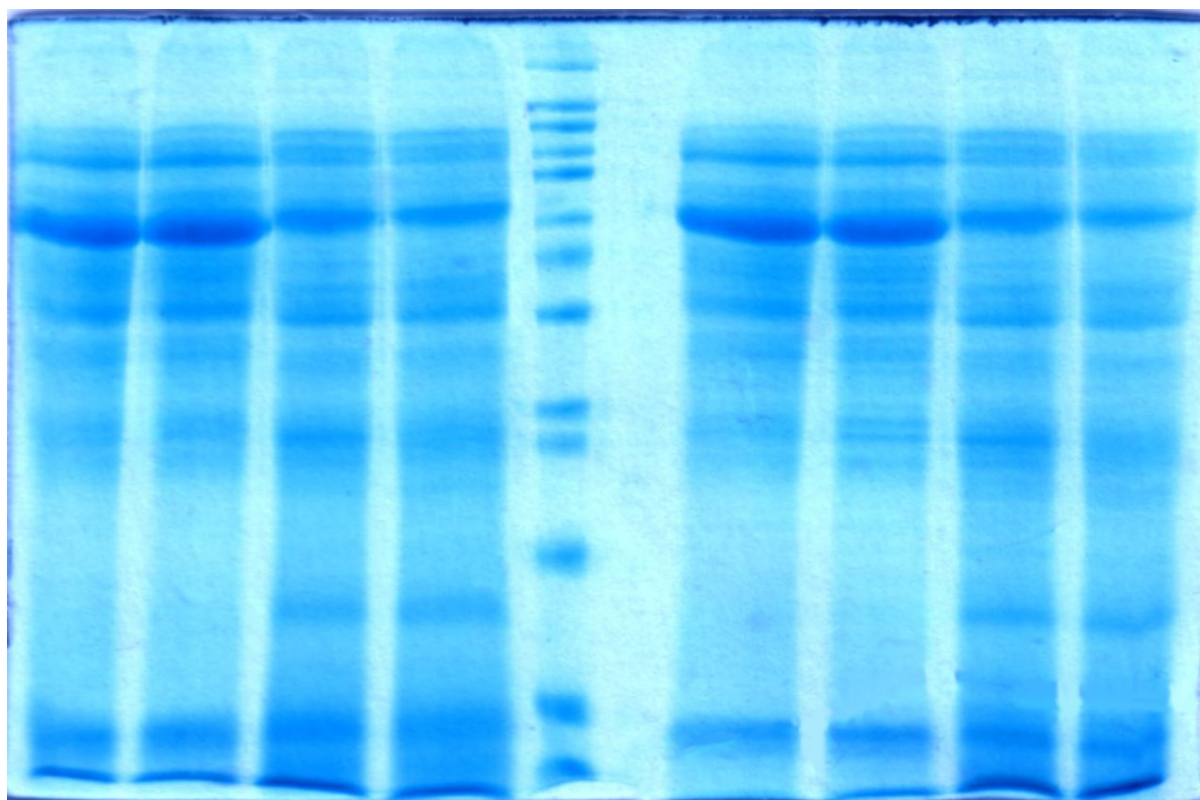
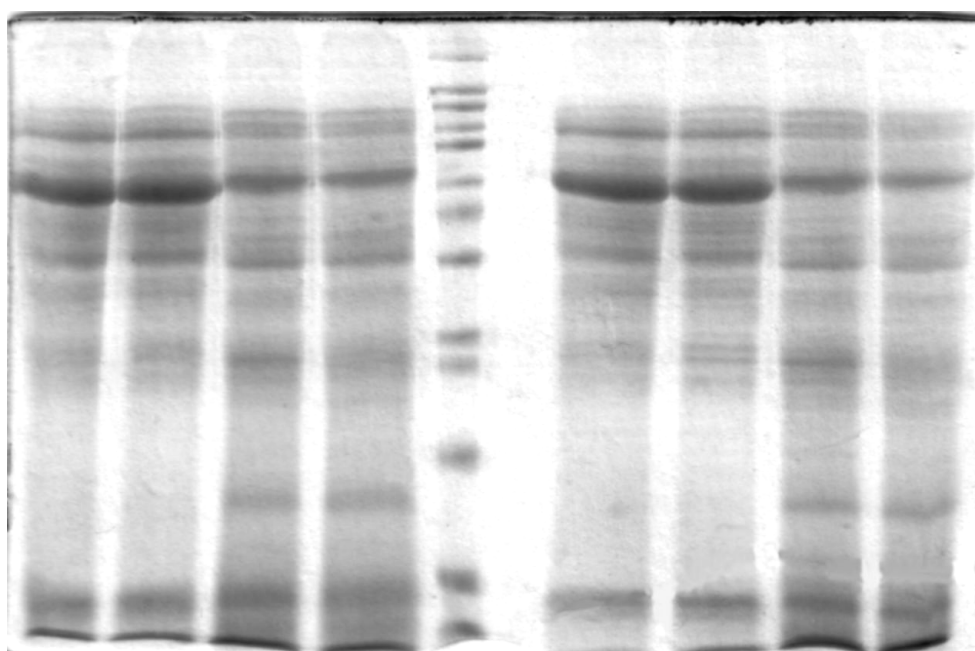




Profil białek ściany komórkowej *Glycine max* L.
Fot. Patrycja Urysiak

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 226/227/2003



Profil białek ściany komórkowej *Glycine max* L. Fot. Patrycja Urysiak

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

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

Komitet Redakcyjny:

Editorial Committee:

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

Wydanie publikacji dofinansowane przez Komitet Badań Naukowych

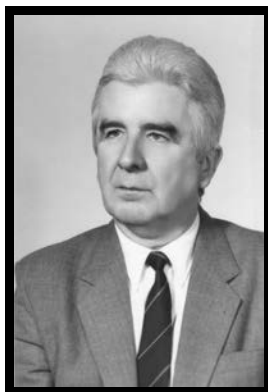
Redaktor techniczny
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o

Z GŁĘBOKIM ŻALEM ZAWIADAMIAMY, ŻE 21 SIERPANIA 2003 ROKU ZMARŁ

Ś † P

Profesor Władysław Lonc



Emerytowany profesor Akademii Rolniczej we Wrocławiu, doktor habilitowany nauk rolniczych, profesor zwyczajny, wybitny przedstawiciel hodowli roślin w Polsce, powszechnie uznany specjalista w dziedzinie badań genetyki ilościowej roślin uprawnych. Nauczyciel i wychowawca wielu pokoleń młodzieży, przez prawie ćwierć wieku (1970–1994) kierownik Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa.

Studia wyższe ukończył w 1953 roku i był jednym z pierwszych aspirantów Katedry, a później jej pracownikiem. W 1961 roku uzyskuje stopień doktora nauk rolniczych na podstawie pracy „Studia nad aklimatyzacją *Sorghum vulgare* Pers.”, a w 1969 roku — doktora habilitowanego nauk rolniczych na podstawie rozprawy „Zmienność i odziedziczalność cech morfologicznych sorga”. Tytuł naukowy profesora nadzwyczajnego otrzymał w 1981 roku, a stanowisko profesora zwyczajnego w 1992 roku.

Profesor Władysław Lonc był wybitnym nauczycielem i badaczem. Cechowała go rzetelność, szerokość horyzontów myślowych, a nade wszystko analityczne podejście do przedmiotu badań. Swoją wiedzę matematyczną łączył z genetycznym ukierunkowaniem zainteresowań badawczych. Uznany pionier i twórca szkoły genetyki ilościowej roślin uprawnych. Był prawdziwym mecenasem i orędownikiem badań z zakresu zastosowań metod statystycznych w genetyce i hodowli roślin. Profesor zawsze był życzliwie krytyczny i wielce wyrozumiały dla ocenianych osób, służąc im dobrą radą, swoim rozległym doświadczeniem naukowym, organizacyjnym i życiowym. To dzięki niemu są rozwijane prace naukowe w Polsce z zakresu jego ulubionej specjalności jaką jest genetyka ilościowa i hodowla roślin ze szczególnym uwzględnieniem zastosowań tamże statystyki i biometrii.

