańców *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L.

Badane mieszańce różniły się istotnie od form rodzicielskich pod względem większości analizowanych cech ilościowych (tab. 3). Rośliny były wyższe o ok. 20 cm od formy matecznej. W badaniach Luby'ego i Stuthmana (1983) wysokość mieszańców z kombinacji *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. wahała się od 119 do 129 cm. Wydłużenie źdźbła w mieszańcach jest zjawiskiem niekorzystnym ze względu na zwiększenie podatności roślin na wyleganie. Jednym z kierunków nowoczesnej hodowli owsa jest skrócenie źdźbła poprzez wykorzystanie genów karłowatości (Milach i in., 1997).

W testowanych w pracy materiałach nie stwierdzono istotnych różnic pod względem krzewienia. Mieszańce wytwarzały średnio 4,5 pędów produkcyjnych, odmiana Borys 4,2 a *Avena fatua* L. 4,1. Według Górnego (2000) i Wojcieszkiej (1993) oraz Marshalla i Shanera (1992) cecha ta jest uwarunkowana genetycznie, ale jej ekspresja zależy w dużej mierze od czynników środowiska.

Wiechy mieszańców *Avena sativa* L. × *Avena fatua* L. miały średnio długość 22,9 cm i były istotnie dłuższe w porównaniu z odmianą mateczną oraz istotnie krótsze niż u gatunku ojcowskiego (rys. 2). Formy rodzicielskie charakteryzowały się niemal iden-

tyczną średnią liczbą kłosek w wiesze (62,1 i 62,8). Mieszańce różniły się istotnie pod tym względem od rodziców. W ich wiesze obserwowano średnio 48,3 kłosek. Według Nity (1999) w hodowli nowych odmian owsa należy dążyć do wydłużenia wiechy i zwiększenia liczby kłosek. Długość wiechy jest skorelowana z wysokością roślin (Marshall, Murphy, 1981).

Tabela 3

Wartości średnie niektórych cech ilościowych mieszańców *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. oraz form wyjściowych
Mean values of some quantitative traits in hybrids *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L. and the parental forms

Formy wyjściowe Mieszańce Parental forms Hybrids	Wysokość roślin Plant height (cm)	Liczba pędów produkcyjnych Productive tillering	Długość wiechy Panicle length (cm)	Liczba kłosek z wiechy Number of spikelets per panicle	Liczba ziarniaków z wiechy Number of kernels per panicle	Masa ziarniaków z wiechy Weight of kernels per panicle (g)	Płodność kłoska Fertility of spikelet	Masa 1000 ziarniaków 1000 kernels weight (g)	Zawartość białka ogółem w ziarnie z łuską Total protein content in kernel with husk (%)	Zawartość białka ogółem w ziarnie bez łuski Total protein content in kernel without husk (%)
Borys	108,7	4,2	19,6	62,1	111,9	3,48	1,81	31,4	10,20	14,70
<i>Avena fatua</i>	171,3	4,1	33,8	62,8	119,0	2,07	1,90	18,8	13,36	18,58
Borys × <i>A. fatua</i>	129,1	4,5	22,9	48,3	91,9	2,51	1,92	27,2	11,55	16,10
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	7,9	—	2,3	9,8	23,5	0,53	—	2,8	1,2	1,3

Porównując mieszańce z formami rodzicielskimi stwierdzono różnice pod względem liczby i masy ziarniaków z wiechy. Wiechy roślin mieszańcowych zawiązywały średnio 91,9 ziarniaków o masie 2,51 g. W formie ojcowskiej *Avena fatua* L. obserwowano istotnie więcej ziarniaków w wiesze (119), natomiast ziarniaki odmiany Borys charakteryzowały się istotnie wyższą masą (3,48 g).

O wartości użytkowej odmiany w dużym stopniu decyduje średnia płodność kłoska. Wartość tej cechy u wszystkich analizowanych form kształtowała się na zbliżonym poziomie i wahała się od 1,81 w odmianie Borys do 1,92 w mieszańcu. Z wcześniejszych badań wynika, że średnia masa ziarniaków zawiązanych w kwiatach pierwszo-, drugo- i trzeciorzędowych jest zróżnicowana (Takeda, Frey, 1980).

Masa tysiąca ziarniaków w testowanej kombinacji mieszańcowej wynosiła 27,2 g i była zdecydowanie wyższa w porównaniu z *Avena fatua* L., ale jednocześnie istotnie niższa aniżeli w odmianie matecznej Borys. Wśród analizowanych mieszańców były rośliny charakteryzujące się MTZ przekraczającą nie tylko wartość średnią dla odmiany, ale również wartości otrzymane dla najlepszych pojedynków w obrębie odmiany Borys.



Rys. 2. Wiechy (od lewej): *Avena sativa* L. cv. Borys, *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L., *Avena fatua* L.

Fig. 2. Panicles (from left): *Avena sativa* L. cv. Borys, *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L., *Avena fatua* L.

W porównaniu z odmianą Borys w mieszańcach stwierdzono istotny wzrost zawartości białka ogółem zarówno w ziarniakach z łuską, jak i pozbawionych łuski.

Średnia zawartość białka ogółem w ziarniakach obłuszczonych u mieszańców wynosiła 16,10%, natomiast w formie matecznej 14,70%. Wielu autorów zwraca uwagę na fakt, że zwiększanie zawartości białka ogółem w ziarnie owsa poprzez krzyżowania międzygatunkowe może prowadzić do pogorszenia jego właściwości agronomicznych (Takeda, Frey, 1979; Rakowska, 1990).

WNIOSKI

1. Pomimo niskiego poziomu polimorfizmu markerów RAPD metoda ta może mieć zastosowanie w badaniach molekularnych mieszańców międzygatunkowych owsa.
2. Regularna mejoza i wysoka żywotność pyłku świadczą o dobrej stabilności cytogenetycznej testowanych mieszańców międzygatunkowych *Avena sativa* L. cv. Borys × *Avena fatua* L.
3. Analizowany w pracy genotyp *Avena fatua* L. może być wykorzystany w programach hodowlanych mających na celu uzyskanie form charakteryzujących się wysoką zawartością białka w ziarnie.

LITERATURA

- Cavan G., Biss P., Moss S. R. 1998. Herbicide resistance and gene flow in wild-oats (*Avena fatua* and *Avena sterilis* ssp. *ludoviciana*). Ann. Appl. Biol. 133: 207 — 217.
- Dilkova M., Jellen E. N., Forsberg R. A. 2000. C-banded karyotypes and meiotic abnormalities in germplasm derived from interploidy crosses in *Avena*. Euphytica 111: 175 — 184.
- Frey K. J. 1986. Genetic resources and their use in oat breeding. In: Lawes D. A., Thomas H. (ed.). Proc. of the 2nd Int Oat Conf. 1985, Aberystwyth, U.K. 9 — 15.
- Gornall R. J. 1977. Notes on the size and exine ornamentation of *Avena* pollen grains. Can. J. Bot. 55: 2622 — 2629.
- Górny A. G. 2000. Genetyka cech morfologicznych owsa. IGR PAN, Poznań.
- Katsiotis A., Forsberg R. A. 1995. Pollen grain size in four ploidy levels of genus *Avena*. Euphytica 83: 103 — 108.
- Ladizinsky G. 1986. Genetic resources and their use in the breeding of oats. In: Lawes D. A., Thomas H. (ed.). Proc. of the 2nd Int. Oat Conf., Aberystwyth, U.K.: 52 — 53.
- Leggett J.M. 1996. Using and conserving *Avena* genetic resources. In: Proc. of. 5th Int. Oat Conf., Canada, 128 — 132.
- Leggett J.M. 1983. Chromosome relationships and morphological comparisons in the hybrids *Avena hybrida* × *A. sativa* and *A. hybrida* × *A. maroccana*. Can. J. Genet. Cytol. 25: 255 — 260.
- Leggett J.M. 1984. Morphology and metaphase chromosome pairing in three *Avena* hybrids. Can. J. Genet. Cytol. 26: 641 — 645.
- Loskutov I. G., Perchuk I. N. 2000. Evaluation of interspecific diversity in *Avena* genus by RAPD analysis. Oat Newslett 46.
- Luby J. J., Stuthman D. D. 1983. Evaluation of *Avena sativa* L. / *A. fatua* L. progenies for agronomic and grain quality characters. Crop Sci. 23: 1047 — 1052.
- Marshall H. G., Murphy C. F. 1981. Inheritance of dwarfness in three oat crosses and relationship of height to panicle and culm length. Crop. Sci. 21: 335 — 338.
- Marshall H. G., Shaner G. E. 1992. Genetics and inheritance in oat. 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.
- Milach S. C., Rines H. W., Phillips R. L., Stuthman D. D., Morikawa T. 1997. Inheritance of a new dwarfing gene in oat. Crop Sci. 38: 356 — 360.
- Milligan B. G. 1992. Plant DNA isolation. In: Molecular analysis of populations: a practical approach. IRL Press, Oxford, UK, 59 — 88.
- Nita Z. T. 1999. Stan aktualny i nowe kierunki hodowli owsa w Polsce. Żywność. Kwartalnik Polskiego Towarzystwa Technologów Żywności 6 (supl. 1): 186 — 192.
- Paczos-Grzęda E. 2002. Studia genetyczno-hodowlane nad mieszańcami heksaploidalnego owsa *Avena sativa* L. × *Avena sterilis* L. oraz formami rodzicielskimi. Praca doktorska. AR Lublin.
- Penner G. A., Chong J., Wight C. P., Molnar S. J., Fedak G. 1993. Identification of RAPD marker for the crown rust resistance gene *Pc68* in oats. Genome 36: 818 — 820.
- Rajhathy T., Thomas H. 1972. Genetic control of chromosome pairing in hexaploid oats. Nature New Biology 239: 217 — 219.
- Rakowska M. 1990. Znaczenie jakościowej hodowli roślin dla poprawy struktury pasz. Biul. IHAR 173/174: 5 — 16.
- Rines H. W., Stuthman D. D., Briggie L. W., Youngs V. L., Jedlinski H., Smith D. H., Webster J. A., Rothman P. G. 1980. Collection and evaluation of *Avena fatua* for use in oat improvement. Crop Sci. 20: 65 — 68.
- Sereno-Tavares M. J., Bodanese-Zanettini M., Carvalho F., Matsumara A. 1992. Variability in *A. sativa*, *A. sterilis* and their hybrids: morphologic, cytogenetic and electrophoretic evaluations. Proc. of the 4th Int. Oat Conf., Adelaide, South Australia: 93 — 94.

- Stalker H. T. 1980. Utilization of wild species for crop improvement. *Advances in Agronomy* No. 33: 111 — 147.
- Takeda K., Frey K. J. 1979. Protein yield and its relationship to other traits in backcross population in from an *A. sativa* × *A. sterilis* cross. *Crop Sci.* 19: 623 — 628.
- Takeda K., Frey K. J. 1980. Tertiary seed set in oats cultivars. *Crop Sci.* 20: 771 — 774.
- Thomas H. 1992. Cytogenetics of *Avena*. In: S. Segoe (ed.), *Oat science and technology*. American Society of Agronomy. Agronomy Monograph No. 33, Madison, WI, USA: 473 — 507.
- Thomas H., Al-Ansari N. 1980. Genotypic control of chromosome pairing in amphiploids involving the cultivated oat *Avena sativa* L. *Euphytica* 37: 37 — 45.
- Thomas H., Powell W., Aung T. 1980. Interfering with regular meiotic behaviour in *Avena sativa* as a method of incorporating the gene for mildew resistance from *A. barbata*. *Euphytica* 29: 635 — 640.
- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M. 1995. AFLP — a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl. Acids Res.* 23: 4407 — 4414.
- 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: 6531 — 6535.
- Wojcieszka U. 1993. *Fizjologia owsa*. W: J. Mazurek (red.) *Biologia i agrotechnika owsa*. IUNG Puławy, 53 — 94.
- Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple-sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20: 176 — 183.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie

Zmienność oraz zależność między plonem a cechami użytkowymi owsów oplewionych, nieoplewionych i wczesnych

Variability and correlation between grain yield and important traits in common, naked grain and mountain oats

Porównano zmienność i wzajemną zależność 9 cech: plonu ziarna z poletka, wysokości roślin, wczesności wiechowania, odporności na rdzę koronową, wylegania, masy 1000 ziaren, % łuski, % białka i % tłuszczu w 73 rodach owsa: oplewionego (ogólnoużytkowego), nagoziarnistych i wczesnych (górskich), badanych w trzech seriach doświadczeń polowych i laboratoryjnych. Wysoką plennością charakteryzowały się rody owsa oplewionego, niższą rody owsów górskich, najniższą nagoziarnistych. Stwierdzono wysoką zawartość białka i tłuszczu w ziarnie rodów owsa nagoziarnistego. Dużą zmiennością charakteryzowała się odporność na rdzę koronową rodów owsa badanych w 3 seriach oraz % łuski form nagoziarnistych. Stwierdzono ujemną korelację pomiędzy plonem a odpornością na rdzę koronową owsa, plonem a zawartością białka oraz pomiędzy plonem a wysokością form oplewionych.

Słowa kluczowe: owies oplewiony, nagoziarnisty, górski, zmienność, zależność

Variability and relationships between nine traits: grain yield per plot, plant height, earliness (days from 1V to heading), resistance to crown rust, resistance to lodging, weight of 1000 grains, hull content (%), protein content (%) and fat content (%) in the following oats: common, naked grain and early maturing (mountain oats) were evaluated in 3 series of field and laboratory experiments. The grain yields of common strains of oats were higher than those of early maturing and naked grain oats. The protein and fat contents were high in the kernel of naked grain oats. The resistance to crown rust of oat strains evaluated in 3 series as well as the content of hull in naked grain forms was found to be greatly variable. Negative correlation was observed between grain yield and the following traits: resistance to crown rust, content of protein (in all oats) and plant height in common forms of oats.