Miał dar inspirowania wielu młodych naukowców w całej Polsce do rozwijania badań i uzyskiwania stopni naukowych doktora habilitowanego.

Profesor Lonc opublikował 168 prac w czasopismach naukowych i wydawnictwach specjalistycznych, w tym 78 oryginalnych. W początkowym okresie aklimatyzował sorgo i wykonał obszerne badania nad zmiennością i odziedziczalnością cech tej rośliny. W późniejszym czasie, ze względu na znaczenie gospodarcze pszenicy, dalsze swoje badania koncentrował na zmienności i sposobach dziedziczenia 20 cech użytkowych. Duże praktyczne znaczenie miały wyniki prac nad wpływem sposobów przechowywania państwowych rezerw nasiennych na zachowanie wartości siewnej nasion.

Wypromował dziewięciu doktorów oraz 84 magistrantów, wykonał 18 recenzji habilitacyjnych oraz 34 w przewodach doktorskich. Był recenzentem wielu publikacji, projektów badań i sprawozdań z ich wykonania. Profesor Władysław Lonc był wspaniałym dydaktykiem. Przez długie lata wygłaszał wykłady z genetyki, hodowli roślin i nasiennictwa oraz z doświadczalnictwa rolniczego. Na studiach magisterskich prowadził seminaria dyplomowe oraz kierował pracami magisterskimi. Wokół swojej osoby gromadził na seminariach naukowych wielu badaczy i hodowców roślin, którzy przekazywali swoje najnowsze wyniki prac hodowlanych i badań naukowych. Ostatnie seminarium, które prowadził nosi 449 numer. Jego głos w dyskusji był pilnie słuchany przez magistrantów, pracowników Katedry, jak i zgromadzonych hodowców i naukowców. Głębokie przemyślenia i przedstawienie wcześniejszych i aktualnych problemów wprowadzania postępu hodowlanego do rolnictwa były przykładem Jego głębokiej wiedzy i doświadczenia.

Profesor Lonc należał do cenionych uczonych w Polsce. Wybierano go przez wiele kadencji w skład Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin Polskiej Akademii Nauk (1976–2003). Był członkiem Rad Naukowych: Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin (1980–1995), Instytutu Genetyki Roślin PAN (1984–2002), Centralnego Laboratorium Przemysłu Tytoniowego (1984–1990), Rady Naukowo-Technicznej przy Ministrze Rolnictwa (1971–1974), Rady Hodowlano-Nasiennej przy Zjednoczeniu Hodowli Roślin i Nasiennictwa (1974–1982) i kuratorem krajowych badań nad zastosowaniem metod matematycznych w genetyce i hodowli roślin (1978–1990). Odbił siedem zagranicznych staży naukowych.

Ukoronowaniem Jego działalności naukowo-organizacyjnej było sześć cyklicznych ogólnopolskich i międzynarodowych Sympozjów Genetyki Ilościowej Roślin Uprawnych, na których mogli się spotkać twórcy metod statystycznych z ich użytkownikami.

Został odznaczony Krzyżem Kawalerskim Orderu Odrodzenia Polski, Medalem Komisji Edukacji Narodowej, Medalem Zasłużony dla Akademii Rolniczej oraz Medalem Zasłużony dla Wydziału Rolniczego oraz nagrodami Ministra i Rektora AR.

W osobie profesora Lonca straciliśmy Człowieka wielkiego umysłu, odważnie podejmującego niekonwencjonalne, trudne badania naukowe, świetnego dydaktyka przekazującego skutecznie wiedzę młodszym kolegom w Katedrze i innych jednostek badawczych w Polsce.

prof. Jan Kaczmarek

WIESŁAW MĄDRYKatedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część I. Podstawy teoretyczne

Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses of stability and adaptation of genotypes Part I. Theoretical considerations

Przedstawiono najważniejsze elementy teorii modelu mieszanego Shukli i wyprowadzonego z niego modelu regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (model *E-R-S*). Podano możliwe proste i efektywne estymatory i testy dla parametrów tych modeli w przypadku danych w kompletnej klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska, pochodzących z serii doświadczeń odmianowych. Przedmiotem wnioskowania są średnie genotypowe oraz inne parametry wymienionych modeli, zwane miarami stabilności genotypów. W modelu Shukli miarą stabilności jest wariancja interakcyjna, nazywana wariancją stabilności (σ^2_i), zaś w modelu regresji łącznej *E-R-S* są to współczynnik regresji (β_i lub b_i), wariancja reszt regresyjnych ($\sigma^2_{d(i)}$ i $\sigma^2_{s(i)}$) oraz współczynnik determinacji (R^2_i). Podane estymatory miar stabilności zostały uzyskane za pomocą metody MINQUE w modelu Shukli (1972) lub przybliżonej zwykłej metody najmniejszych kwadratów PZNK w modelu *E-R-S* (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002). Do badania istotności tych parametrów zastosowano dokładne lub przybliżone testy F. Stwierdzono, że przedstawione narzędzia statystyczne w modelu Shukli dla danych kompletnych mają własności optymalne, natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów i oraz przewagi wariancji środowiskowej σ^2_e nad wariancjami pozostałych efektów losowych (Piepho, 1998; Mądry, 2002), co w praktyce jest często spełnione. Z tych rozważań i literatury wynika, że modele Shukli i *E-R-S* mogą być praktycznie przydatne do analizy stabilności i adaptacji genotypów.

Słowa kluczowe: analiza stabilności i adaptacji genotypów, metoda MINQUE, model Shukli, model regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*), przybliżona zwykła metoda najmniejszych kwadratów PZNK, seria doświadczeń odmianowych

The most important theoretical problems of the mixed Shukla's model and a joint regression model called Eberhart-Russell-Shukla model (*E-R-S* model) — (Piepho, 1999) are presented in this paper. Rather simple and efficient estimators and tests for parameters of the models are shown for a case of complete genotype-environment classification. Genotypic means and other parameters of the models,

called stability measures, are considered. In the Shukla's model a stability variance (σ^2_i) is stability measure and in the joint regression model *E-R-S*, stability measures are regression coefficient (β or b_i), residual variance ($\sigma^2_{d(i)}$ and $\sigma^2_{\delta(i)}$) as well as determination coefficient (R^2_i). The given estimators of these stability measures in the models have been obtained using MINQUE method in Shukla's model (1972) or ordinary approximated minimum least squares method (OALS) in the *E-R-S* model (Eberhart and Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002). These tools are useful only for data in balanced (complete) two-way genotype $\times$ environment classifications. Tests F, both usual and approximated ones, are recommended for testing hypothesis on stability measures in the models. The statistical tools in Shukla's model have optimal properties. The tools for all considered stability parameters in the *E-R-S* model could be almost optimal if the number of genotypes would be large and environmental variance σ^2_e would seriously dominate variances of all other random effects in the model (Piepho, 1998; Mądry, 2002). These conditions are usually fulfilled in practice. The considerations in the paper and in literature show that the models, both Shukla's and *E-R-S* ones could be useful in a study on stability and adaptation of genotypes in variety trials.

Key words: joint regression model of Eberhart-Russell-Shukla (*E-R-S* model), MINQUE method, ordinary approximate minimum least squares method (OALS method), series of variety trials, Shukla's model, stability and adaptation analyses of genotypes

WSTĘP

W hodowli, ocenie i rejestracji odmian rozpatruje się głównie dwa kryteria charakterystyki genotypów, tj. średnią badanej cechy ilościowej (głównie plonu i jego jakości oraz innych cech produktywności roślin) w środowiskach docelowego rejonu rolniczego oraz interakcję genotypowo-środowiskową. Interakcja genotypowo-środowiskowa jest często interpretowana w ramach analizy stabilności genotypów, która polega na statystycznej analizie reakcji badanej cechy ilościowej genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach i latach docelowego rejonu uprawowego (Kang, 1998; Nabugoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000). Jednoczesna charakterystyka genotypów względem ich średniej genotypowej i stabilności jest podstawą analizy adaptacji genotypów, polegającej na badaniu przewagi poziomu cechy każdego genotypu nad innymi genotypami w miejscowościach i latach rejonu docelowego (Eskridge i in., 1991; Kang, 1998; Sivapalan i in., 2000; Rajfura, 2002).

Do analizy stabilności i adaptacji genotypów wykorzystuje się dane z jednorocznej serii odmianowych doświadczeń wielokrotnych lub z serii odmianowych doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich. Na podstawie serii doświadczeń pierwszego rodzaju ocena stabilności i adaptacji genotypów odnosi się tylko do miejscowości w danym rejonie w badanym roku, zaś drugi rodzaj serii doświadczeń pozwala ocenić stabilność i adaptację genotypów w rejonie oraz określić ich powtarzalność w latach (Leon i Becker, 1988).

W obu rodzajach serii doświadczeń odmianowych do analizy stabilności i adaptacji genotypów stosuje się różne modele mieszane dla danych w dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej genotypy $\times$ środowiska, w której środowiskami są miejscowości (w serii jednorocznej) lub kombinacje miejscowości $\times$ lata z pominięciem ich klasyfikacji, albo też miejscowości w danym roku (Leon i Becker, 1988; Piepho, 1998; Nabugoomu i in., 1999) dla serii wielokrotnej i wieloletniej. Dla takich danych stosuje się prostszy, choć wystarczająco realistyczny, model Shukli (Caliński, 1960; Shukla, 1972; Piepho, 1999) lub uwzględniający najogólniejsze założenia, ale trudniejszy, model Scheffego-Calińskiego

(Caliński i in., 1995; Caliński i in., 1997). Każdy z wymienionych modeli może być stosowany zarówno w postaci podstawowej, jak i rozwiniętej, nazywanej modelem regresji łącznej (ang. joint regression models) — (Freeman, 1973; Nabugoomu i in., 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002). Niektóre parametry tych modeli nazywane są miarami stabilności. Miary stabilności oparte na modelach podstawowych pozwalają na ocenę podobieństwa reakcji cechy genotypu na środowiska w miejscowościach docelowego rejonu uprawowego do normy reakcji stabilnej rolniczo (Lin i in., 1986; Becker i Leon, 1988), która jest cenionym walorem odmiany względem plonu i cech produktywności roślin. Reakcja stabilna rolniczo cechy genotypu na środowiska jest określona jako zachowanie cechy proporcjonalne do jakości (urodzajności, żyzności) środowiska, określonej za pomocą odpowiednich wskaźników, np. średnich rozpatrywanej cechy dla badanych genotypów w środowiskach.

Miary stabilności oparte na modelach regresji łącznej ułatwiają ocenę reakcji cechy na środowiska dla tych genotypów, które okazały się niestabilne rolniczo (Eberhart i Russell, 1966; Lin i in., 1986). W analizie adaptacji można wykryć genotypy preferowane przy rejonizacji odmian, tj. najbardziej zbliżone do tych o szerokiej adaptacji (zazwyczaj przeważające w środowiskach rejonu) lub wąskiej adaptacji (przeważające w niektórych typach środowisk) dla ważnych cech rolniczych (Freeman, 1973; Kang, 1998; Rajfura, 2002).

Obecnie znane są trzy modele mieszane regresji łącznej dla dwukierunkowej klasyfikacji. Dwa z nich, pierwszy z równymi wariancjami reszt regresyjnych dla genotypów (Piepho, 1997, 1999), drugi zaś z nierównymi wariancjami tych reszt (Shukla, 1972; Piepho, 1997, 1999), stanowią odpowiednie modyfikacje modelu Shukli. Do rzeczywistości przystaje dobrze tylko drugi z tych modeli (Piepho, 1997, 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002). Nie jest on jeszcze tak dobrze opracowany i szeroko stosowany w Polsce, jak trzeci znany model mieszany regresji łącznej, który wywodzi się z modelu Scheffego-Calińskiego (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1997). Model mieszany regresji łącznej z nierównymi wariancjami reszt jest wzorowany na pomysłe Eberharta i Russella (1966) oraz Shukli (1972). Zatem nazwiemy go modelem Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*). Jego podstawy opracowali Shukla (1972) i Piepho (1997), są one podane w pracach Piepho i van Eeuwijka (2002) oraz Mądrego (2002). Narzędzia statystyczne w tym modelu przedstawili Shukla (1972) i Piepho (1997) dla danych w klasyfikacji kompletnej, zaś Piepho (1999) dla danych w klasyfikacji niekompletnej.

W tej dwuczęściowej pracy przedstawiono wybrane elementy teorii modeli Shukli i *E-R-S* oraz ich zastosowań w analizie stabilności i adaptacji genotypów. Celem tej pracy jest przedstawienie najważniejszych elementów teorii dla modeli Shukli i *E-R-S* oraz możliwie prostych i efektywnych narzędzi do wnioskowania z danych w klasyfikacji kompletnej.

MODEL SHUKLI I JEGO ANALIZA

Model

Model mieszany Shukli dla dwukierunkowej klasyfikacji o postaci genotypy środowiska ma postać (Caliński, 1960; Shukla, 1972; Magari i Kang, 1997; Piepho, 1998; 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + ge_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} = \mu + e_j + v_{ij} \quad (1)$$

gdzie $y_{ij\bullet}$ jest średnią obserwacji cechy z n powtórzeń (w serii doświadczeń założonych w układzie losowanych bloków) dla i -tego genotypu ($i = 1, \dots, I$) oraz j -tego środowiska ($j = 1, \dots, J$), μ jest średnią ogólną, g_i jest stałym efektem głównym i -tego genotypu, e_j jest losowym efektem głównym j -tego środowiska, ge_{ij} jest losowym efektem interakcji i -tego genotypu z j -tym środowiskiem, $\varepsilon_{ij\bullet}$ jest średnim błędem losowym, $v_{ij} = ge_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet}$.

Zakłada się, że:

- a) efekty losowe w modelu (1), tzn. e_j , ge_{ij} , $\varepsilon_{ij\bullet}$ oraz v_{ij} , mają łączny wielowymiarowy rozkład normalny z wartościami oczekiwanymi równymi zero i wariancjami odpowiednio:

$$\sigma_e^2, \sigma_{ge(i)}^2, \sigma^2 \text{ oraz } \sigma_i^2 = \sigma_{ge(i)}^2 + \sigma^2$$

oraz, że

- b) efekty losowe w obrębie każdego źródła zmienności i z różnych źródeł zmienności są niezależne.

Wariancja interakcyjna $\sigma_{ge(i)}^2$ oraz σ_i^2 , zwane wariancjami stabilności genotypów (Piepho, 1993, Magari i Kang, 1997), są głównymi miarami stabilności.

Genotyp stabilny w sensie rolniczym dla danej cechy wyróżnia się wariancją interakcyjną $\sigma_{ge(i)}^2$ równą zero.