Key words: common oats, naked grain oats, mountain oats, variability, correlation

WSTĘP

Rosnące zainteresowanie nowymi odmianami owsa spowodowało wykształcenie trzech typów użytkowych owsa jarego: tzw. owies ogólnoużytkowy (oplewiony), nagoziarnisty

i wczesny „górski” (Nita, 1998). Wyhodowane formy są badane w doświadczeniach polowych w kilku miejscowościach celem oceny ich plenności oraz innych ważnych cech użytkowych. W 1998 roku przeprowadzono równoległe badania, w których porównano wartość hodowlaną i użytkową nowych rodów owsa oplewionego, nagoziarnistego i wczesnego. Doświadczenia przeprowadzono w ramach tzw. Zespołowych doświadczeń wstępnych w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych w trzech seriach. Uzyskane wyniki wskazują, że badane w tych doświadczeniach rody owsa różniły się znacznie zarówno plonem jak i cechami plonotwórczymi oraz jakościowymi. W literaturze opisano wyniki badań dotyczących plenności odmian owsa uprawianych zarówno w optymalnych do uprawy warunkach (Budzyński, 1998), jak i w trudnych górskich warunkach glebowo-klimatycznych (Król i in., 1980; Pizło i in., 1998; Krum i in., 1998). Autorzy wymienionych prac stwierdzili wysokie zróżnicowanie odmian ogólnoużytkowych i nagoziarnistych owsa pod względem plenności, cech struktury plonu, cech morfologicznych, odporności na choroby i wyleganie, odnotowali również wyższą zawartość białka i tłuszczu w ziarnie owsów nagoziarnistych. W innych pracach Wąs (1982), Sawicki (1984), Petr i wsp. (1966), Śmiałowski i wsp. (2002) opisują, oprócz dużej zmienności plonu i jego struktury również silną zależność plonu od elementów struktury plonu, a także porażenia chorobami i odporności na wyleganie. Znaczenie korelacji w hodowli zbóż podkreślają liczni badacze m.in. (Węgrzyn, 1985). Jednak niewiele badań podjęto nad korelacjami pomiędzy ważnymi cechami użytkowymi owsa (Wąs, 1982; Śmiałowski i in., 2002). Również istotnym ograniczeniem hodowli owsa może być niskie zróżnicowanie dostępnego materiału wyjściowego, o czym przestrzegają niektórzy badacze (Reazi i in., 1988).

Dlatego w niniejszej pracy w oparciu o wyniki doświadczeń z trzema seriami silnie zróżnicowanych morfologicznie odmian i rodów owsa podjęto się porównania zmienności oraz zależności pomiędzy cechami plonotwórczymi i jakościowymi. Uzyskane wyniki powinny dać odpowiedź na pytanie, jaką zmiennością charakteryzują się badane rody, a także czy wyhodowane w trzech kierunkach formy owsa przełamały niekorzystne korelacje pomiędzy plonem a ważnymi cechami użytkowymi.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły zróżnicowane morfologicznie rody i odmiany owsa badane w trzech seriach (A, B, C) doświadczeń zespołowych wstępnych w 1998 roku.

W serii A przeprowadzonej w miejscowościach Borów, Choryń (woj. Wielkopolskie), Polanowice, Wielopole (woj. Małopolskie) i Strzelce (woj. Łódzkie) badano 23 rody i dwie odmiany wzorcowe: Bajka i German, owsa oplewionego ogólnoużytkowego (biało- i żółtoziarnistego). W serii B przeprowadzonej w miejscowościach Choryń, Polanowice i Strzelce badano 34 rody owsa nagoziarnistego i odmiany wzorcowe: Akt — nieoplewioną i Santor — oplewioną). W serii C przeprowadzonej w miejscowościach; Wielopole i Łopuszna (woj. Małopolskie) badano 12 obiektów (10 rodów wczesnych oplewionych i 2 odmiany wzorcowe: Dukat i German). Doświadczenia zakładano w 4 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m². W trakcie wegetacji wykonano

obserwację terminów wiechowania, stopnia odporności na choroby: mączniaka, rdzę koronową i wyleganie (w 2 terminach). Wykonano pomiary wysokości roślin, a po zbiorze oznaczono masę 1000 ziaren oraz zbadano zawartość łuski, białka i tłuszczu w ziarnie owsa. Zawartość białka i tłuszczu w formach oplewionych i wczesnych analizowano w podczerwieni metodą NIR aparatem Infratec firmy Tekator, natomiast zawartość białka i tłuszczu w formach nieoplewionych odpowiednio metodą Kniehdahla i Sockshleta. Ocenie statystycznej poddano 9 cech: termin wiechowania, stopień odporności na rdzę koronową, wyleganie, wysokość roślin, plon ziarna z poletka, masę 1000 ziaren i % łuski z każdej serii. W serii A zawartość białka i tłuszczu badano w ziarnie z pięciu miejscowości, w serii B i C z dwóch miejscowości. Stosownie do założenia w oparciu o zebrane dane wykonano analizy statystyczne, które obejmowały obliczenie średnich ogólnych, współczynników zmienności oraz fenotypowych współczynników korelacji.

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono wysoką plenność rodów i odmian owsów oplewionych (64,5 dt/ha), znacznie słabiej plonowały rody wczesne (57,8 dt/ha), najslabiej formy nieoplewione owsa (55,8 dt/ha) (tab. 1).

Podobne wyniki uzyskali inni badacze (Bobrecka i in., 1998). Również w przypadku pozostałych badanych cech owies oplewiony prezentował się korzystniej od form nieoplewionych i wczesnych. Charakteryzował się krótszą słomą, wyższą odpornością na wyleganie i odpornością na porażenie rdzą koronową owsa (tab. 1). Na tym tle formy wczesne odróżniały się pozytywnie wyższą masą 1000 ziaren oraz wczesnością wiechowania, natomiast nieoplewione niską zawartością łuski, a wyższą tłuszczu i białka w ziarnie (tab. 1).

Zbliżone wyniki analiz zawartość białka i tłuszczu w ziarnie owsa nagoziarnistego uzyskał między innymi Krum i wsp (1998) oraz Pizło i wsp. (1998).

Przeprowadzone doświadczenia ujawniły silne zróżnicowanie niektórych cech owsa. Wysokim współczynnikiem zmienności ($CV = 130\%$) charakteryzowała się zawartość łuski u form nieoplewionych, która wahała się od 0,2 do 9% łuski (tab. 1). Rozkład tej cechy u nieoplewionych form owsa ilustruje rysunek 1. Większość rodów, bo aż 30 mieściło się w przedziale od 0,2 do 5,0% łuski (rys. 1). Rysunek 2 ilustruje liczebność nieoplewionych rodów w 9 klasach od 0–9% zawartości łuski. Większość rodów owsa grupowała się w klasie 0–1% łuski. Formy owsa oplewione i wczesne charakteryzowały się słabym zróżnicowaniem pod względem tej cechy (tab. 1). Wysokim zróżnicowaniem wszystkich badanych form owsa charakteryzował się stopień odporności na rdzę koronową owsa ($CV = 26,6\%$ dla form wczesnych, $33,8\%$ dla nieoplewionych i $34,1\%$ dla form oplewionych owsa) (tab. 1). Oznacza to, że w badanym materiale znajdowały się formy owsa zarówno bardzo odporne na rdzę koronową, jak i podatne (tab. 1). Stwierdzono również wysokie zróżnicowanie zawartości tłuszczu w ziarnie ($CV = 30,2\%$) (tab. 1) u form oplewionych owsa.

Tabela 1

Wartości, zakres i zmienność cech odmian i rodów owsa jarego ogólnoużytkowego, nagoziarnistego i wczesnego

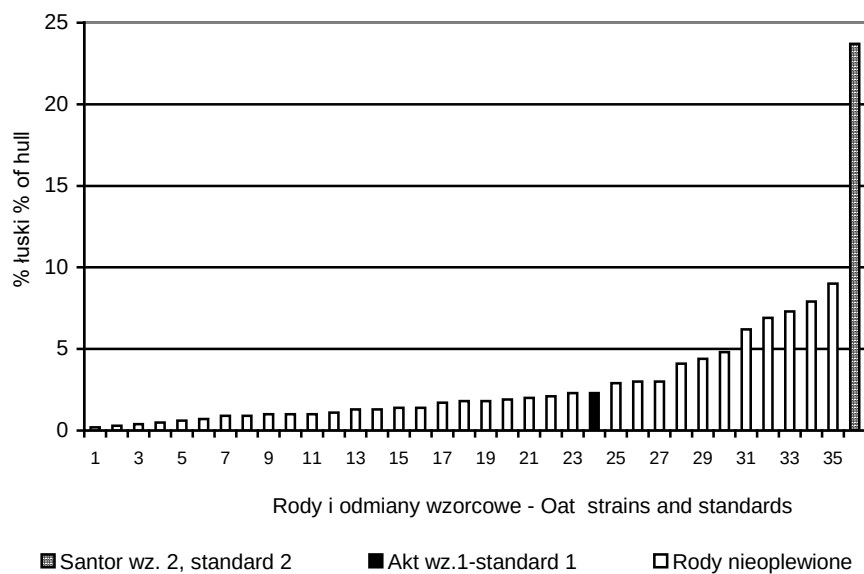
Value ranges and variability of the 9 traits in varieties and strains of common, naked grain and early maturity oats

Cechy Traits	Owies ogólnoużytkowy Common oat				Owies nagoziarnisty Naked-grain oat				Owies wczesny Early maturity oat			
	średnia mean	zakres range		CV(%)	średnia mean	zakres range		CV(%)	średnia mean	zakres range		CV(%)
		min.	max.			min.	max.			min.	max.	
Wczesność wyrzucania wiech (liczba dni od 1V do wiechowania) Heading of panicles (days from 1 st May to heading)	70	64	72	8,8	69,1	68	71	3,4	68,1	64,4	70,2	2,6
Wysokość roślin (cm) Plant height	95,6	80	108	7,1	103,2	93	114	16,3	100,3	94,1	106,8	3,9
Stopień odporności na porażenie rdzą koronową owsa *	7,4	3,6	8,8	34,1	5,3	3,8	8,7	33,8	5,9	4,3	8,5	26,6
Crown rust resistance *												
Stopień odporności na wyleganie* Lodging *	7,9	6,6	8,8	14,3	7,1	4,8	8,2	16,4	6,9	5,3	8,5	16,6
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)	36,4	34	41	8,2	27,6	22,5	32,1	14	39,6	37,7	45,4	5,9
Zawartość łuski Hull content (%)	23,9	22	28	10,8	2,5	0,2	9,0	130,3!	25	22,2	27,1	6,0
Zawartość białka Protein content (%)	12,5	12,2	12,9	2,1	14,3	13,5	16	7,5	12,4	11,9	12,8	2,0
Zawartość tłuszczu Fat content (%)	3,5	2,2	4,4	30,2	4,7	3,9	5,3	13,2	3,4	1,9	4,2	17,7
Plon ziarna Grain yield (dt/ha)	64,5	61	73	9,9	55,8	44	66	22,4	57,8	52,9	60,1	4,2

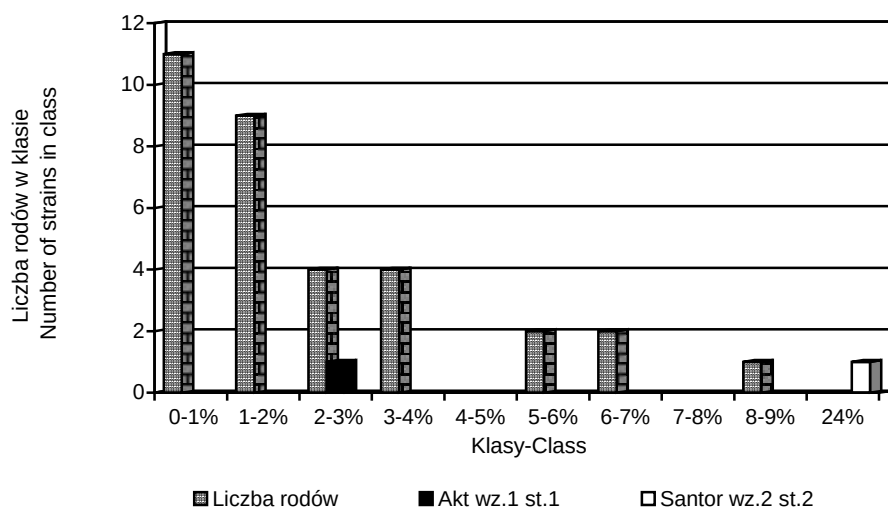
*Skala 9 stopniowa: 9 — Odporny, — Podatny

* 9 grade scale: 9 — Resistant, 1 — Susceptible

U form nieoplewionych i wczesnych zmienność zawartości tłuszczu w ziarnie była o połowę niższa (13,2–17,7%) (tab. 1). Zbliżone wyniki analiz biochemicznych owsa opisują autorzy innych prac Aman (1987), Petterson i wsp. (1996). Pod względem plenności ziarna wysoką zmiennością charakteryzowały się tylko formy nieoplewione owsa (CV = 22,4%). Pozostałe cechy: wysokość roślin, wczesność wyrzucania wiech, masa 1000 ziaren i zawartość białka u form oplewionych, wczesnych i nagoziarnistych były słabo zróżnicowane (tab. 1). Spostrzeżenia te potwierdzają wcześniejsze badania Rezai i wsp. (1988), którzy sugerują, żeby w celu poszerzenia zmienności niektórych cech materiałów hodowlanych, obok krzyżowania i indukowania mutacji, sięgnąć do odległych morfologicznie i botanicznie form owsów.



Rys. 1. Rozkład % łuski u rodów owsa nieoplewionego
Fig. 1. Hull content in naked grain strains of oat



Rys. 2. Liczba rodów w klasach 0,2–24% łuski
Fig. 2. Number of strains within percentage classes for hull content

W tabeli 2 i 3 zestawiono współczynniki korelacji fenotypowych pomiędzy badanymi cechami. Stwierdzono na ogół niskie wartości współczynników korelacji pomiędzy plonem a badanymi cechami (tab. 2). Spośród nich wyróżnia się korelacja pomiędzy wysokością roślin a plonem $r = -0,44^*$ u form ogólnoużytkowych owsa (tab. 2). Ujemna wartość tego współczynnika oznacza, że w badanym materiale przeważały niższe, ale plenne formy owsa oplewionego. Zatem na tej podstawie można przypuszczać, że przełamano niekorzystną korelację pomiędzy plonem a wysokością roślin owsa, cechą, która wcześniej bezpośrednio była przyczyną słabej odporności na wyleganie odmian owsa (Nita, 1998).