Estymacja parametrów

Estymatory parametrów stałych w modelu (1), uzyskane zwykłą metodą najmniejszych kwadratów, o postaci:

$$\hat{\mu} = y_{\dots}, \hat{\mu}_i = y_{i\bullet\bullet}, \hat{g}_i = y_{i\bullet\bullet} - y_{\dots} \quad (2)$$

są nieobciążone i najefektywniejsze dla danych w klasyfikacji kompletnej (Searle, 1987; Caliński i in., 1997). Wariancje stabilności σ_i^2 można ocenić za pomocą estymatora MINQUE (Shukla, 1972, Piepho, 1993):

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{(J-1)(I-1)(I-2)} \left[I(I-1)W_i - \sum_{s=1}^I W_s \right], \quad (3)$$

gdzie:

$$W_i = \sum_j (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet} - y_{\bullet j\bullet} + y_{\dots})^2$$

Testowanie hipotez

Hipotezę globalną o braku zróżnicowania głównych efektów genotypowych można testować przybliżonym testem F (Piepho, 1996), gdy $I > J$, czyli kiedy nie można stosować statystyki Hotellinga (Caliński i in., 1997). Hipotezy szczegółowe $H_{g(i)} : g_i = 0$ dla

dowolnego $i = 1, \dots, I$ można testować testem F, dla którego funkcja testowa z liczbami stopni swobody $v_1=1$ oraz $v_2 = v_e = J-1$ ma postać (Caliński i in., 1997):

$$F_{g(i)} = \frac{J(J-1)\hat{g}_i^2}{S_{ge,ii}}, \quad (4)$$

gdzie:

$$S_{ge,ii} = \sum_{j=1}^J (y_{ij\bullet} - y_{\bullet j\bullet})^2 - J(y_{i\bullet\bullet} - y_{\bullet\bullet\bullet})^2$$

jest i -tym elementem diagonalnym macierzy S_{ge} .

Natomiast dla testowania hipotez szczegółowych $H_{ge(i)} : \sigma_{ge(i)}^2 = 0$ dla dowolnego i , proponuje się przybliżony test F (Shukla, 1972), dla którego funkcja testowa z liczbami stopni swobody $v_1=J-1$ oraz $v_2=J(I-1)(n-1)$ ma postać:

$$F_{ge(i)} = \frac{\hat{\sigma}_i^2}{MS_{\bar{\varepsilon}}} \quad (5)$$

gdzie $MS_{\bar{\varepsilon}}$ jest średnim kwadratem błędu średniego.

MODEL E-R-S I JEGO ANALIZA

Model

Po przedstawieniu efektów interakcyjnych w modelu (1) w postaci multiplikatywnej, tzn. $ge_{ij} = \beta_i e_j + d_{ij}$, otrzymujemy model mieszany regresji łącznej E-R-S o postaci (Eberhart i Russell, 1966, Shukla, 1972, Piepho, 1997, Mądry, 2002):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + \beta_i e_j + d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} = \mu + g_i + b_i e_j + d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} \quad (6)$$

gdzie β_i jest współczynnikiem regresji liniowej efektów interakcyjnych od głównych efektów środowiskowych dla i -tego genotypu, $b_i (=1+\beta_i)$ jest współczynnikiem regresji średnich $y_{ij\bullet}$ od głównych efektów środowiskowych dla i -tego genotypu, d_{ij} jest nie obserwowalną resztą regresyjną (odchyleniem od regresji) dla i -tego genotypu w j -tym środowisku.

Model (6) można sprowadzić do zredukowanej postaci (Piepho, 1997, 1998, 1999):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + \beta_i e_j + \delta_{ij} = \mu + g_i + b_i e_j + \delta_{ij} \quad (7)$$

gdzie: $\delta_{ij} = d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet}$.

jest obserwowalną resztą regresyjną.

Zaletą modelu (7) jest ułatwienie analizy statystycznej w praktyce oraz umożliwienie wnioskowania na podstawie danych z doświadczeń jednopowtórzeniowych.

Zakłada się, że reszty regresyjne dla genotypów są niezależne i mają nierówne wariancje odpowiednio $\sigma_{d(i)}^2$ i $\sigma_{\delta(i)}^2$. Są one niezależne od głównych efektów środowiskowych. Takie założenia wydają się być rozsądne i mogą być bliskie rzeczywistości (Eberhart i Russell, 1966, Piepho, 1997, 1998, 1999).

Parametry modeli E-R-S (6) i (7) dostarczają czterech regresyjnych miar stabilności genotypów (Lin i in., 1986, Becker i Leon, 1988). Są nimi współczynnik regresji β_i (lub

b_i), wariancje reszt $\sigma^2_{d(i)}$ i $\sigma^2_{\delta(i)}$, oraz współczynnik determinacji R^2_i . Współczynnik regresji β_i lub b_i charakteryzuje przeciętną liniową reakcję cechy i -tego genotypu na jakość środowiska, czyli trend środowiskowy. Natomiast wariancje reszt $\sigma^2_{d(i)}$ i $\sigma^2_{\delta(i)}$, oraz współczynnik determinacji R^2_i są miarami ścisłości trendu środowiskowego, tzn. dokładności opisu rzeczywistej reakcji cechy i -tego genotypu na jakość środowiska za pomocą funkcji regresji (funkcji trendu) z modelu (6), czyli:

$$E(y_{ij}/e_j) = \mu + g_i + b_ie_j$$

Regresyjne miary stabilności, tj. β_i , $\sigma^2_{d(i)}$ lub $\sigma^2_{\delta(i)}$ oraz R^2_i określają rodzaj i stopień odstępstwa reakcji cechy genotypów na środowiska od reakcji stabilnej rolniczo. Wskazują one na intensywny lub ekstensywny trend środowiskowy oraz na dokładność opisu środowiskowej reakcji cechy genotypu przez funkcję regresji:

$$E(y_{ij}/e_j) = \mu + g_i + b_ie_j$$

Estymacja parametrów

Estymatory współczynników regresji β_i oraz b_i , uzyskane za pomocą przybliżonej zwykłej metody najmniejszych kwadratów (PZNK), mają postać (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Piepho, 1993, 1998):

$$\hat{\beta}_i = \hat{b}_i - 1 = \frac{\sum_j y_{ij} \cdot (y_{\cdot j} - y_{\dots})}{\sum_j (y_{\cdot j} - y_{\dots})^2} - 1 = \frac{\sum_j (y_{ij} - y_{\cdot i})(y_{\cdot j} - y_{\dots})}{\sum_j (y_{\cdot j} - y_{\dots})^2} \quad (8)$$

Estymator (8) ma coraz lepsze własności względem rosnącej liczby genotypów I oraz przewagi wariancji σ^2_e nad wariancjami reszt $\sigma^2_{d(i)}$ (Mądry, 2002). Badania eksperymentalne (Yau, 1995; Nabugoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000) wskazują, że zazwyczaj wariancja środowiskowa σ^2_e przeważa znacznie nad wariancjami reszt $\sigma^2_{d(i)}$.

Estymatorem wariancji $\sigma^2_{\delta(i)}$ jest (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002):

$$\hat{\sigma}^2_{\delta(i)} = \frac{SS_{d(i)}}{J - 2} \quad (9)$$

gdzie $SS_{d(i)}$ jest sumą kwadratów dla reszt regresyjnych w analizie wariancji (Mądry, 2002).

Testowanie hipotez

W praktyce testujemy hipotezy szczegółowe $H_{\beta(i)} : \beta_i = 0$ dla dowolnego $i = 1, 2, \dots, I$ za pomocą dość dokładnego testu F, przy dużych I oraz J (Freeman, 1973). Funkcja testowa dla tych hipotez ma postać (Eberhart i Russell, 1966; Perkins i Jinks, 1968):

$$F_{\beta(i)} = \frac{SS_{r(i)}}{SS_{d(i)} / (J - 2)} \quad (10)$$

gdzie $SS_{r(i)}$ jest sumą kwadratów dla regresji w analizie wariancji (Mądry, 2002). Funkcja testowa $F_{\beta(i)}$ w (10) ma w przybliżeniu rozkład F z $v_1 = 1$ oraz $v_2 = (J - 2)$ stopniami swobody, gdy hipoteza $H_{\beta(i)}$ jest prawdziwa.

Po odrzuceniu hipotezy globalnej o braku reszt regresyjnych (Rajfura, 2002), testuje się hipotezy szczegółowe: $H_{d(i)} : \sigma^2_{d(i)} = 0$ dla dowolnego $i = 1, 2, \dots, I$. Traktują one, że i -ty genotyp jest w pełni przewidywalny (stabilny w sensie reszt regresyjnych). Do ich

testowania stosujemy przybliżony test F z funkcją testową postaci (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972):

$$F_{d(i)} = \frac{SS_{d(i)} / (J - 2)}{MS_{\bar{\epsilon}}} \quad (11)$$

gdzie $MS_{\bar{\epsilon}}$ jest średnim kwadratem dla błędu średniego z $v_{\bar{\epsilon}} = J(I-1)(n-1)$ stopniami swobody w analizie wariancji (Mądry, 2002). Funkcja testowa $F_{d(i)}$ w (11) ma w przybliżeniu rozkład F z $v_1 = (J-2)$ i $v_2 = J(I-1)(n-1)$ stopniami swobody, gdy $H_{d(i)}$ jest prawdziwa.

DYSKUSJA

Inspiracją przedstawionych podstaw teoretycznych modeli Shukli i *E-R-S* były prace Eberharta i Russella (1966), Shukli (1972) oraz Piepho (1993). Wnioskowanie w modelu Shukli na podstawie danych w klasyfikacji kompletnej jest optymalne w sensie statystycznym lub bliskie optymalnemu. Natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu regresji łącznej *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów I oraz przewagi wariancji środowiskowej σ_e^2 nad wariancjami pozostałych efektów losowych (Piepho, 1993; Mądry, 2002). Z wielu badań (Yau, 1995; Nabugoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000; Piepho i van Eeuwijk, 2002) wynika, że w praktyce częściej spełnione są warunki, w których narzędzia z metody PZNK mają dobre własności, niż warunki konieczne dla dobrych własności innych narzędzi, np. z metody REML (Piepho, 1999; Mądry, 2002).

WNIOSKI

Z przedstawionej pracy wynikają następujące wnioski:

1. podane narzędzia statystyczne w mieszanym modelu Shukli dla danych w kompletnej dwukierunkowej klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska mają własności optymalne, natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu regresji łącznej *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów I oraz przewagi wariancji środowiskowej σ_e^2 nad wariancjami pozostałych efektów losowych, co w praktyce jest często spełnione,
2. modele Shukli i *E-R-S* mogą być odpowiednią, i praktycznie przydatną podstawą do statystycznego wnioskowania w analizie stabilności i adaptacji genotypów na podstawie danych z kompletnej, jednorocznej lub wieloletniej serii wielokrotnej doświadczeń odmianowych.

LITERATURA

- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1 — 23.
- Caliński T. 1960. On a certain statistical method of investigating interaction in serial experiments with plant varieties. *Bull. de l'Acad. Polonaise des Sci.* 8:565 — 568.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype — environment interactions. In: „Advances in Biometrical Genetics”. Krajewski P., Kaczmarek Z (eds.), Poznań: 3–14

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN-a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biuletyn Oceny Odmian* 26-27:39 — 41.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6:36 — 40.
- Eskridge K. M., Byrne P. F., Crossa J. 1991. Selecting stable cultivars by minimizing the probability of disaster. *Field Crops Research* 27:169 — 181.
- Freeman G. H. 1973. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. *Heredity* 31:339 — 354.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. *Roczniki AR w Poznaniu, Rozprawy Naukowe*, Poznań.
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advances in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Leon J., Becker H. C. 1988. Repeatability of some statistical measures of phenotypic stability – correlations between single year results and multi years results. *Plant Breeding* 100:137 — 142.
- Lin C. S., Binns M. R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 26:894 — 900.
- Mądry W. 2002. Model mieszany regresji łącznej z nierównymi wariancjami reszt. *XXXII Coll. Biom.* 141 — 157.
- Magari R., Kang M. S. 1997. SAS-STABLE: Stability analysis of balanced and unbalanced data. *Agron. J.* 90: 929 — 932.
- Nabugoomu F., Kempton R. A., Talbot M. 1999. Analysis of series of trials where varieties differ in sensitivity to locations. *J. Agric. Biol. Env. Stat.* 4:310 — 325.
- Perkins J. M., Jinks J. L. 1968. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. *Heredity* 23: 339 — 346.
- Piepho H. P. 1993. Use of the maximum likelihood method in the analysis of phenotypic stability. *Biom. J.* 35: 815 — 822.
- Piepho H. P. 1996. Comparing cultivar means in multilocation trials when the covariance structure is not circular. *Heredity* 76: 198 — 203.
- Piepho H. P. 1997. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative effects. *Biometrics*, 53: 761 — 766.
- Piepho H. P. 1998. Methods for comparing the yield stability of cropping systems — a review. *J. Agron. Crop Sci.* 180: 193 — 213.
- Piepho H. P. 1999. Stability analysis using the SAS system. *Agron. J.* 91: 154 — 160.
- Piepho H. P., van Eeuwijk F. A. 2002. Stability analyses in crop performance evaluation. In: *Crop improvement: Challenges in the twenty-first century*. Kang, M. (ed.). Food Products Press, Binghamton, New York: 307 — 342.
- Rajfura A. 2002. Zastosowanie statystycznych miar stabilności i analizy skupień do oceny i selekcji genotypów owsa i pszenicy jarej. Praca doktorska, SGGW, Warszawa.
- Searle S. R. 1987. Linear models for unbalanced data. J. Wiley & Sons, New York: 490.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype x environment components of variability, *Heredity* 29: 237 — 245.
- Sivapalan S., O'Brien L. O., Ortiz-Ferrera G., Hollamby G. J., Barclay I., Martin P. J. 2000. An adaptation analysis of Australian and CIMMYT/ICARDA wheat germplasm in Australian production environments. *Aust. J. Agric. Res.* 51: 903 — 915.
- Yau S. K. 1995. Regression and AMMI analyses of genotype x environment interactions: an empirical comparison. *Agron. J.* 87: 121 — 126.

WIESŁAW MĄDRYKatedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część II. Przykład dla pszenicy jarej

**Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses
of stability and adaptation of genotypes**

Part II. An example for spring wheat

Celem niniejszej pracy jest zastosowanie narzędzi statystycznych podanych w pierwszej części pracy do wnioskowania o stabilności i adaptacji plonowania genotypów (rodów) pszenicy jarej na podstawie danych dla plonu ziarna z jednorocznej wielokrotnej serii doświadczeń odmianowych. W tej serii doświadczeń badano 25 rodów w 10 miejscowościach. Podzielono rody na grupy genotypów stabilnych rolniczo, o szerokiej adaptacji, intensywnych, ekstensywnych i nieregularnych (nieprzewidywalnych). Stwierdzono, że analiza regresji łącznej okazała się mało skuteczna w wyjaśnianiu zmienności efektów interakcyjnych plonu ziarna, pozwoliła ona jednak na praktycznie wystarczającą analizę przyczyn niestabilnej rolniczo reakcji plonu genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach badanego rejonu oraz umożliwiła wydzielenie grup genotypów o intensywnym i ekstensywnym trendzie środowiskowym plonowania, których reakcja jest zazwyczaj słabo przewidywalna. Rozpatrywane modele mieszane Shukli i regresji łącznej *E-R-S* oraz metody statystyczne z racji na stosunkowo prostą treść formalną oraz wystarczającą efektywność statystyczną i praktyczną w rozwiązywaniu typowych problemów oceny i selekcji genotypów w procesie ich hodowli i testowania oraz rejonizacji odmian mają szansę stać się, obok modeli Scheffego-Calińskiego, rutynowym narzędziem statystycznym, którego wciąż nie wprowadzono szeroko do tej praktyki, mimo merytorycznego uzasadnienia.