Tabela 2

Korelacja pomiędzy cechami a plonem u owsów ocenianych w serii doświadczeń A (ogólnoużytkowych), B (nagoziarnistych) i C (wczesnych)
Correlation between the traits and yields in oats evaluated in experiment series A (common oat), B (naked grain oat) and C (early maturing)

Cechy Traits	Współczynniki korelacji pomiędzy cechami a plonem Coefficient of correlation between the traits and grain yield		
	A	B	C
Wczesność wyrzucania wiech (liczba dni od 1 V do wiechowania) Heading of panicles	-0,05	-0,18	0,54
Wysokość roślin (cm) Plant height	-0,44**	-0,09	0,31
Porażenie rdzę koronową owsa (skala 1–9) Crown rust infection(scale 1–9)	-0,36	-0,32*	-0,66**
Stopień odporności na wyleganie (skala 1–9) Lodging (scale 1–9)	0,17	0,33*	0,31
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	0,06	-0,05	0,30
Zawartość łuski Hull content	0,001	0,39*	0,15
Zawartość białka Protein content	-0,22	-0,39*	-0,41
Zawartość tłuszczu Fat content	0,001	-0,22	-0,47

*, **Istotne dla $P = 0,05$, Istotne dla $P = 0,01$

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

A — Ogólnoużytkowe formy owsa; Common oat

B — Owies nagoziarnisty; Naked grain oat

C — Wczesne formy owsa, Early maturing oats

W tej tabeli na uwagę zasługuje jeszcze jedna istotnie korzystna zależność plonu od odporności na wyleganie ($r = 0,32^*$), którą odnotowano tylko u owsów nagoziarnistych (tab. 2).

Ważnym celem prac hodowlanych u owsa jest podniesienie odporności na rdzę koronową owsa. Wysoka odporność na choroby, a szczególnie rdzę koronową owsa powinna przyczynić się do podniesienia plonu, a szczególnie zdrowotności ziarna owsa. Jednak niektórzy badacze (Sebesta i in., 1975) nie wiążą wysokiej plenności owsa z odpornością na rdzę koronową. W pewnym stopniu badania te pokrywają się z prezentowanymi wynikami, formy owsa o wyższym stopniu odporności na rdzę koronową plonowały słabiej. Ilustracją wspomnianej tezy w tej pracy są ujemne korelacje pomiędzy odpornością

na rdzę koronową owsa a plennością we wszystkich trzech seriach doświadczeń. Zależności te kształtują się następująco: u form oplewionych $r = -0,36$, nagoziarnistych $r = -0,32^*$, a u form wczesnych $r = -0,66^{**}$ (tab. 2). Również niekorzystną, ujemną korelację obserwujemy pomiędzy plennością a zawartością białka u form owsa badanych w trzech seriach doświadczeń $r_A = -0,22$, $r_B = -0,39^*$, $r_C = -0,41$ (tab. 2). Podobną niekorzystną, ujemną zależność pomiędzy plonem a zawartością tłuszczu stwierdzono dla form nagoziarnistych $r_B = -0,22$ i wczesnych $r_C = -0,47$ (tab. 2).

Inną charakterystyczną cechą owsa jest wysoki udział łuski w ziarnie. Prowadzone prace hodowlane przyczyniły się do obniżenia zawartości łuski u nieoplewionych odmian owsa, jednak u tych form spowodowało to silny spadek plenności. Zjawisko to potwierdza niekorzystny współczynnik korelacji $r = 0,39^*$ pomiędzy zawartością łuski a plonem ziarna u form nieoplewionych (tab. 2). Zatem przełamywanie niekorzystnych korelacji pomiędzy plonem a obłuszczeniem ziarna u form nieoplewionych powinno stanowić nadal ważny cel prowadzonych zabiegów hodowlanych.

W tabeli 3 zestawiono niektóre współczynniki korelacji pomiędzy ważnymi cechami plonotwórczymi i jakościowymi. Okazało się, że występuje niekorzystna zależność pomiędzy wysokim porażeniem rdzą koronową a zawartością białka w trzech seriach doświadczeń (tab. 2). Z tego względu nadal powinny być prowadzone prace w kierunku poprawienia odporności na rdzę koronową owsa. Inne niekorzystne korelacje obserwujemy pomiędzy zawartością białka i tłuszczu u oplewionych form $r_A = -0,22$ i wczesnych $r_C = -0,40$ (tab. 3).

Tabela 3

Wybrane współczynniki korelacji pomiędzy cechami jakościowymi a plonotwórczymi owsów badanych w serii doświadczeń A (ogólnoużytkowych), B (nagoziarnistych) i C (wczesnych)
Selected coefficients of correlation between the qualitative traits and yield forming traits in oats evaluated in experiment series A (common oat), B (naked oat) and C (early maturing oat)

Cechy Traits	Seria Series	Zawartość łuski Hull content	Zawartość tłuszczu Fat content	Stopień porażenia rdzą koronową Crown rust infection	Wczesność wiechowania Heading of panicles
Zawartość białka Protein content	A	-0,02	-0,22	0,36	-0,34
	B	-0,72*	0,50*	0,38*	-0,02
	C	0,05	-0,40	0,51	-0,41
Zawartość łuski Hull content	A		-0,02	-0,34	0,56
	B		-0,72**	-0,31*	0,17
	C		0,05	-0,43	0,57*
Zawartość tłuszczu Fat content	A			-0,23	0,02
	B			0,06	-0,03
	C			0,12	-0,18

*, **Istotne dla $P = 0,05$, Istotne dla $P = 0,01$

*, **Significant at $P = 0,05$ and $0,01$, respectively

Tylko u form nieoplewionych owsa odnotowano korzystną korelację $r_B = 0,50^*$ pomiędzy zawartością białka a zawartością tłuszczu w ziarnie (tab. 3). Przedstawione zależności pomiędzy cechami plonotwórczymi a plonem u form oplewionych potwierdzają prace Śmiałowskiego i wsp. (2002). Dokładna analiza genetyczna dokonana przez Petra

i wsp. (1996) oraz Śmiałowskiego i wsp. (2002) sugerują silne genetyczne podłoże zależności pomiędzy plonem a jego elementami składowymi.

Zatem sukces hodowlany powinien być poprzedzony wcześniejszymi badaniami genetycznymi, obejmującymi określenie sposobów działania genów, a także zbadanie odziedziczalności oraz współzależności cech warunkujących wysoki plon ziarna oraz jego jakość.

WNIOSKI

1. Wysokim potencjałem plonowania charakteryzował się owies oplewiony i wczesny, słabiej natomiast plonował owies nieoplewiony.
2. Formy nieoplewione charakteryzowały się wysoką zawartością tłuszczu i białka oraz niską zawartością łuski.
3. Stwierdzono wysokie zróżnicowanie odporności na rdzę koronową owsa w przypadku wszystkich badanych serii, zawartości tłuszczu u form oplewionych oraz zawartości łuski u form nieoplewionych.
4. Nadal powinny być prowadzone prace zmierzające do poprawienia odporności na rdzę koronową owsa ze względu na gorszą jakość ziarna owsa porażonego tą chorobą.
5. Stwierdzono brak istotnego związku pomiędzy wysoką zawartością tłuszczu w ziarnie a plonem ziarna u owsa oplewionego. Oznacza to, że zabiegi hodowlane prowadzone w kierunku podwyższenia plenności nie powinny pogarszać korzystnego poziomu tego ważnego składnika pokarmowego.
6. Należy nadal poszukiwać nowych źródeł genetycznych, które przełamią niekorzystną korelację pomiędzy plonem a zawartością białka w użytkowych odmianach owsa.

LITERATURA

- Aman P. 1987. The variation in chemical composition of Swedish oats. *Acta Scand.* 37: 347.
- Budzyński W. 1998. Reakcja owsa na czynniki agrotechniczne — przegląd wyników badań krajowych. *Żywność, Nauka, Technologia, Jakość. Supl. 1 (18):* 11 — 25.
- Król J., Piróg H. 1980. Zdolność plonowania odmian uprawnych i populacji miejscowych owsa w kolekcji zlokalizowanej na Gubałowie w Zakopanem. *Biul. IHAR* 141: 31 — 47.
- Krum P., Piech M., Łukaszewski Z. 1998. Porównanie składu chemicznego i wartości pokarmowej owsa nieoplewionego i oplewionego. *Żywność, Nauka, Technologia, Jakość. Supl. 1 (18):* 253 — 259.
- Petterson A., Lindberg, J. E., Thomke S., Eggum B. O. 1996. Nutrient digestibility and protein quality of oats differing on chemical composition evaluated in rats and by *in vitro* technique. *Anim. Feed Sci. Technol.* 62: 203.
- Petr F. C., Frey K. J. 1966. Genotypic correlation, dominance, and heritability of quantitative characters in oats. *Crop Sci.* vol.: 259 — 280.
- Pizło H., Bobrecka-Dorota J., Tobiasz-Salach R. 1998. Skład chemiczny nowych rodów owsa uprawianego w warunkach Beskidu Niskiego. *Żywność, Nauka, Technologia, Jakość. Supl. 1 (18):* 142 — 146.
- Nita Z. 1988. Stan aktualny i nowe kierunki hodowli owsa w Polsce. *Żywność, Nauka, Technologia, Jakość. Supl. 1 (18):* 186 — 192.
- Rezai A., Frey K. J. 1988. Variation and relation to geographical distribution of wild oats (*Avena sativa*. L). *Euphytica* 33: 407 — 413.

- Sawicki J. 1984. Struktura plonu u odmian i rodów owsa oraz udział jej komponentów w kształtowaniu plonu ziarna. *Agraria*. at *Silvestra*. Vol. XXIII: 59 — 77.
- Sebesta J., Kryzanek R. 1975. Influence of rusts on the oat grain and straw composition. *Acta Inst. Bot. Acad. Slovaca*; ser. B. I: 189 — 201.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2002. Zmienność, zależność i genetyczne uwarunkowanie ważnych cech u rodów i odmian owsa (*Avena sativa* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 186 — 194.
- Wąs L. 1982. Ocena różnych form owsa zgromadzonych w kolekcji roboczej z punktu widzenia ich przydatności dla hodowli. *Biul. IHAR* 147: 105 — 123.
- Węgrzyn S. 1983. Znaczenie korelacji w hodowli roślin. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 290: 15 — 21.

MARIA MOŚ**ANDRZEJ ZIELIŃSKI**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza w Krakowie

Podatność nagich i oplewionych ziarniaków owsa na uszkodzenia mechaniczne

Susceptibility of hull-less and husked oat seeds to mechanical damage

Określono podatność ziarna nagoziarnistych odmian owsa: Akt, Cacko, Polar i rodu STH 4659 oraz odmian oplewionych Bajka i Skrzat na uszkodzenia mechaniczne wywołane omlotem przy dwóch prędkościach obrotowych zespołu młócącego: 780 i 1760 obr./minutę. Kontrolę stanowiły ziarniaki młócone ręcznie w tym samym terminie. Oznaczono makrouszkodzenia dla ziarniaków odmian nagoziarnistych uwzględniając uszkodzenia zarodka, uszkodzenia bielma oraz części ziarniaków. Najliczniejszą grupę stanowiły ziarniaki z makrouszkodzeniami zarodka i bielma, które wynosiły odpowiednio 9,1 i 8,9% przy wysokich obrotach. Dla odmian nagoziarnistych i oplewionych oznaczono mikrouszkodzenia stosując płyn Lugola. Wyróżniono mikrouszkodzenia zlokalizowane na zarodku, bielmie oraz jednocześnie na zarodku i bielmie. Odmiany oplewione charakteryzowały się 2–3-krotnie niższym procentem uszkodzeń. U odmian nagoziarnistych uszkodzenia bielma przyjmowały wysokie wartości w zakresie 29,1–31,0%. U odmian tych zaznaczył się wpływ prędkości obrotowej, której wzrost zwiększył procentowy udział ziarniaków z uszkodzonym zarodkiem z 13,7% przy 780 obr./min. do 31,3% przy 1760 obr./min.

Słowa kluczowe: owies nagoziarnisty, owies oplewiony, uszkodzenia mechaniczne

The susceptibility of seeds of hull-less oat cultivars (Akt, Cacko, Polar and STH 4659 line) and husked cultivars (Bajka and Skrzat) to mechanical damage caused by mechanical threshing at two rates: 780 and 1760 rpm was investigated. Control seeds were threshed manually at the same time. Macrodamage caused to the hull-less oat seeds was determined taking into consideration the embryo damage, the endosperm damage, and pieces of the seeds. The seeds with the embryo macrodamage and those with the endosperm macrodamage, accounting at high rotary rate for 9.1% and 8.9%, respectively, made the most numerous group. Microdamage done to the hull-less and husked oat seeds was determined using Lugol's solution. The embryo microdamage, the endosperm microdamage, and the embryo and endosperm microdamage were distinguished. The percentage of damaged seeds in husked cultivars was 2–3 times lower than that in hull-less cultivars. In the latter, the endosperm damage acquired high values, ranging from 29.1% to 31.0%. These cultivars were found to be affected by rotary rate, a rise in which resulted in increasing the percentage of seeds with damaged embryos from 13.7% at 780 rpm to 31.3% at 1760 rpm.

Key words: husked oat, hull-less oat, mechanical damage

WSTĘP

W ostatnich latach do Rejestru Odmian wpisano pierwsze odmiany nagoziarniste owsa (Akt — 1997 i Cacko — 2000), które wnoszą zupełnie nową jakość dzięki niskiej zawartości włókna oraz dużej koncentracji białka i tłuszczu. Jednocześnie odmiana Akt po trzech latach od wpisania do Rejestru osiągnęła duży udział w produkcji nasiennej osiągając 18,7% w kwalifikacji polowej plantacji nasiennych owsa (Sułek i in., 2001). Ziarniaki odmian nagoziarnistych owsa według Peltonen-Sainio i wsp. (2001), podobnie do innych gatunków (Mosjidis, 1991; Binek i Moś, 1993; Binek, 1995) mogą być narażone podczas zbioru i omłotu na uszkodzenia mechaniczne w większym stopniu w porównaniu do odmian oplewionych. Uszkodzenia te obniżają zdolność kiełkowania, żywotność (Valentine, Hale, 1990) i siłę wzrostu (Młodzianowska i in., 1982) oraz zwiększają również podatność na infekcje grzybowe. Gieroba i wsp. (1988) wśród czynników wpływających na uszkodzenia mechaniczne zwrócił uwagę na właściwości biologiczne i fizyczne badanego materiału oraz parametry techniczno-technologiczne zespołu omłotowego uznając prędkość omłotową bębna młocącego za najistotniejszą przyczynę uszkodzeń mechanicznych.