Słowa kluczowe: analiza stabilności i adaptacji rodów, klasyfikacja rodów, model Shukli, model regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*), pszenica jara, seria doświadczeń odmianowych

The aim of the paper is application of statistical procedures, given in the first part of the paper, to stability and adaptation analysis of spring wheat genotypes using grain yield data obtained in a multilocation series of variety trials. In the series 25 genotypes were tested in 10 locations. These genotypes were divided into some groups including stable genotypes, genotypes widely adapted, as well as intensive, extensive and irregular genotypes. It was been proven that the joint regression analysis

was less effective in explaining variability of interaction effects. However, it allowed studying unstable response of grain yield of genotypes to environmental conditions in locations of a target region. The Shukla's mixed model and the mixed E-R-S model, together with their statistical tools, could be efficient approaches, like Scheffe-Caliński's models, in solution of typical problems appearing in crop breeding and testing of genotypes.

Key words: classification of genotypes, joint regression model of Eberhart-Russell-Shukla (E-R-S model), series of variety trials, Shukla's model, spring wheat, stability and adaptation analyses of genotypes

WSTĘP

Współcześnie do analizy stabilności i adaptacji genotypów względem cech produktywności i jakości plonu roślin uprawnych na podstawie danych w klasyfikacji genotypy*środowiska z serii doświadczeń odmianowych, stosuje się najczęściej na świecie model mieszany Shukli (Caliński, 1960; Shukla, 1972), zarówno w wersji podstawowej, jak i zmodyfikowanej, zwanej mieszanym modelem regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli, w skrócie *E-R-S* (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Piepho, 1999). Zastosowanie metod wnioskowania statystycznego w tych modelach zostało wdrożone za pomocą programów komputerowych w systemie SAS, zarówno dla danych kompletnych, jak i niekompletnych (Magari i Kang, 1997; Piepho, 1999). Natomiast w Polsce jest szeroko znany i stosowany, alternatywny w stosunku do modelu Shukli, model mieszany Scheffego-Calińskiego (Caliński i in., 1997; Rajfura, 2002). Podobnie, jak model Shukli, jest on rozpatrywany także w wersji podstawowej i w postaci modelu regresji łącznej (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1997). Wnioskowanie statystyczne w obu tych modelach Scheffego-Calińskiego na podstawie danych kompletnych zostało wdrożone w postaci efektywnego pakietu komputerowego SERGEN (Caliński i in., 1995). Obie pary modeli Shukli i Scheffego-Calińskiego mają odpowiadająco (modele podstawowe i modele regresji łącznej) porównywalną przydatność praktyczną, ponieważ prowadzą do podobnych lub nawet identycznych wniosków merytorycznych o podobnej jakości statystycznej (Rajfura, 2002).

W pierwszej części tej dwuczęściowej pracy podano w skrócie podstawy teoretyczne konstrukcji modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S*, podstawy miar stabilności opartych na tych modelach oraz możliwie proste i efektywne narzędzia do wnioskowania statystycznego w tych modelach w zastosowaniu do analizy stabilności i adaptacji genotypów na podstawie danych w kompletnej klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska. Celem niniejszej, drugiej części, pracy jest zastosowanie tych narzędzi statystycznych do wnioskowania w analizie stabilności i adaptacji plonowania genotypów (rodów) pszenicy jarej na podstawie danych dla plonu ziarna z jednorocznej wielokrotnej serii doświadczeń odmianowych.

OPIS JEDNOROCZNEJ SERII WIELOKROTNEJ DOŚWIADCZEŃ ODMIANOWYCH

Dane dla plonu ziarna otrzymano z wielokrotnej, kompletnej serii doświadczeń odmianowych przeprowadzonych na 25 genotypach pszenicy jarej w 10 miejscowościach

w roku 1983. Rozpatrywana seria doświadczeń odmianowych została wykonana przez przedsiębiorstwo Hodowla Roślin „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach k/Wrocławia. Przyjęto, że miejscowości te stanowiły próbę losową z populacji środowisk składających się na południowo-zachodni rejon kraju w badanym sezonie wegetacyjnym. W każdej miejscowości doświadczenia były zakładane w układzie losowanych bloków w czterech powtórzeniach. Do analizy wykorzystano średnie wartości plonu ziarna w dt/ha obliczone dla 4 powtórzeń, dla każdego z 25 genotypów, w każdej z 10 miejscowości. Dane te uporządkowano w postaci kompletnej dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej o postaci $\text{genotypy}^{\circ} \times \text{środowiska}$ (miejscowości). Na podstawie poletkowych obserwacji plonu w każdej miejscowości wykonano jednoczynnikowe analizy wariancji, w których wyznaczono średnie kwadraty odchyleń dla błędu. Posłużyły one do obliczenia wspólnego średniego kwadratu odchyleń dla błędu średniego w analizie wariancji opartej na modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S*.

Wszystkie obliczenia do analiz statystycznych danych i wnioskowania w modelach Shukli i *E-R-S* wykonano za pomocą programu STABLE (Kang i Magari, 1995) oraz programu SERGEN (Caliński i in., 1995).

ANALIZA WARIANCJI

Wyniki analizy wariancji według modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S* przedstawiono w tabeli 1. W tym przykładzie liczba genotypów I przewyższa liczbę środowisk J , zatem nie można użyć funkcji testowej Hotellinga do weryfikacji hipotezy globalnej $H_{g(i)} : g_i = 0$ dla każdego $i = 1, \dots, I$, czyli hipotezy o braku efektów głównych wszystkich genotypów w modelu Shukli (Caliński i in., 1995, 1997; Piepho, 1996). Hipotezę tę weryfikowano przy użyciu testu F z przybliżeniem Boxa (Piepho, 1996). Dwie następne hipotezy globalne o zerowej wariancji głównych efektów środowiskowych i zerowych wariancjach interakcyjnych dla wszystkich genotypów testowano za pomocą dokładnych testów F (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1995, 1997). W modelu *E-R-S* weryfikowano hipotezę globalną $H_{\beta(i)} : \beta_i = 0$ dla każdego $i = 1, 2, \dots, I$, czyli hipotezę o braku regresji efektu interakcji każdego genotypu względem efektu środowiska. Zastosowano dość dokładny, przy dużych I oraz J , test F , którego funkcja testowa jest ilorazem średniego kwadratu dla regresji i średniego kwadratu dla odchyleń regresyjnych (Freeman, 1973; Mądry, 2002). W rozpatrywanym przykładzie liczby genotypów i środowisk, równe odpowiednio 25 i 10, zapewniały w istocie dobre własności testu F przy testowaniu tej hipotezy.

Wszystkie weryfikowane hipotezy globalne zostały odrzucone w obu modelach. Tym samym stwierdzono istotne zróżnicowanie średnich genotypowych w badanym rejonie docelowym, istotną interakcję genotypowo-środowiskową, istotną regresję liniową efektu interakcji względem efektu środowiska, ale też istotną część interakcji nie wyjaśnioną przez regresję. Zatem badane genotypy różniły się pod względem średniego plonowania w rejonie, nie wszystkie były stabilne w sensie rolniczym (istotna wariancja interakcyjna co najmniej dla jednego genotypu), co najmniej jeden genotyp wyróżniał się istotnym trendem środowiskowym intensywnym lub ekstensywnym plonowania oraz co najmniej

jeden genotyp nie był stabilny w sensie reszt regresyjnych (wariancja tych reszt jest niezerowa). Regresja liniowa wyjaśniała około 30% zmienności efektów interakcyjnych.