Badania miały na celu oznaczenie rodzaju i lokalizacji uszkodzeń mechanicznych występujących podczas omłotu u ziarniaków owsa odmian nagoziarnistych i oplewionych.

MATERIAŁ I METODY

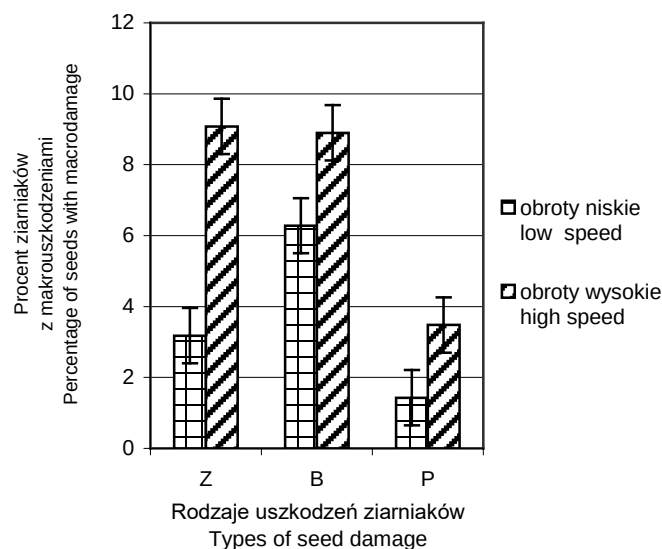
Badania przeprowadzono dla odmian nagoziarnistych owsa: Akt, Cacko, Polar i rodu STH 4659 oraz odmian oplewionych Bajka i Skrzat. Materiał do badań zbierano z doświadczenia polowego założonego w 2002 roku w SD Prusy k. Krakowa. Zbiór wykonano w 5 terminach w odstępach 2–3 dni w fazie pełnej dojrzałości. Bezpośrednio po zbiorze wykonano omłot na młocarni do pojedynków. Zastosowano dwie prędkości obrotowe 780 i 1760 obr./minutę, które można było uzyskać w tego typu młocarni. Próby kontrolne młócono ręcznie w tym samym terminie. Ziarniaki przesiano na sitach o średnicy 1,7 mm. Oznaczono masę 1000 ziaren oraz procentowy udział plewek u odmian oplewionych. Makrouszkodzenia oznaczono dla odmian nagoziarnistych w 2 powtórzeniach po 100 ziarniaków. Wyodrębniono ziarniaki z uszkodzonym zarodkiem (Z), bielmem (B) oraz ziarniaki połamane (P). Mikrouszkodzenia określono dla odmian nagoziarnistych i oplewionych, pozbawiając je wcześniej plewek. Ziarniaki zanurzano na około 15 minut w 2% płynie Lugola. Oznaczenia wykonano dla 50 ziarniaków w 2 powtórzeniach dla każdej odmiany z 5 terminów zbioru. Wyróżniono mikrouszkodzenia zarodków (Z), bielma (B), oraz mikrouszkodzenia występujące jednocześnie na zarodku i bielmie ziarniaków (ZBC). Oznaczono procentowy udział poszczególnych rodzajów uszkodzeń. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie. Obliczono trzy czynnikowe analizy wariancji w układzie niezależnym, w których uwzględniono prędkość obrotową, odmianę i rodzaj uszkodzeń. Terminy zbioru w obliczeniach potraktowano jako bloki. Ponieważ występowanie uszkodzeń i rozkład błędów były różne, analizę opracowano oddzielnie dla 4 odmian nagoziarnistych i 2 odmian oplewionych.

WYNIKI I DYSKUSJA

W badaniach uszkodzeń mechanicznych uwzględnia się wiele cech morfologicznych, anatomicznych i fizycznych nasion. Zwraca się uwagę na wielkość i kształt nasion, twardość, oplewienie, budowę i grubość okryw nasiennych i ich wilgotność podczas zbioru. Różna zawartość wody wpływa na zmienne plastyczności ziarna. W wielu pracach podawany jest optymalny zakres wilgotności dla różnych gatunków, który pozwala zminimalizować liczbę uszkodzeń. Według Strzeleckiego (1990) dla pszenżyta zakres optymalnej wilgotności wynosi 13–16%, dalszy spadek do poziomu około 11% powoduje gwałtowny wzrost liczby uszkodzeń. Według Ślipka (1987) ziarno pod wpływem obciążeń zachowuje się jak ciało lepko-sprężysto-plastyczne i w zakresie odkształceń plastycznych następują zmiany w czasie. Dla pszenic jarych i ozimych optymalny zakres wilgotności ograniczający uszkodzenia mechaniczne wynosi 17-19% (Ślipek, 1987). W przeprowadzonych badaniach średnia wilgotność ziarniaków owsa w kolejnych terminach zbioru wahała się od 15,7 do 10,9%. W ostatnim terminie, który wykonano po opadach wilgotność ziarna wzrosła do 17,4%. Wystąpiło również istotne zróżnicowanie wilgotności ziarniaków pomiędzy odmianami, które wskazuje na różne tempo dojrzewania ziarniaków. Najwyższą średnią wilgotnością charakteryzowała się nagoziarnista odmiana Akt (18,3%), natomiast ród STH 4659 uzyskiwał średnio o 7,4% niższą wilgotność. U odmian oplewionych spadek wilgotności był wolniejszy, średnia wilgotność u tych odmian wahała się od 15,2 do 15,8%. Można przypuszczać, że ten zakres wilgotności nie miał znaczącego wpływu na występowanie uszkodzeń mechanicznych.

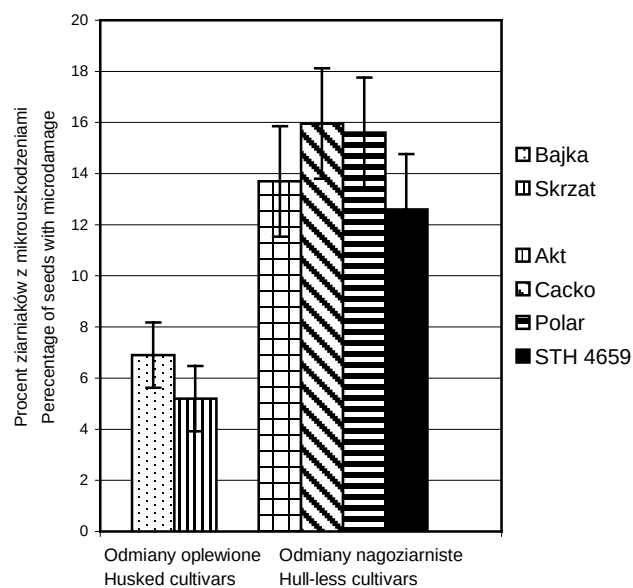
Według Gieroby i wsp. (1988) ziarniaki dłuższe i bardziej pomarszczone są bardziej podatne na uszkodzenia mechaniczne. Peltonen-Sainio i wsp. (2001) wykazali również podobną zależność pomiędzy wielkością i kształtem nagoziarnistych odmian owsa a uszkodzeniami mechanicznymi ziarniaków. Jednak w tych samych badaniach ziarniaki bardzo odpornej na uszkodzenia odmiany nagoziarnistej owsa Lisbeth charakteryzowały się największą długością, najmniejszą średnicą, a jednocześnie najniższą masą. Użycie w badaniach ziarniaków owsa jednej frakcji pozwoliło na częściowe wyeliminowanie wpływu wielkości ziarniaków na uszkodzenia mechaniczne. Jednak badane odmiany istotnie różniły się masą 1000 ziaren, która u odmian oplewionych wahała się od 34,0 do 37,5g, a średni procent plewek wynosił 26,7–32,0%. Odmiany nagoziarniste posiadały istotnie niższą masę 1000 ziaren: odmiana Akt i ród STH 4659 25,9, odmiany Cacko i Polar 28,3 i 29,6g.

Makrouszkodzenia oznaczono tylko dla odmian nagoziarnistych. Ich zawartość w badanych próbach była niska, przyjmowała wartości poniżej 10%. Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie szybkości obrotów, rodzajów uszkodzeń oraz ich współdziałanie (rys. 1). Najliczniejszą grupę stanowiły ziarniaki z makrouszkodzeniami zarodka i bielma, która wynosiła odpowiednio 9,1 i 8,9% przy wysokich obrotach. Niezależnie od szybkości obrotów u wszystkich odmian najmniej liczną grupę stanowiły ziarniaki połamane, które podczas doczyszczania znalazły się we frakcji poniżej 1,7 mm. Zwiększenie prędkości obrotowej maszyny młócącej z 780 do 1760 obr./min spowodowało wzrost uszkodzeń z 3,6 do 7,1%.



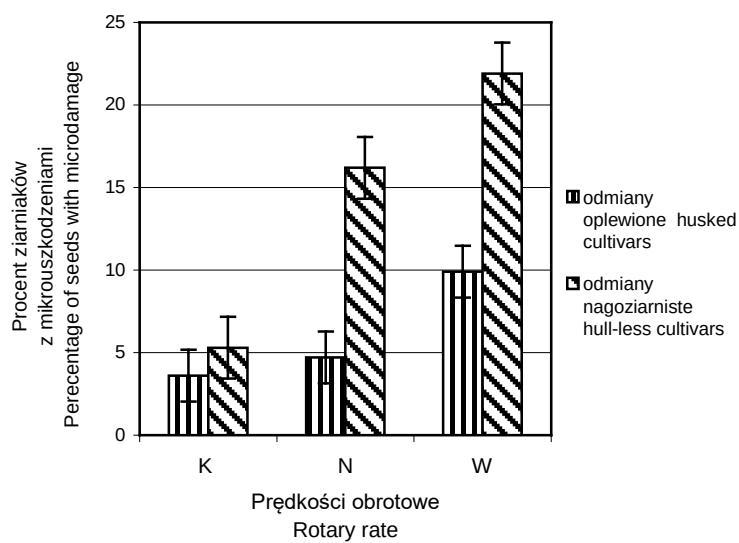
Rys. 1. Wpływ prędkości obrotowej (N — 780 obr./min, W — 1760 obr./min) na lokalizację makrouszkodzeń ziarniaków nagoziarnistych odmian owsa (Z — zarodek, B — bielmo, P — połamane)
Fig. 1. The effect of the rotary rate (N — 780 rpm, W — 1760 rpm) on the location of macrodamage caused to hull-less oat seeds (Z — embryo, B — endosperm, P — broken)

Znacznie liczniejszą grupę stanowiły mikrouszkodzenia zarodków oraz bielma odmian nagoziarnistych. Mikrouszkodzenia występujące jednocześnie na zarodku i bielmie przyjmowały niskie wartości, poniżej 10% u odmian nagoziarnistych i oplewionych niezależnie od prędkości obrotowej. W badaniach zwrócono uwagę na różnice w reakcji odmian owsa na mikrouszkodzenia owsa podczas omłotu wynikające z oplewienia lub braku plewek u ziarniaków. Odmiany oplewione charakteryzowały się istotnie niższym procentem ziarniaków z mikrouszkodzeniami (rys. 2). Analiza statystyczna wykazała istotny wpływ prędkości obrotowej maszyny młócącej na procent ziarniaków z mikrouszkodzeniami u odmian nagoziarnistych i oplewionych (rys. 3). U odmian nagoziarnistych procent uszkodzeń był 2–3 krotnie wyższy. Wystąpiły również istotne różnice rodzajów mikrouszkodzeń oraz istotny wpływ prędkości obrotów na zróżnicowanie rodzajów mikrouszkodzeń u odmian nagoziarnistych (rys. 4). Nie stwierdzono natomiast istotnego zróżnicowania odmian. Części składowe ziarniaków: zarodek, bielmo, okrywa owocowo-nasienna mają różną strukturę wewnętrzną, która może wpływać na występowanie różnych typów uszkodzeń.



Rys. 2. Wpływ oplewienia odmian na mikrouszkodzenia ziarniaków owsa

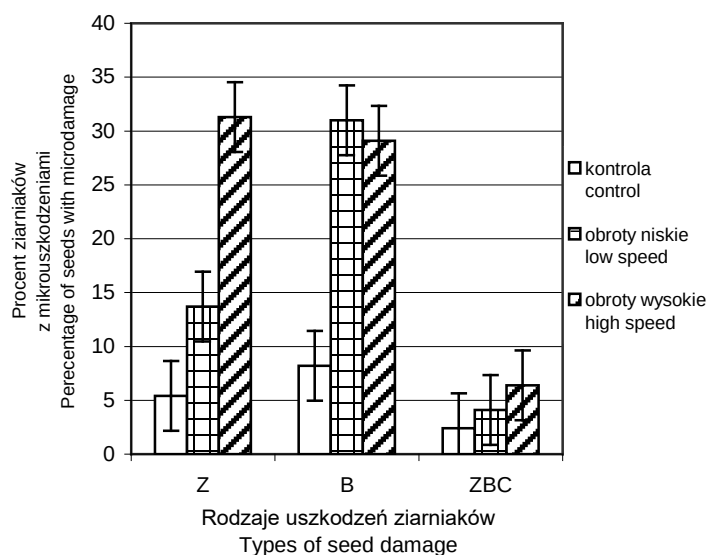
Fig. 2. The effect of husking on the microdamage caused to oat seeds



Rys. 3. Wpływ prędkości obrotowej na rodzaje mikrouszkodzeń nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa

Fig. 3. The effect of the rotary rate on the type of microdamage caused to hull-less and husked oat seeds

Najgroźniejszymi, powodującymi obniżenie wigoru są uszkodzenia zarodka (Grzesiuk, Kulka, 1988), na które istotny wpływ miała prędkość obrotów maszyny omlotowej. Również brak plewek oraz ułożenie zarodka w ziarniaku mogło być jedną z przyczyn tego rodzaju uszkodzeń. Peltonen-Sainio i wsp. (2001) badając zdolność kiełkowania i wigor ziarniaków owsa odmian oplewionych i nagoziarnistych oznaczył parametry „wystawiania” zarodków z ziarniaków. W badaniach tych wykazał istotne różnice parametrów „wystawiania” zarodków pomiędzy odmianami, jednak nie wykazał ich bezpośredniego związku z uszkodzeniami mechanicznymi podczas omlotu.



Rys. 4. Wpływ prędkości obrotowej (K — kontrola, N — 780 obr./min, W — 1760 obr./min) i oplewienia na lokalizację mikrouszkodzeń ziarniaków owsa (Z — zarodek, B — bielmo, ZBC — jednocześnie na zarodku i bielmie)

Fig. 4. The effect of the rotary rate (K — control, N — 780 rpm, W — 1760 rpm) and husking on the location of microdamage caused to oat seeds (Z — embryo, B — endosperm, ZBC — embryo and endosperm)

Najwyższy procentowy udział stanowiły uszkodzenia bielma u odmian nagoziarnistych. Prędkość obrotów nie miała dużego wpływu na ten rodzaj uszkodzeń (rys. 4). Tendencja do uszkodzenia bielma podczas omlotu związana jest z twardością ziarniaków. Badania takie zostały przeprowadzone dla pszenicy (Pomeranz i in., 1988). Ziarniaki o większej twardości są bardziej podatne na uszkodzenia mechaniczne. Uszkodzenia bielma u owsa były podobne u wszystkich odmian nagoziarnistych, ich procentowy udział wahał się od 21,0 do 24,6%, podczas gdy u odmian oplewionych był znacznie niższy od 4,8 do 9,0%. Znaczną rolę w ograniczeniu tego rodzaju uszkodzeń można również przypisać występowaniu plewy.

WNIOSKI

1. Odmiany oplewione charakteryzowały się istotnie wyższą odpornością na uszkodzenia mechaniczne ziarniaków. Wzrost prędkości obrotowej z 760 obr./min. do 1780 obr./min. wpłynął istotnie na zwiększenie uszkodzeń ziarniaków jednak wartości średnie nie przekraczały 10%.
2. U odmian nagoziarnistych stwierdzono istotny wpływ prędkości obrotowej na zróżnicowanie rodzajów uszkodzeń ziarniaków.
3. Wysokie obroty wpłynęły istotnie na wzrost uszkodzeń zarodka z 13,7% przy niskich obrotach do 31,3% przy wysokich obrotach. Uszkodzenia bielma przyjmowały wysokie wartości (29,1–31,0%) niezależne od prędkości obrotów.
4. Nie stwierdzono istotnego wpływu odmian na rodzaj i procent uszkodzeń mechanicznych ziarniaków w obrębie odmian oplewionych i nagoziarnistych.

LITERATURA

- Binek A. 1995. Selection for hulled and unhulled seeds in timothy (*Phleum pratense* L.) and its effect on seeds value. Proceeding-Yield and quality in herbage seed production. Third Int. Herbage Seed Conf.: 151 — 154.
- Binek A., Moś M. 1993. Analiza źródeł zmienności zdolności kiełkowania ziarniaków tymotki łąkowej. Biul. IHAR 188: 249 — 253.
- Gieroba J., Nowak J., Dreszer K. 1988. Wpływ wybranych czynników na uszkodzenia i biologiczną wartość ziarna zbieranego kombajnem. Post. Nauk Roln. 4: 31 — 50.
- Grzesiuk S., Kulka K. 1988. Biologia ziarniaków zbóż. PWN, Warszawa.
- Młodzianowska D., Binek A., Hermanowicz-Jędrzyak M. 1982. Wpływ mechanicznych uszkodzeń ziarna pszenicy na wybrane wskaźniki wartości siewnej. Acta Agr. et Silv. ser. Agraria vol. XXI: 203 — 215.
- Mosjidis J. A. 1991. Effect of hull removal, storage condition, and genotype on germination of *Sericea lespedeza* seed. Seed Sci. Technol. 19: 623 — 625.
- Peltonen-Sainio P., Muurinen S., Vilppu M., Rajala A., Gates F., Kirkkari A. M. 2001. Germination and grain vigour of naked oat in response to grain moisture at harvest. Journal of Agric. Sci., Cambridge. 137: 147 — 156.
- Pomeranz Y., Czuchajowska Z., Shogren M. D., Rubenthaler G. L., Bolte L. C., Jetters H. C., Mattern P. J. 1988. Hardness and functional (bread and cookies making) properties of US wheats. Cereal Foods World. 33: 297 — 304.
- Strzelecki A. W. 1990. Uszkodzenia nasion i niedomłoty pszenżyta ozimego w zależności od odmiany i warunków zbioru kombajnem. Biul. IHAR. 173/174: 211 — 218.
- Sulek A., Leszczyńska D., Zych J. 2001. Charakterystyka i technologia uprawy odmian owsa. Puławy — Radzików — Słupia Wielka: 3 — 31.
- Ślpek Z. 1987. Ocena właściwości fizycznych pszenicy dla potrzeb zbioru kombajnowego. Zesz. Nauk. AR w Krakowie. Rozprawa hab. Nr 117: 3 — 99.
- Valentine J., Hale O. D. 1990. Investigation into reduced germination of seed of naked oats. Plant Varieties and Seeds 3: 21 — 30.

RAFAL KURIATA ¹
WŁADYSŁAW KAŁUBIEC ¹
JÓZEF ADAMCZYK ²
HENRYK CYGIERT ²

¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza we Wrocławiu

² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o

Analiza dialleliczna mieszańców pojedynczych kukurydzy

Diallel analysis of single hybrids of maize

Doświadczenie założono w 2002 roku na polu doświadczalnym Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach. Ziarno wysiano punktowo na dwurzędowych poletkach o powierzchni 5m² w rozstawie rzędów 75 cm. Badano 8 linii wsobnych skrzyżowanych w układzie półdiallelicznym wg drugiej metody Griffinga. Sześć linii: S160, S245, S41606A, S41324A-2, S48556-3 i S43523 wyprowadzono w „Hodowli Roślin Smolice” Sp. z o.o., a linie K1653 i K2577A w firmie SWS (Niemcy). Doświadczenie zostało założone metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach. W okresie wegetacji wykonano pomiary: wysokości roślin i wysokości osadzenia pierwszej kolby. Po zbiorze określono zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna w przeliczeniu na plon o zawartości 15% wody. Wykonano analizę wariancji wg 2 modelu Griffinga. Istotność efektów GCA i SCA testowano testem t-Studenta. Badane mieszańce pojedyncze były istotnie zróżnicowane pod względem analizowanych cech. Wykazano istotne efekty zarówno dla ogólnej, jak i swoistej zdolności kombinacyjnej u wszystkich cech. Przewaga addytywnego działania genów determinuje dziedziczenie wysokości roślin i osadzenia pierwszej kolby oraz zawartości suchej masy w ziarnie natomiast, nieaddytywne działanie genów decyduje o plonie ziarna. Wysokość roślin uległa najistotniejszemu skróceniu w potomstwie linii S160 i S48556-3, przy jednoczesnym zwiększeniu zawartości suchej masy. Istotne efekty GCA stwierdzono dla plonu ziarna linii S160 i S245. Mieszańce linii S160, S245 i K1653 charakteryzowały się najwyższymi efektami SCA plonu ziarna.

Słowa kluczowe: działanie genów, kukurydza, mieszańce pojedyncze, zdolność kombinacyjna

The progenies from a half diallel (second Griffing's model) cross involving 8 inbred lines were grown with their parents in 2002 in the experimental field at Kobierzyce. Six lines: S160, S245, S41606A, S41324A-2, S48556-3 and S43523 were bred in "Plant Breeding Smolice", Ltd., and lines K1653 and K2577A in SWS (Germany). The experiment was carried out using randomized complete block design with three replications. Each experimental unit consisted of two rows spaced 75 cm apart. Data were recorded for plant height, ear height, dry matter content and grain yield. GCA and SCA effects were significant for all traits. The GCA/SCA variance ratio suggests an additive gene action for plant height, ear height and dry matter content, and nonadditive one for grain yield. Lines S160 and S48466-3 were found to be good general combiners for plant height and dry matter content. Significant

effects for grain yield were shown by lines S160 and S245. The hybrids with lines S160, S245 and K1653 showed desirable significant effects of SCA for grain yield.

Key words: combining ability, gene action, maize, single crosses,

WSTĘP

Istotnym etapem procesu hodowlanego jest ocena zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich na podstawie mieszańców. Znajomość ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) linii wsobnych daje możliwość eliminacji we wczesnych etapach hodowli tych linii, które przedstawiają małą wartość. Natomiast znajomość swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) pozwala wytypować linie dające najbardziej korzystne kombinacje mieszańcowe. Stosunek wariancji GCA do SCA pozwala określić typ działania genów warunkujących daną cechę (Lipińska, 1995). Opracowano szereg układów krzyżowań, które umożliwiają oszacowanie ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej (Węgrzyn, 1996). Jednymi z najczęściej stosowanych układów są opracowane przez Griffinga układy dialleliczne (Griffing, 1956).

Celem pracy była ocena zdolności kombinacyjnej 8 linii wsobnych kukurydzy oraz wartości ich mieszańców pojedynczych.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie założono w 2002 roku na polu doświadczalnym Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach. Zastosowano nawożenie przedsiewne w ilości N — 140 kg/ha, P₂O₅ — 105 kg/ha, K₂O — 160 kg/ha. Ziarno wysiano punktowo 2 maja na 2 rzędowych poletkach o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. Po wschodach (10 maja) wykonano ręczną przerywkę w wyniku, której pozostało po 18 roślin w rzędzie, co dało obsadę 7,19 roślin/m². Chwasty zwalczano chemicznie stosując (9 maja) — Dual — 1,8 l/ha i 16 maja — Gesaprim 90WG i Lentagran 45WP (1,1 +2 kg/ha).

Badano 28 mieszańców pojedynczych i 8 linii rodzicielskich skrzyżowanych w układzie półdiallelicznym wg drugiej metody Griffinga. Sześć linii: S160, S245, S41806A, S41324A-2, S48556-3 i S43523 wyprowadzono w „Hodowli Roślin Smolice” Sp. z o.o., a linie K1653 i K2577A w firmie SWS (Niemcy). Doświadczenie zostało założone metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach. W okresie wegetacji wykonano pomiary: wysokości roślin i wysokości osadzenia pierwszej kolby. Po zbiorze (24 września) określono zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna w przeliczeniu na plon o zawartości 15% wody. Wykonano analizę wariancji wg modelu:

$$Y_{ijk} = m + b_{(k)} + g_{(i)} + g_{(j)} + s_{(i,j)} + e_{(i,j,k)}$$

Y_{ijk} — wartość obserwacji ij – tego mieszańca w k – tym powtórzeniu

m — średnia populacji

$b_{(k)}$ — efekt powtórzenia

$g_{(i)}$ — efekt GCA i — tej formy matecznej

$g_{(j)}$ — efekt GCA j — tej formy ojcowskiej

$s_{(i,j)}$ — efekt SCA ij — tego mieszańca

$e_{(i,j,k)}$ — błąd związany z obserwacją $i = 1, 2, \dots, 8$ $j = 1, 2, \dots, 8$ $k = 1, 2, 3$

Istotność efektów GCA i SCA testowano testem t-Studenta.

WYNIKI

Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej badanych obiektów dla wszystkich badanych cech (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean squares of variability of investigated traits

Źródło zmienności Variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square			
		wysokość roślin plant height	wysokość osadzenia 1 kolby ear height	plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content
Powtórzenia Replications	2	100,95	71,50	0,73	1,60
Mieszańce Crosses	35	3007,93**	708,78**	25,54**	25,19**
GCA	7	2686,09**	1027,47**	10,16**	94,66**
SCA	28	3088,4**	629,11**	29,38**	7,82**
Błąd Error	70	24,05	13,79	0,84	0,83

** Istotne dla $P < 0,01$; Significant at $P < 0.01$

Efekty GCA istotne dla wysokości roślin stwierdzono u wszystkich linii (tab. 2). Dodatkowo odpowiednio wysokie efekty charakteryzowały linie: S245, K1653 i S41806A. Korzystnym, ujemnym efektem charakteryzowało się pięć linii, przy czym największym linie S41324A-2, S48566-3 i S160. Wysokość osadzenia kolby charakteryzowała się zarówno efektami dodatnimi i ujemnymi, istotność efektów stwierdzono u sześciu linii (tab. 2).

Tabela 2

Efekty GCA badanych linii wsobnych kukurydzy
Effects GCA of investigated of inbred lines of maize

Linia Line	Wysokość roślin Plant height	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content
S160	-7,74**	-0,23	0,43**	0,99**
S245	15,89**	2,33**	0,85**	-2,68**
S41806A	7,35**	5,26**	0,24	-2,73**
K1653	7,82**	0,46	-0,20	0,06
S41324A-2	-11,0**	-8,80**	-0,18	2,12**
K2577A	-1,67*	0,26	-0,40**	0,99**
S48566-3	-8,34**	-7,66**	-1,03**	0,78**
S43523	-2,3**	8,33**	0,29	0,47**

** Istotne dla $P < 0,01$; Significant at $P < 0.01$

Najwyższy efekt stwierdzono u linii S418096A i S43523, ujemny zaś u linii S48566-3 i S41324A-2. Dla plonu ziarna cztery linie charakteryzowały się istotnym efektem GCA (tab. 2). Linie S160 i S245 miały dodatni efekt, ujemny zaś linie K2577A i S48566-3. Istotne efekty GCA dla zawartości suchej masy stwierdzono dla siedmiu linii, dodatnie dla pięciu, ujemne dla dwóch linii (tab. 2). Największym efektem dodatnim charakteryzowała się linia S4132A-2, ujemnym zaś linie S245 i S41806A. Podobne wartości GCA dla wysokości roślin i plonu ziarna uzyskali Spaner i wsp. (1996), dla wysokości osadzenia kolby Paul i wsp. (1999), a dla zawartości suchej masy Zieger (1987).

Istotnie różne od zera efekty SCA dla wysokości roślin stwierdzono dla 27 kombinacji krzyżówkowych, wszystkie były dodatnie. Największymi charakteryzowały się mieszańce K1653 × S48566-3, S41806A × S48566-3 i S41806A × S41324A-2 (tab. 3). Oszacowane efekty SCA mieszańców pod względem osadzenia pierwszej kolby były istotne i dodatnie w 19 przypadkach (tab. 3).