Tabela 1

Analiza wariancji według modeli Shukli i E-R-S dla plonu ziarna pszenicy jarej
Analysis of variance based on Shukla's and E-R-S models for grain yield of spring wheat

Źródła zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Sumy kwadratów Sums of squares	Średnie kwadraty Mean of squares	F
Genotypy (G) Genotypes (G)	24	1702,44	70,93	5,06**
Miejscowości (E) Locations (E)	9	50996,00	5666,22	1886,16**
Interakcja G×E w tym: Interaction G×E including:	216	3027,69	14,02	4,67**
Regresja Regression	24	909,25	37,89	3,43**
Odchylenia od regresji (reszty) Deviations from regression (residuals)	192	2118,44	11,03	3,67**
Błąd średni Mean error	720		3,00	

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$

** — Significant at the level $\alpha = 0.01$

ESTYMACJA I TESTOWANIE HIPOTEZ SZCZEGÓŁOWYCH DLA MIAR STABILNOŚCI

Wyniki estymacji miar stabilności i testowania hipotez szczegółowych dla każdego genotypu w obydwu modelach przedstawiono w tabeli 2. Dla 9 genotypów stwierdzono istotne efekty genotypowe, w tym dla 5 genotypów były dodatnie (genotypy te plonowały powyżej średniej ogólnej), a dla 4 genotypów były one ujemne (genotypy te plonowały poniżej średniej ogólnej). Dla pozostałych 16 genotypów efekty genotypowe nie zostały odróżnione od zera (są to genotypy plonujące w badanym rejonie i roku na średnim poziomie).

Stwierdzono dwa następujące genotypy o plonowaniu stabilnym rolniczo: RAH506 (G22) oraz MG0009 (G11). W obu przypadkach nie odrzucono hipotezy szczegółowej o braku interakcji genotypowo-środowiskowej.

Na podstawie oszacowania wariancji stabilności σ_i^2 można wskazać także takie genotypy, które najmniej odbiegają od normy stabilnego plonowania, ponieważ dla nich stwierdzono stosunkowo niewielką wariancję stabilności. Za takowe można uważać genotypy KOH64/6/ (G2), POA2143/ (G5), KOC1978/ (G17) i KOC5264/ (G20). Dla nich hipotezę o braku interakcji odrzucono na poziomie istotności $\alpha = 0,05$, ale nie odrzucono jej przy $\alpha = 0,01$.

Przy wykorzystaniu wyników analizy statystycznej współczynników regresji i wariancji reszt regresyjnych zamieszczonych w tabeli 2 możliwy jest bardziej wnikliwy opis niestabilnego rolniczo plonowania rozważanych genotypów w rejonie docelowym. Dla genotypów o rolniczo stabilnym plonowaniu, stwierdzonym na podstawie analizy wariancji stabilności σ_i^2 , otrzymano oceny współczynników regresji β_i nie różniące się

istotnie od zera, przy nie stwierdzonej jednocześnie wariancji reszt regresyjnych $\sigma^2_{d(i)}$. Natomiast wśród genotypów o niestabilnym plonowaniu stwierdzono 3 wykazujące intensywny trend plonowania, tj. KOC1721/ (G16), KOC1713/ (G15), KOC3155/ (G18). Plonowanie dwóch pierwszych genotypów jest przewidywalne z dużą dokładnością w badanym rejonie docelowym na podstawie żyzności gleby mierzonej wcześniejszym plonowaniem owsa w środowiskach miejscowości (wariancje reszt $\sigma^2_{d(i)}$ były nieistotne oraz ocena współczynnika determinacji była na wysokim poziomie, tj.

$$\hat{R}^2_{16} = 86\%, \quad \hat{R}^2_{15} = 77\%$$

Plonowanie genotypu G18 jest przewidywalne z raczej małą dokładnością (wariancja reszt $\sigma^2_{d(i)}$ była istotnie różna od zera, zatem genotyp jest niestabilny w sensie reszt, współczynnik determinacji: $\hat{R}^2_{18} = 46\%$).

Tabela 2

Oceny i funkcje testowe F dla miar stabilności w modelach Shukli i regresji łącznej E-R-S dotyczące plonu ziarna pszenicy jarej
Estimates and F statistics for stability measures in Shukla's and E-R-S models used in grain yield stability analysis of spring wheat

Genotypy Genotypes		Efekty genotypowe i interakcyjne Genotypic and interaction effects		Współczynniki regresji Regression coefficients		Reszty regresyjne Regression residuals		Współczynnik determinacji Determination coefficient
		$\hat{g}_i$	$\hat{\sigma}^2_i$	$\hat{\beta}_i = \hat{\beta}'_i$	$F_{\beta(i)}$	$\hat{\sigma}^2_{d(i)}$	$F_{d(i)}$	$\hat{R}^2_i$ (%)
G12	KOC1552/	4,42**	11,45*	-0,01	0,00	13,08**	4,32	0,05
G16	KOC1721/	3,87*	22,87*	0,29*	48,20	3,28	1,20	85,77
G21	KOC6425/	3,40*	11,57*	0,07	0,93	11,79**	3,91	10,45
G14	RAH-501	2,68	18,58*	0,06	0,35	20,20**	6,60	4,21
G19	KOC3946/	2,47*	11,75*	-0,13	3,82	8,93**	3,00	32,34
G13	KOC1577/	2,40*	8,90*	0,07	1,14	8,89**	2,99	12,45
G15	KOC1713/	2,10	17,88*	0,24*	26,78	4,31	1,53	77,00
G24	JARA	1,82	7,25**	0,06	1,16	7,25*	2,46	12,65
G2	KOH64/6/	1,70	6,47*	-0,10	4,45	4,64	1,63	35,73
G20	KOC5264/	0,91	6,77*	0,07	1,57	6,46*	2,21	16,43
G9	SOA228-6	0,83	12,39**	-0,08	1,23	12,20**	4,05	13,32
G22	RAH506	0,72	1,51	-0,02	0,25	1,84	0,74	2,98
G18	KOC3155/	0,32	44,32**	0,29*	6,76	26,93**	8,74	45,79
G17	KOC1978/	0,28	6,84*	0,03	0,24	7,66**	2,60	2,95
G11	MG0009	-0,11	3,55	0,01	0,04	4,17	1,48	0,52
G4	HEC1032/	-0,91	8,91**	0,02	0,12	10,06**	3,36	1,54
G8	SOA233-8	-1,40	19,00**	-0,20*	7,44	10,95**	3,65	48,19
G25	KOLIBRI	-1,99	14,64**	-0,16*	5,49	9,69**	3,24	40,71
G6	POAM70/3	-2,19	10,76**	-0,07	0,81	11,13**	3,70	9,22
G1	KOH114/7	-2,22	24,27**	-0,23*	9,14	12,58**	4,17	53,32
G23	ALFA	-2,62	23,37**	-0,07	0,46	25,04**	8,14	5,40
G10	NAD465/7	-3,48**	7,79**	0,05	0,75	8,17*	2,76	8,52
G7	SOA513-3	4,01*	23,26**	-0,19	4,40	16,85**	5,53	35,47
G3	HEC1031/	-4,20*	20,41**	0,01	0,01	23,15**	7,54	0,10
G5	POA2143/	-4,80**	5,94*	-0,03	0,31	6,62*	2,27	3,67

*, ** — Istotne przy $\alpha = 0,05$; $\alpha = 0,01$ w testowaniu pojedynczym za pomocą testu F

*, ** — Significant at the level $\alpha = 0.05$; $\alpha = 0.01$ using simple F test procedure

Stwierdzono także 3 genotypy wykazujące ekstensywny trend plonowania, tj. SOA233-8 (G8), KOLIBRI (G25), KOH114/7 (G1) — wszystkie przewidywalne z niewielką dokładnością (niestabilne w sensie reszt, ze współczynnikami determinacji w granicach 41%–53%). Pozostałe genotypy oceniono jako nie przewidywalne, czyli nie wykazujące środowiskowego trendu plonowania.