Tabela 3

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej
Effects of SCA

Mieszańiec Hybrid	Wysokość roślin Plant height	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content
S160 × S245	16,91**	12,41**	0,70	-2,44**
S160 × S41806A	18,11**	14,15**	0,69	-1,37**
S160 × K1653	17,64**	2,61	1,20*	1,17*
S160 × S41324A-2	16,48**	2,55	1,95**	-0,78
S160 × K2577A	14,14**	7,81**	1,93**	-1,02*
S160 × S48566-3	19,81**	9,75**	3,13**	1,05*
S160 × S43523	7,78**	4,05*	1,43**	0,49
S245 × S41806A	6,48*	-1,74	0,19	2,06**
S245 × K1653	20,34**	10,71**	0,97*	0,30
S245 × S41324A-2	14,51**	-0,34	1,79**	0,55
S245 × K2577A	16,51**	5,91**	2,67**	-2,72**
S245 × S48566-3	20,51**	10,51**	1,90**	-1,20*
S245 × S43523	17,48**	8,81**	1,97**	-1,73**
S41806A × K1653	9,54**	6,78**	0,72	0,98
S41806A × S41324A-2	22,38**	2,71	1,87**	0,69
S41806A × K2577A	20,71**	8,98**	2,65**	-1,61**
S41806A × S48566-3	22,71**	7,91**	2,12**	-1,36**
S41606A × S43523	9,34**	1,88	0,56	-1,09*
K1653 × S41324A-2	19,24**	13,85**	2,59**	-1,86**
K1653 × K2577A	14,58**	3,45	1,33**	-0,00003
K1653 × S48566-2	24,24**	6,71**	2,23**	-2,55**
K1653 × S43523	10,21**	6,01**	3,37**	0,12
S41324A-2 × K2577A	7,41**	5,38*	0,65	0,17
S41324A-2 × S48566-3	5,74*	6,31**	1,21*	-1,17*
S41324A-2 × S43523	14,04**	8,61**	-0,44	-0,70
K2577A × S48566-3	-1,58	3,25	-1,30**	1,88**
K2577A × S43523	18,71**	11,21**	0,90	-0,57
S48566-2 × S43523	10,38**	2,48	-0,96*	1,90**

*, ** Istotne odpowiednio dla $P < 0,05$ i $P < 0,01$

*, ** Significant at $P < 0.05$ and $P < 0.01$, respectively

Spośród mieszańców największy efekt charakteryzował kombinacje: S160 × S41806A, K1653 × S41324A-2, S160 × S245 i K2577A × S43523. Istotność efektów SCA dla plonu ziarna stwierdzona została u 20 mieszańców, jedynie dla dwóch z nich stwierdzono efekt ujemny (tab. 3). Największy dodatni efekt charakteryzował mieszańce: S41324A-2 × S43523, S160 × S48566-3, S245 × K2577A, S41806A × K2577A i K1653 × S41324A-2. Dla zawartości suchej masy istotność efektów SCA stwierdzono w przypadku 17 mieszańców (tab. 3). Dodatnie efekty charakteryzowały pięć mieszańców: S245 × S41806A, S48566-3 × S43523, K2577A × S48566-3, S160 × K1653 i S160 × S58566-3. Podobne wyniki SCA dla wysokości roślin i plonu ziarna uzyskali w badaniach Spaner i wsp. (1996), dla wysokości osadzenia pierwszej kolby Paul i wsp. (1999), a dla zawartości suchej masy Sughrue i wsp. (1997).

Obliczony stosunek GCA do SCA dla wysokości roślin, wysokości osadzenia pierwszej kolby, plonu ziarna i zawartości suchej masy wynosił odpowiednio: 0,86, 1,63, 0,34 i 12,10. Wartość mniejsza od 1 dla wysokości roślin i plonu ziarna wskazuje na przewagę nieaddytywnego działania genów warunkujących te cechy. Dziedziczenie dwóch pozostałych cech warunkuje przewaga addytywnego działania genów, co sprawia że selekcja na te cechy będzie efektywniejsza. Podobne sposoby działania genów dla wysokości roślin stwierdzili Kalita i wsp. (1995), a dla wysokości osadzenia kolby Tulu (1998).

WNIOSKI

1. Badane mieszańce pojedyncze były istotnie zróżnicowane pod względem analizowanych cech.
2. Wykazano istotne efekty zarówno dla ogólnej, jak i swoistej zdolności kombinacyjnej u wszystkich cech.
3. Przewaga addytywnego działania genów determinuje dziedziczenie wysokości osadzenia pierwszej kolby oraz zawartości suchej masy w ziarnie natomiast nieaddytywne działanie genów decyduje o wysokości roślin i plonie ziarna.
4. Wysokość roślin uległa najistotniejszemu skróceniu w potomstwie linii S160, S41324A-2 i S48566-3, przy jednoczesnym zwiększeniu zawartości suchej masy w ziarnie.
5. Istotne efekty GCA stwierdzono dla plonu ziarna linii S160 i S245.
6. Mieszańce linii S160, S245 i K1653 charakteryzowały się najwyższymi efektami SCA dla plonu ziarna.

LITERATURA

- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Austr. J. Biol. Sci. 9: 463 — 493.
- Kalita U. C., Saikia R. B., Duara P. K. 1995. Studies of combining ability in maize (*Zea mays* L.). Journal of the Agricultural Science Society of North-East India 8:2, 216 — 219.
- Lipińska J. 1995. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. Biul. IHAR 156: 91 — 101.
- Paul K. K., Debanth S. C. 1999. Combining ability analysis in maize (*Zea mays* L.). Pakistan Journal of Science and Industrial Research 42/ 3: 141 — 144.

- Spaner D., Brathwaite R. A. I., Mather D. E. 1996. Diallel study of open-pollinated maize varieties in Trinidad. *Euphytica* 90: 65 — 72.
- Sughrue J. R., Hallauer A. R. 1997. Analysis of diallel mating design for maize inbred lines. *Crop Science* 37: 400 — 405.
- Tulu L., Ramachandrapa B. K. 1998. Combining ability of some traits in seven parental diallel crosses of selected maize (*Zea mays* L.) populations. *Crop Research Hisar* 15: 2/ 3: 232 — 237.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowanie komponentów wariancji genetycznych w czynnikiowym modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 — 13.
- Zieger G. 1987. Results obtained from maize crossing series (*Zea mays* L.) with consequences for breeding. II. Assessment of variance components from tester crosses. *Archiv-für-Züchtungsforschung* 17 (6): 381 — 386.

JÓZEF ADAMCZYK**HENRYK CYGERT****JÓZEF CZAJCZYŃSKI**

Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.

50 lat hodowli kukurydzy mieszańcowej w Polsce — dorobek i perspektywy

Fifty years of hybrid maize breeding in Poland — achievements and prospects

Wprawdzie hodowla mieszańców liniowych kukurydzy w Polsce ma zaledwie 50-letnią historię, ale podstawy jej współczesnego dorobku zostały stworzone już w okresie międzywojennym i zaraz po wojnie. W pracy wspomniano ludzi — pionierów, którzy stworzyli solidne podstawy krajowej hodowli mieszańców kukurydzy. Podkreślono znaczenie takich wydarzeń, jak: wyhodowanie pierwszego polskiego mieszańca odmianowego Wiel-Wi w 1957 roku, pierwszego mieszańca czteroliniowego (1967 r.), trójliniowego (1977 r.) i pojedynczego (1994 r.). Wyhodowanie wczesnych i wysokoplennych mieszańców umożliwiło uprawę kukurydzy w północnych rejonach Polski nie tylko na kiszonkę, ale i na ziarno. Na podstawie przedstawionych wyników doświadczeń porejestrowych z lat 1999–2001 można wnioskować, że nowe polskie mieszańce są konkurencyjne do zagranicznych. Ich udział w krajowym rynku kukurydzianym wynosi około 40%. Podkreślono znaczenie współpracy z zagranicznymi i krajowymi firmami komercyjnymi i instytucjami naukowymi dla dalszego rozwoju polskiej hodowli kukurydzy. Wspomniano o głównych problemach do rozwiązania w najbliższym czasie, przed którymi stoi praktyczna hodowla.

Słowa kluczowe: historia hodowli, mieszańce kukurydzy, wyniki doświadczeń

Breeding of maize hybrids in Poland has got only a 50-year history, but the basis for its present achievements was founded as early as in the interwar period and just after the Second World War. In this paper, the people who put the “corner stones” of domestic maize hybrid breeding are mentioned. The importance of such events as: developing of the first Polish varietal hybrid Wiel-Wi in 1957, developing of the first DC (1967), TC (1977) and SC (1994) hybrids has been emphasized. The creating of early and high yielding hybrids made possible to cultivate of maize in the northern part of Poland not only for silage usage but also for grain. It may be concluded based on the results of the postregistered trials done in the years 1999–2001 that new Polish hybrids are competitive to the foreign ones. Polish hybrids share about 40 per cent of the domestic maize market. The importance of cooperation both with foreign and Polish commercial and scientific institutions for further development of Polish maize breeding has also been stressed in the paper. The main problems of practical breeding to be solved in the nearest future are outlined.

Key words: breeding history, maize hybrids, trial results

Kiedy w lutym 1994 roku na zorganizowanej we Wrocławiu konferencji pt. „Czterdzieści lat hodowli kukurydzy mieszańcowej w Polsce” omawiano stan uprawy i hodowli kukurydzy, podkreślono przy tej okazji ciągłość ówczesnego dorobku z pracami wielu entuzjastów tej rośliny z okresu międzywojennego i zaraz po wojnie (Bojanowski, 1994; Dubas, 1994; Królikowski i in., 1994).

Przy okazji obecnej „okrągłej” rocznicy trudno byłoby przynajmniej nie zasygnalizować tej ciągłości. Już w latach 20. minionego wieku Mikułowski-Pomorski i Górski przywieźli do Polski nasiona odmian populacyjnych uprawianych ówczesnie w północnych stanach USA. I chociaż próby bezpośredniego wdrożenia tych odmian do uprawy na szerszą skalę nie przyniosły oczekiwanych efektów, to rozpoczęte wówczas prace hodowlane, wprowadzie na niewielką skalę, doprowadziły do uzyskania pierwszych polskich odmian populacyjnych lepiej przystosowanych do naszych warunków klimatycznych.

Pierwszymi polskimi hodowcami kukurydzy byli Górski i Kaznowski, autorzy takich odmian kukurydzy szklistej, jak: Oksońska, Puławska Żółta czy Puławska Ryżowa. Pierwsze odmiany kukurydzy zębokształtnej (końskiego zębu): Wigor, Żłoty Żar i Czerwony Koral wyhodowali Olbrycht i Nadwyczawski. Stosowane przez tych i innych hodowców populacyjne metody hodowli okazały się na tyle skuteczne, że po wojnie w rejestrze było 20 odmian kukurydzy, chociaż z pewnością wiele materiałów hodowlanych uległo zniszczeniu w okresie okupacji (Dubas, 1994; Adamczyk, 2002).

Upowszechnienie uprawy kukurydzy w powojennej Polsce, jak żadnego innego z ważnych gatunków roślin rolniczych, było uzależnione od czynników politycznych. Tworzone w latach 1945–1956 PGR prowadziły chów bydła w oparciu o kiszonkę produkowaną z późnych odmian mieszańcowych importowanych z ówczesnego ZSRR i Węgier. Jak wiele innych tak i to rozwiązanie wydawało się wtedy jedynie słuszne. Pseudonaukowe teorie mające w pogardzie zasady i możliwości hodowli w oparciu o wiedzę genetyczną były powszechnie publikowane w piśmiennictwie fachowym i głoszone z katedr uczelni. Myśleć inaczej w tym okresie było bez wątpienia wyrazem odwagi.

Na szczęście nie zabrakło, wprowadzie skromniej liczebnie, ale silnej wiarą w sukces swoich działań grupy hodowców, którzy w swojej pracy stosowali nowoczesne metody oparte o wykorzystanie zjawiska heterozji, czyli bujności mieszańców w pierwszym pokoleniu po skrzyżowaniu odpowiednio dobranych form rodzicielskich.

Celem tych działań było zastąpienie uprawianych wówczas odmian populacyjnych odmianami mieszańcowymi; najpierw mieszańcami odmianowymi, a następnie mieszańcami liniowymi.

Już w latach 40. Piotr Olejnik, dyrektor Sandomiersko-Wielkoposkiej Hodowli Roślin rozpoczął chów wsobny, zaprzestając go jednak szybko stwierdziwszy bardzo silną depresję w uzyskanym potomstwie. Z kolei prof. Tomaszewski wykonał w 1949 roku serię zapyleń wsobnych dających początek hodowli linii, jednak te materiały uległy zniszczeniu w 1952 roku na skutek złych warunków pogodowych (Bojanowski, 1994).

Przełomowymi okazały się dopiero lata 1953–1954. Najpierw Jakacki w Pustkowie, następnie Królikowski w Smolicach, Baczyński w Starym Oleśnie i Bojanowski w Skierniewicach rozpoczęli chów wsobny, który po roku 1954 podjęto we wszystkich zakładach

prowadzących wówczas hodowlę zachowawczą 20 zarejestrowanych odmian populacyjnych.

Często była to przysłowiowa „sztuka dla sztuki”, ale uczyli się wszyscy. Wówczas takie określenia jak: zróżnicowanie genetyczne materiałów wyjściowych, zdolność kombinacyjna i jej testowanie, były znane bardzo nielicznym (Adamczyk i Królikowski, 1997).

Bojanowski (1994), tak napisał o tamtym okresie: „Ówczesny stan naszej hodowli był mieszaniną trafnych koncepcji i drobnych naiwności, które dziś mogą wydać się zabawne”.

Według zgodnej opinii specjalistów, solidne podstawy nowoczesnej hodowli mieszańców kukurydzy w Polsce dał wykonany w 1955 roku program diallelicznego krzyżowania wszystkich istniejących wówczas krajowych odmian populacyjnych. Ten program wykonano z inicjatywy prof. Ruebenbauera, który kierował nieformalnym zespołem hodowców kukurydzy. Efektem tego niezwykle dużego jak na tamten czas przedsięwzięcia było wyhodowanie pierwszego polskiego mieszańca odmianowego Wiel-Wi, którego formami rodzicielskimi były odmiany Wielkopolanka i Wigor. Ten mieszaniec, wpisany do rejestru w 1957 roku był swoistym „królikiem doświadczalnym”, na którym polscy hodowcy uczyli się hodowli, a przede wszystkim nasiennictwa mieszańców kukurydzy.

Dużym bodźcem do wprowadzania nowoczesnych metod hodowli mieszańców liniowych były wizyty polskich hodowców na Węgrzech w 1955 roku i hodowców węgierskich w Polsce rok później. Przede wszystkim należało uporządkować ten trochę żywiołowy charakter prac rozdrobnionych po wielu zakładach. Decyzją Prezydium Rady Ministrów powołano w 1956 roku Stację Hodowlano-Badawczą IHAR w Smolicach i Stację Hodowli Roślin w Kobierzycach, jako ośrodki specjalne hodowli kukurydzy. Te ośrodki stały się koordynatorami prac prowadzonych w innych stacjach; Smolice w ramach IHAR, a Kobierzyce w ramach Centralnego Zarządu Selekcji Roślin przekształconego później w Zrzeszenie Hodowli Roślin i Nasiennictwa.

Pierwszym efektem prac w Kobierzycach było wyhodowanie w 1967 r. mieszańca czteroliniowego (DC) Kb 260, którego formułę tworzyły cztery linie zagraniczne.

Z kolei mieszańce smolickie — IHAR 280 (1971 r.) i IHAR 262 (1972 r.) miały w formułach wyłącznie linie wsobne własnej hodowli.

Kiedy w 1967 roku uruchomiono w Kobierzycach zakład nasienny umożliwiający produkcję nasion mieszańcowych kukurydzy, wówczas nawet najwięksi sceptycy musieli przyznać, że hodowla oraz produkcja nasienna mieszańców liniowych w Polsce są możliwe.

Rozwój polskiej hodowli kukurydzy wiele zawdzięcza współpracy z hodowlami zagranicznymi, początkowo z Europy Wschodniej, później praktycznie z całego świata.

Te współprace mają znaczący udział w postępie hodowlanym uzyskanym przez hodowlę kukurydzy prowadzone w Kobierzycach, Smolicach i do roku 1999 w IHAR Radzików.

W połowie lat siedemdziesiątych zgłoszono do doświadczeń rejestrowych pierwsze mieszańce trójliniowe (TC) stanowiące nową jakość. Zarejestrowany w 1977 roku mieszaniec Smolicki TC 278 był pierwszym polskim mieszańcem trójliniowym. Ze

względu na to, że komponenty rodzicielskie tego mieszańca należało wysiewać w różnych terminach, było to poważne wyzwanie dla producentów nasion. Trzeba przyznać, że tą barierę pokonano w pełni dopiero na początku lat dziewięćdziesiątych.

W latach osiemdziesiątych prawie wszystkie mieszańce wyhodowane w Polsce były efektem wspomnianej wcześniej współpracy z hodowlami zagranicznymi. Był to sygnał, że zmienność genetyczna krajowych materiałów hodowlanych nie była wystarczająca do samodzielnego utworzenia formuł mieszańców. Wtedy właśnie rozpoczęto w Smolicach intensywny program mający na celu wykorzystanie późnych, ale bardzo wartościowych materiałów hodowlanych z Ameryki Północnej zgromadzonych przez Adamczyka w czasie staży naukowych w USA i Kanadzie (Adamczyk, 2001).

Równoległe z ugruntowaniem się pozycji mieszańców trójliniowych na przełomie lat osiemdziesiątych i dziewięćdziesiątych pracowano nad wprowadzeniem do produkcji mieszańców pojedynczych (SC), pojedynczych zmodyfikowanych (MSC) i trójliniowych zmodyfikowanych (MTC).

Wpisane do rejestru w 1994 roku smolickie mieszańce Avia i Deka były pierwszymi polskimi mieszańcami pojedynczymi. Można powiedzieć, że w pewnym sensie wtedy dogoniliśmy świat.

Jeszcze kilkanaście lat temu uważano uprawę kukurydzy w Polsce na północ od Warszawy za bardzo ryzykowną, a na Warmii i Mazurach wręcz za niemożliwą. Dzisiaj w okolicach Białegostoku, a nawet Suwałk zbiera się po 8 ton suchego ziarna z ha, a uprawa na kiszonkę z całych roślin jest możliwa praktycznie w całym kraju. Na tak duże poszerzenie zasięgu uprawy kukurydzy ma z pewnością wpływ stałe ocieplanie się klimatu, jednak zdecydowanie za główną tego przyczynę należy uznać ogromny postęp w zakresie hodowli wczesnych i średnio wczesnych mieszańców uzyskany w ostatnich kilkunastu latach. W krótkim czasie hodowcy zastąpili model rośliny dającej w uprawie na kiszonkę dużo paszy objętościowej, rośliną dającą przede wszystkim paszę energetyczną dla wysokowydajnych krów mlecznych.

W takiej roślinie duży udział ziarna o prawie pełnej dojrzałości musi iść w parze z zachowaniem zieloności łodyg i liści (ang. stay green), a wysokość rośliny jest cechą drugorzędną. Nastąpiło zbliżenie modelu rośliny kukurydzy uprawianej na kiszonkę do kukurydzy ziarnowej, stąd wiele najnowszych mieszańców ma charakter uniwersalny.

W osiągniętym postępie hodowlanym jest znaczący udział hodowli polskiej, która dysponując bardzo ograniczonymi środkami uzyskała wyniki, których trudno byłoby nie dostrzec.

To właśnie w hodowli kukurydzy, obok ziemniaka, osiągnięto w ostatnich latach największy postęp hodowlany z tym, że w przypadku kukurydzy znalazł on większe przełożenie do praktyki rolniczej.

Duży udział w poszerzeniu uprawy kukurydzy o rejony Polski północnej mają wczesne mieszańce krajowe Wilga i Ela, które plonują na poziomie lub powyżej odpowiadających im wczesnością odmian zagranicznych (tab. 1).

Tabela 1

Doświadczenia porejestrowe 1999 — grupa wczesna na ziarno (plony ziarna w t/ha przy 15% zawartości wody)

Postregistered trials 1999 — early group for grain usage (yield of grain in t/ha at 15% moisture content)

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon ziarna Grain yield	% wzorca % of standard	Zawartość suchej masy (%) Dry mass content (%)
Wzorzec *		8,80	100	75,7
Fido	HR Smolice	9,60	109	74,2
Prosna	HR Smolice	9,50	108	74,1
Kasia	HR Smolice/Radzików	9,40	107	74,1
Dragon	KWS	9,20	104	76,3
Anna	Saaten Union	9,10	103	74,4
Tytan	HR Smolice	8,90	101	74,2
Wilga	HR Smolice	8,40	95	77,6
Ela	Radzików	8,40	95	76,1
Janna	Pioneer	8,20	93	78,1
Aura	RAGT	8,20	93	77,2
Oleńka	Radzików	8,00	91	76,5

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 9 miejscowości

* Standard — mean value for all hybrids from 9 locations

Tabela 2

Doświadczenia porejestrowe 2000 — grupa wczesna na ziarno (plony ziarna w t/ha przy 15% zawartości wody)

Postregistered trials 2000 — early group for grain usage (yield of grain in t/ha at 15% moisture content)

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon ziarna Grain yield	% wzorca % of standard	Zawartość suchej masy (%) Dry mass content (%)
Wzorzec *		10,04	100	73,6
Bzura	HR Smolice	11,08	110	71,8
Cedro	HR Smolice	10,80	108	73,6
Belfor	Monsanto	10,29	102	73,9
Kasia	HR Smolice/Radzików	10,04	100	72,8
Celux	Cezea	9,68	96	72,3
Anna	Saaten Union	9,66	96	73,3
Janna	Pioneer	9,44	94	76,5
Aura	RAGT	9,33	93	74,5

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 11 miejscowości

* Standard — mean value for all hybrids from 11 locations

Także w grupach wczesnych i średnio wczesnych, a więc tych najbardziej polecanych do uprawy w Polsce, odmiany krajowe z powodzeniem konkurują z ofertą kilkunastu firm hodowlano-nasiennych z całego świata. Potwierdzają to opinie rolników oraz wyniki doświadczeń porejestrowych prowadzonych przez Polski Związek Producentów Kukurydzy (PZPK) i COBORU (tab. 2–6). Z ponad 120 mieszańców kukurydzy aktualnie zarejestrowanych w Polsce, 31 to odmiany krajowe (tab. 7) z ok. 40% udziałem w repartycji. Perspektywa nieco dalsza, to możliwość rejestracji nowych odmian w najbliższych latach. I tu sytuacja także nie jest zła, bowiem na ogólną liczbę 77 mieszańców badanych w 2002 roku w doświadczeniach rejestrowych COBORU, 22 to mieszańce krajowe (17 ze Smolic, 3 z Kobierzyc i 2 wspólne z programu współpracy Smolice — Kobierzyc).

Rynek nasienny kukurydzy jest jednym z najtrudniejszych, zważywszy na ogromną konkurencję ze strony największych firm hodowlano-nasiennych. Dość powiedzieć, że na rynku polskim jest obecnych 17 firm tej branży.

Tabela 3

Doświadczenia porejestrowe 2000 — grupa średnio wczesna na ziarno (plony ziarna w t/ha przy 15% zawartości wody)
Postregistered trials 2000 — medium early group for grain usage (yield of grain in t/ha at 15% moisture content)

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon ziarna Grain yield	% wzorca % of standard	Zawartość suchej masy (%) Dry mass content (%)
Wzorzec *		10,94	100	71,4
Grom	HR Smolice	11,66	107	72,2
Monopol	KWS	11,66	107	71,6
Bahia	Novartis	11,38	104	71,5
Banguy	DLG	11,36	104	69,6
Reduta	HR Smolice	11,11	102	72,5
Lg2275	Limagrain	11,10	101	68,5
Lg2244	Limagrain	10,99	100	70,3
Diana	KWS	10,97	100	71,9
Avenue	Kosmo	10,97	100	71,3
Lg2222	Limagrain	10,95	100	71,7
Antares	Novartis	10,95	100	71,7
Pr39f55	Pioneer	10,87	99	71,4
Rubin	Saaten Union	10,76	98	72,5
Anjou228	Kosmo	10,71	98	71,7
Flavius	Rustica	10,68	98	69,9
Limko	HRR Nas. Kobierzyc	10,51	96	71,1
Caraibe	Monsanto	10,48	96	72,7
Heros	RAGT	10,43	95	71,9
Anjou235	Kosmo	10,32	94	72,7

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 11 miejscowości

* Standard — mean value for all hybrids from 11 locations

Tabela 4

Doświadczenia porejestrowe 2000 — grupa wczesna na kiszonkę
Postregistered trials 2000 — early group for silage usage

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon suchej masy ogółem Yield of dry matter total plants		Plon suchej masy kolb Dry matter yield of ears		Zawartość suchej masy w całych roślinach (%) Dry matter content in total yield (%)
		t/ha	% wzorca % of standard	t/ha	% wzorca % of standard	
Wzorzec*		19,20	100	9,57	100	32,1
San	HR Smolice	20,47	107	10,49	110	31,2
Agio	Advanta	20,28	106	9,89	103	32,7
Lg2213	Limagrain	20,21	105	9,37	98	32,1
Wiarus	HR Smolice	19,46	101	9,89	103	31,4
Aurica	Saaten Union	18,89	98	9,02	94	31,6
Marquis	RAGT	18,78	98	9,81	102	32,7
Graf	RAGT	18,68	97	9,57	100	33,4
Rasant	Advanta	18,23	95	9,13	95	31,3
Passion	Saaten Union	17,81	93	8,95	94	32,4

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 10 miejscowości

* Standard — mean value for all hybrids from 10 locations

Tabela 5

Doświadczenia porejestrowe 2001 — grupa wczesna na ziarno (plony ziarna w t/ha przy 15% zawartości wody)

Postregistered trials 2001 — early group for grain usage (yield of grain in t/ha at 15% moisture content)

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon ziarna Grain yield	% wzorca % of standard	Zawartość suchej masy (%) Dry mass content (%)
Wzorzec *		10,19	100	70,1
Birko	RAGT	11,14	109	70,5
Glejt	HR Smolice	11,04	108	70,0
Orient	Advanta	10,86	107	70,0
Baca	HR Smolice	10,62	104	68,6
Bzura	HR Smolice	10,47	103	69,3
Cedro	HR Smolice	10,28	101	69,7
Lg 2181	Limagrain	10,15	100	70,4
Airbus	M.Angevin	9,61	94	70,1
Anna	Saaten Union	9,51	93	71,4
Belfor	Monsanto	9,38	92	71,6
Celux	Oseva	9,02	89	69,6

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 12 miejscowości

* Standard — mean value for all hybrids from 12 locations

Tabela 6

Doświadczenia porejestrowe 2001 — grupa średnio wczesna na ziarno (plony ziarna w t/ha przy 15% zawartości wody)

Postregistered trials 2001 — medium early group for grain usage (yield of grain in t/ha at 15% moisture content)

Mieszaniec Hybrid	Firma Company	Plon ziarna Grain yield	% wzorca % of standard	Zawartość suchej masy (%) Dry mass content (%)
Wzorzec *		10,63	100	68,8
Eurostar	Rustica	11,93	112	68,1
Grom	HR Smolice	11,16	105	68,2
Monopol	KWS	11,12	105	68,2
Lg 2222	Limagrain	10,96	103	68,6
Trento	DLG	10,95	103	69,0
Tenet	HR Smolice	10,91	103	68,1
Fjord	KWS	10,88	102	69,3
Banguy	DLG	10,73	101	67,4
Anjou 230	Kosmo	10,72	101	68,7
Anjou 222	Kosmo	10,50	99	68,7
Matilda	Pioneer	10,32	97	70,6
Diana	KWS	10,28	97	68,6
Anjou 235	Kosmo	10,24	96	69,6
Antares	Syngenta	10,07	95	69,4
Caraibe	Monsanto	9,66	91	70,0
Limko	HRR Nas. Kobierzyc	9,65	91	68,4

* Wzorzec tworzą średnie wyniki odmian w grupie z 12 miejscowości

* Standard – mean value for all hybrids from 12 locations

W tym kontekście pozycja polskiej hodowli wydaje się być aktualnie dość dobra, ale daleka od oczekiwań ludzi bezpośrednio ją tworzących. Hodowcy zdają sobie sprawę, że najprostsze środki dalszego wzrostu jej efektywności wyczerpią się bądź już się wyczerpały. Sam talent i zaangażowanie hodowcy już nie wystarczą, chociaż z pewnością jeszcze przez długi czas będą odgrywać rolę pierwszoplanową.

Polskie mieszańce kukurydzy — Rejestr Odmian 2002
Polish maize hybrids — Official List 2002

Mieszaniec Hybrid	Typ Type	FAO	Hodowca Breeder
Buran	TC	240	HR Smolice
Tytan	SC	230	HR Smolice
Nimba	TC	260	HR Smolice
Wilga	MSC	180	HR Smolice
Fido	TC	210	HR Smolice
Prosna	TC	220	HR Smolice
Wiarus	TC	220	HR Smolice
San	TC	240	HR Smolice
Tenet	SC	240	HR Smolice
Kasia	TC	220	HR Smolice
Cedro	TC	200	HR Smolice
Bzura	TC	230	HR Smolice
Reduta	TC	230	HR Smolice
Grom	SC	240	HR Smolice
Glejt	MTC	220–230	HR Smolice
Baca	TC	220	HR Smolice
Ela	MSC	200	HR Smolice
Oleńka	TC	200	HR Smolice
Junak	TC	220	HR Smolice
Rota	TC	230	HR Smolice
Boruta	TC	230	HR Smolice
Bułat	TC	240	HR Smolice
Nysa	TC	240	HR Smolice
Błask	SC	240–250	HR Smolice
Kometa	TC	230	HRR Nas. Kob./HR Smolice
Koka	DC	240	HRR Nasiona Kobierzyc
Duet	SC	280	HRR Nasiona Kobierzyc
Limko	TC	240	HRR Nasiona Kobierzyc
Cyrkon	TC	260	HRR Nasiona Kobierzyc
Król	TC	270	HRR Nasiona Kobierzyc
Iman	SC	280	HRR Nasiona Kobierzyc

Praktyczna hodowla wymaga wsparcia ze strony różnych jednostek naukowych, a z tym wiążą się duże nakłady finansowe. Przed hodowlą stoi wiele problemów, których rozwiązania poszukują hodowcy już od dawna, bądź które pojawiły się w ostatnim czasie, oto tylko niektóre z nich:

- odporność na choroby i szkodniki, także drogą modyfikacji genetycznych,
- poszukiwanie metod określenia zróżnicowania genetycznego materiałów hodowlanych, które przynajmniej częściowo pozwolą ograniczyć bardzo kosztowne doświadczenia polowe,
- zastosowanie techniki podwojonych haploidów do wytwarzania linii wsobnych,
- wzrost i rozwój siewek w niekorzystnych warunkach termicznych (5–15°C):
- progi termiczne,
- rozwój systemu korzeniowego,
- wpływ chłódów czerwcowych na produkcję i żywotność pyłku,
- reakcja roślin na wysokie temperatury letnie (susza fizjologiczna, „heat stress”),

- przedwczesne zasychanie liści w następstwie krótkotrwałych spadków temperatur (do 2–3°C) we wrześniu,
- efektywność fotosyntezy, gromadzenie suchej masy,
- szybkie wysychanie ziarna w warunkach polowych,
- hodowla w kierunku niskich nakładów (ang. low input),
- hodowla jakościowa w kierunku wykorzystania ziarna na cele przemysłowe.

Ośrodki hodowli kukurydzy w Smolicach i w Kobierzycach dysponują ogromnym materiałem badawczym i są otwarte na współpracę.

LITERATURA

- Adamczyk J. 2001. Wprowadzenie do krajowych materiałów hodowlanych plazmy zarodkowej kukurydzy północnoamerykańskiej (*Zea mays* L.). Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR 13: 52 ss.
- Adamczyk J. 2002. Ocena postępu w hodowli polskich mieszańców kukurydzy. *Wiś Jutra* 6 (47): 29 — 31.
- Adamczyk J., Królikowski Z. 1997. U progu 45-lecia polskiej hodowli mieszańców kukurydzy-dorobek i perspektywy. W: *Hodowla Roślin — materiały z I Krajowej Konferencji*. Poznań, 19–20 XI 1997: 61 — 64.
- Bojanowski J. 1994. Początki hodowli kukurydzy mieszańcowej w Polsce. *Biul. IHAR* 191: 5 — 9.
- Dubas A. 1994. Udział naukowców i hodowców we wprowadzaniu nowoczesnych metod produkcji kukurydzy w Polsce. *Biul. IHAR* 191: 47 — 51.
- Królikowski Z., Adamczyk J., Kurczych Z. 1994. Czterdzieści lat hodowli kukurydzy w Polsce — dorobek i perspektywy. *Biul. IHAR* 191: 11 — 23.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Adam J. Lukaszewski	Inżynieria chromosomowa w ulepszaniu roślin uprawnych Chromosome engineering in improvement of crop plants	5
Magdalena Gut	Odporność zbóż na porastanie przedżniwne — problemy i perspektywy Cereal's Resistance to preharvest sprouting — problems and perspectives	15
Anita Dobek Wojciech Mikulski	Zmienność materiałów hodowlanych pszenicy ozimej w perspektywie sukcesu odmianowego Variability of breeding materials and prospects for a variety success in winter wheat	23
Stanisław Węgrzyn	Ocena genetyczno-statystyczna wyników doświadczeń polowych z rodami hodowlanymi na przykładzie pszenicy ozimej A genetical-statistical estimation of field trials results for breeding strains on example of winter wheat	29
Józef Pilch	Wpływ genomów A, B <i>Triticum durum</i> Desf. na wartość technologiczną ziarna pszenicy ozimej <i>Triticum aestivum</i> L. Effect of the A and B genomes <i>Triticum durum</i> Desf. on bread-making quality in winter wheat <i>Triticum aestivum</i> L.	43
Jacek Waga	Wewnątrzliniowy polimorfizm białek gliadynowych a zmienność liczby sedimentacji i zawartości białka ogółem u wybranych rodów pszenicy ozimej Intra-varietal polymorphism of gliadin proteins in relation to variability of sedimentation value and protein content in some winter wheat strains	55
Alicja Ceglińska Grażyna Cacak-Pietrzak Tadeusz Haber Zygmunt Nita Edyta Karnasiewicz	Współzależności pomiędzy cechami jakościowymi rodów pszenicy ozimej The correlation between quality characteristics of winter wheat strains	65
Andrzej Binek Maria Moś	Zależność pomiędzy spoczynkiem ziarniaków pszenicy ozimej a liczbą opadania Relationship between seed dormancy and falling number in wheat	71
Janusz Kozdój Teresa Oracka Jan Cieply	Analiza stadium morfogenezy kłosa pędu głównego pszenicy jarej w fazie strzelania w źdźbło Analysis of morphogenetic stage of main spike of spring wheat at the shooting phase	81
Roman Prażak	Ocena tolerancyjności mieszańców międzygatunkowych pszenicy (<i>Triticum</i> sp.) na stres solny Evaluation of salt stress tolerance in some interspecific hybrids of wheat (<i>Triticum</i> sp.)	95
Henryk J. Czembor	Dziedziczenie tolerancji na toksyczne działanie glinu u wybranych odmian pszenicy jarej (<i>Triticum aestivum</i> L.) The inheritance of tolerance to aluminum toxicity in some spring wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) cultivars	103

Anna Woźniak-Strzembicka	Wirulencja populacji <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i> w Polsce w latach 1998–2001 Virulence of <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i> population in Poland in 1998–2001	109
Anna Woźniak-Strzembicka	Rdza żółta pszenicy w Polsce: częstość wirulencji w populacji patogena Wheat yellow rust in Poland: virulence frequencies in pathogen population	119
Walenty Maćkowiak	Ocena postępu i strategiczne kierunki hodowli pszenżyta w Polsce Estimation of progress and strategic directions of triticale breeding in Poland	127
Stanisław Nalepa	Perspektywy hodowli pszenżyta w Resource Seeds Inc. w USA Triticale breeding perspective at Resource Seeds Inc. in USA	143
Wiesław Mądry Zbigniew Laudański Marcin Kozak Jan Rozbicki	Empiryczne porównanie sekwencyjnej analizy składowych plonu i analizy ścieżek pojedynczych dla plonu ziarna pszenżyta ozimego i jego składowych An empirical comparison of sequential yield component analysis and single path analysis for winter triticale grain yield and its components	147
Jacek Waga Helena Grzesik	Analiza elektroforetyczna białek zapasowych kilku rodów pszenżyta ozimego odpornych na porastanie Electrophoretic analysis of storage proteins in some winter triticale strains resistant to preharvest sprouting	157
Marian Górski	Reakcja odmian pszenżyta ozimego na długoterminowe przechowywanie w banku genów Reaction of winter triticale cultivars to long-term storage in gene bank	165
Helena Grzesik Anna Strzembicka	Odporność wybranych odmian pszenżyta ozimego na rdzę brunatną (<i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>) Resistance of some winter triticale varieties to leaf rust (<i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>)	171
Alicja Ceglińska Henryk Cichy Tadeusz Haber Monika Sadecka	Ocena wartości technologicznej ziarna pszenżyta jarego Evaluation of bread-making quality of some spring triticales	177
Władysław Kadłubiec Jarosław Bojarczuk	Ocena interakcji rodów pszenżyta jarego i żyta jarego ze środowiskiem. Komunikat Estimation of environmental interactions of breeding strains of spring triticale and spring rye. Short communication	187
Barbara Apolinarska	Substytucyjne, addycyjne i translokacyjne chromosomy pszenicy w życie diploidalnym Substitutions, additions and translocations of wheat chromosomes in diploid rye	195
Tadeusz Śmiałowski Stanisław Węgrzyn	Genetyczno-statystyczne parametry dziedziczenia cech użytkowych żyta ozimego (<i>Secale cereale</i> L.) The genetic and statistical analysis of the heritability of important traits in winter rye (<i>Secale cereale</i> L.)	205
Lechosław Grochowski	Ksenia u żyta, jej rodzaje i znaczenie w hodowli odmian mieszańcowych Xenia in rye, its types and significance for breeding of hybrid cultivars	215

Paweł Dopierała Henryk Bujak Jan Karczmarek Anna Dopierała	Ocena wartości hodowlanej linii i mieszańców żyta ozimego Estimation of a breeding value of lines and hybrids of winter rye	235
Paweł Dopierała Henryk Bujak Jan Karczmarek Anna Dopierała	Ocena interakcji genotypowo-środowiskowej plonu populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego Genotype-environment interaction in the yield of population and hybrid rye cultivars	243
Andrzej Rafalski Małgorzata Gawęł Iwona Wiśniewska	Analiza różnicowania genetycznego komponentów mieszańców żyta The analysis of genetic diversity of components of rye hybrids	255
Iwona Wiśniewska Andrzej Rafalski	Chromosomowa lokalizacja markerów tolerancji na glin u żyta The chromosomal location of markers of aluminium tolerance in rye	265
Tadeusz Śmiałowski Andrzej Bichoński	Zastosowanie analizy ścieżek do oceny współzależności między wybranymi cechami jęczmienia jarego browarnego A path coefficient analysis to estimate the relations of some traits in spring brewery barley	275
Alicja Pecio Andrzej Bichoński	Stan odżywienia roślin azotem a plon i jakość browarna ziarna jęczmienia jarego Relationships between plant nutrition with nitrogen and grain yield and malting quality in spring barley	285
Alicja Pecio Andrzej Bichoński	Wpływ ilości wysiewu na plon i jakość browarną ziarna jęczmienia jarego The effect of sowing rate on grain yield and malting quality in spring barley	295
Andrzej Bichoński Alicja Pecio Artur Radecki-Pawlik	Wpływ gęstości wysiewu i nawożenia azotowego jęczmienia odmiany Rudzik na zawartość β -glukanów w brzeczce The effects of sowing density and nitrogen fertilization on the β -glucan content of wort in barley cultivar Rudzik	305
Andrzej Bichoński Alicja Pecio Artur Radecki-Pawlik	Wpływ chemicznej ochrony jęczmienia browarnego odmiany Rudzik na zawartość β -glukanów w brzeczce Influence of chemical protection of spring brewery barley cultivar Rudzik on β -glucan content in wort	311
Alicja Pecio Andrzej Bichoński	Plon i jakość browarna ziarna jęczmienia jarego w zależności od sposobu ochrony roślin przed chorobami Grain yield and malting quality of spring barley depending on plant protection against diseases	317
Henryk J. Czembor	Odporność krajowych odmian jęczmienia jarego na mączniaka prawdziwego (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Resistance of native spring barley cultivars to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>)	327
Jerzy H. Czembor Elżbieta Czembor	Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Część I. Genetyka, fenotyp, mechanizm i badania molekularne Mlo resistance of barley to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Part I. Genetics, phenotype, mechanism and molecular investigations	335

Jerzy H. Czembor Elżbieta Czembor	Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Część II. Źródła odporności i ich wykorzystanie w hodowli jęczmienia Mlo resistance of barley to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Part II. Sources of resistance and their use in barley breeding	355
Jerzy H. Czembor Elżbieta Czembor	Odporność Mło jęczmienia na mączniaka prawdziwego (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>) Część III. Trwałość odporności Mlo resistance of barley to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>ordei</i>) Part III. Durability of resistance	375
Maria Chrząstek Edyta Paczos-Grzęda	Analiza molekularna i cytologiczna oraz ocena niektórych cech ilościowych mieszańców międzygatunkowych <i>Avena sativa</i> L. × <i>Avena fatua</i> L. Molecular and cytogenetic analysis and estimation of some quantitative traits of interspecific hybrids <i>Avena sativa</i> L. × <i>Avena fatua</i> L.	387
Tadeusz Śmiałowski	Zmienność oraz zależność między plonem a i cechami użytkowymi owsów oplewionych, nieoplewionych i wczesnych Variability and correlation between grain yield and important traits in common, naked grain and mountain oats	399
Maria Moś Andrzej Zieliński	Podatność nagich i oplewionych ziarniaków owsa na uszkodzenia mechaniczne Susceptibility of hull-less and husked oat seeds to mechanical damage	409
Rafał Kuriata Władysław Kałubiec Józef Adamczyk Henryk Cygiert	Analiza dialleliczna mieszańców pojedynczych kukurydzy Diallel analysis of single hybrids of maize	417
Józef Adamczyk Henryk Cygert Józef Czajczyński	50 lat hodowli kukurydzy mieszańcowej w Polsce — dorobek i perspektywy Fifty years of hybrid maize breeding in Poland — achievements and prospects	423