PRAKTYCZNE WYKORZYSTANIE WNIOSKÓW STATYSTYCZNYCH DO KLASYFIKACJI GENOTYPÓW

Na rozpatrywanym przykładzie empirycznym zobrazowano praktyczny sposób wykorzystania wyników wnioskowania statystycznego w modelach Shukli i regresji łącznej *E-R-S* do oceny stabilności i adaptacji genotypów, przydatnej do selekcji i rejonizacji odmian. Ten sposób, inspirowany przez pomysły Finlaya i Wilkinsona (1963), Beckera i Leona (1988), a głównie Kaczmarka (1986) oraz Kaczmarka i wsp. (1997), polega na podziale genotypów na klasy, które są zdefiniowane *a priori* według ich średnich genotypowych oraz rodzaju stabilności. Zdefiniowano *a priori* 12 klas genotypów, biorąc pod uwagę dwa kryteria ich oceny, tzn. średnią plonowania (efekt g_i) oraz rodzaj stabilności. Wyniki klasyfikacji 25 badanych genotypów przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 3

Klasyfikacja genotypów pszenicy jarej ze względu na efekty genotypowe i stabilność plonu ziarna Classification of spring wheat genotypes with respect to genotypic effects and stability of grain yield

Plon Yield	Genotypy stabilne rolniczo Stable genotypes ($\sigma^2_{ge(i)} = 0$)			Genotypy niestabilne rolniczo Unstable genotypes								
				genotypy intensywne intensive genotypes ($\beta_i>0$)			genotypy ekstensywne extensive genotypes ($\beta_i < 0$)			genotypy nieregularne (nie przewidywalne) irregular genotypes ($\beta_i=0$)		
Wysoki High ($g_i>0$)				G16	3,28 ¹	86% ²				G19	8,83**	32%
										G13	8,89**	12%
										G21	11,79**	10%
										G12	13,08**	0%
Średni Average ($g_i= 0$)	G22	1,84	3%	G15	4,31	77%	G25	9,69**	41%)	G2	4,64	36%
	G11	4,17	1%	G18	26,93**	46%	G8	10,95**	48%)	G20	6,46*	16%
							G1	12,58**	53%)	G24	7,25*	13%
										G17	7,66**	3%
										G4	10,06**	2%
										G6	11,13**	9%
										G9	12,20**	13%
										G14	20,20**	4%
										G23	25,04**	5%
	Niski Low ($g_i<0$)										G5	6,62*
									G10	8,17**	9%	
									G7	16,85**	35%	
									G3	23,15**	0%	

¹ — Ocena wariancji reszt $\sigma^2_{d(i)}$; Estimate of residual variance $\sigma^2_{d(i)}$

² — Ocena współczynnika determinacji R^2_d ; Estimate of determination coefficient R^2_d

*, ** — Wariancja reszt $\sigma^2_{d(i)}$ istotna; odpowiednio na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ lub $0,01$

*, ** — Residual variance $\sigma^2_{d(i)}$ is significant at the level $\alpha = 0,05$ or $0,01$, respectively

Podana klasyfikacja genotypów stanowi podsumowanie wyników statystycznej analizy stabilności i adaptacji genotypów, ułatwiając także podjęcie decyzji w selekcji genotypów do dalszej hodowli lub w rejestracji i rejonizacji odmian. Na podstawie klasyfikacji genotypów pszenicy jarej w tabeli 3 wysuwamy praktyczne wnioski: a) stwierdzono dwa genotypy stabilne rolniczo: G22 i G11 plonujące na średnim poziomie (w badanej serii doświadczeń są one najbliższe normie szerokiej adaptacji genotypu), b) wyróżniono genotyp G16 wąsko zaadaptowany do wysoko wydajnych środowisk oraz względnie bliskie tej normie dwa genotypy: G15 i G18 o plonowaniu na średnim poziomie, c) model plonowania w rejonie docelowym trzech genotypów: G25, G8, G1 jest relatywnie najbardziej podobny (wśród badanych genotypów) normie wąskiej adaptacji do mało wydajnych środowisk.

DYSKUSJA

Do wyboru genotypów szeroko lub wąsko zaadaptowanych bardziej przydatne są serie wielokrotne i wieloletnie doświadczeń odmianowych, niż serie jednoroczne takich doświadczeń. Na podstawie danych z serii doświadczeń pierwszego rodzaju, wykonywanych standardowo w ocenie i rejestracji odmian, jest możliwość wyboru genotypów odpowiednio zaadaptowanych w przestrzeni rolniczej i z dużym prawdopodobieństwem spełniających (powtarzających) tę normę w przestrzeni czasowej, tj. w latach (Leon i Becker, 1988). Seria jednoroczna wielokrotnych doświadczeń odmianowych, wykonywana standardowo w procesie hodowli odmian oryginalnych (ze względu na ciągle nowe zestawy ocenianych genotypów w kolejnych latach) — (Kang, 1998; Piepho i van Eeuwijk, 2002; Rajfura, 2002) — nie pozwala na taką wszechstronną ocenę stabilności i adaptacji genotypów wraz z ich powtarzalnością. Zatem w tych badaniach wybór genotypów o rozpatrywanych tutaj walorach w przestrzeni rolniczej jest bardziej ryzykowny i opóźnia on postęp biologiczny (Kang, 1998).

WNIOSKI

Z badań przedstawionych w obu częściach pracy wypływają następujące wnioski:

1. miary stabilności, oparte na rozpatrywanych modelach, w jednorocznej serii doświadczeń odmianowych ułatwiają wybór genotypów stabilnych w sensie rolniczym oraz o szerokiej lub wąskiej adaptacji w obrębie rejonu docelowego w badanym sezonie wegetacyjnym, natomiast w serii wieloletniej doświadczeń odmianowych umożliwiają one wybór takich genotypów stabilnych oraz o szerokiej lub wąskiej adaptacji w rejonie, dla których te walory (normy) są możliwie często powtarzalne (zgodne) w latach,
2. analiza regresji łącznej okazała się mało skuteczna w wyjaśnianiu zmienności efektów interakcyjnych plonu ziarna pszenicy jarej, pozwoliła ona jednak na praktycznie wystarczającą analizę przyczyn niestabilnej rolniczo reakcji plonu genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach badanego rejonu oraz umożliwiła wydzielenie grup genotypów o intensywnym i ekstensywnym trendzie

- środowiskowym plonowania, których reakcja jest zazwyczaj słabo przewidywalna na podstawie żyźności siedliska znanej z wcześniejszych obserwacji,
3. rozpatrywane modele mieszane Shukli i regresji łącznej *E-R-S* oraz metody statystyczne z racji na stosunkowo prostą treść formalną oraz wystarczającą efektywność statystyczną i praktyczną w rozwiązywaniu typowych problemów oceny i selekcji genotypów w procesie ich hodowli i testowania oraz rejonizacji odmian mają szansę stać się, obok modeli Scheffego-Calińskiego, rutynowym narzędziem statystycznym, którego wciąż nie wprowadzono szeroko do tej praktyki, mimo merytorycznego uzasadnienia.

LITERATURA

- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1 — 23.
- Caliński T. 1960. On a certain statistical method of investigating interaction in serial experiments with plant varieties. *Bull. de l'Acad. Polonaise des Sci.* 8: 565 — 568.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN-a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biuletyn Oceny Odmian* 26/27: 39 — 41.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype-environment interactions. In: „Advances in Biometrical Genetics”. Krajewski P., Kaczmarek Z. (eds.), Poznań: 3 — 14.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- Finlay K. W., Wilkinson G. N. 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14: 742 — 754.
- Freeman G. H. 1973. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. *Heredity* 31: 339 — 354.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. *Roczniki AR w Poznaniu, Rozprawy Naukowe*, Poznań.
- Kaczmarek Z., Adamski T., Surma M. 1997. The influence of cytoplasmatic effects on yielding and stability of barley DH lines. In: *Advances in Biometrical Genetics*. Krajewski P., Kaczmarek Z. (eds.), Poznań: 159 — 163.
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advances in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Kang M. S., Magari R. 1995. STABLE: A BASIC program for calculating stability and yield-stability statistics. *Agron. J.* 87: 276 — 277.
- Leon J., Becker H. C. 1988. Repeatability of some statistical measures of phenotypic stability — correlations between single year results and multi years results. *Plant Breeding* 100: 137 — 142.
- Lin C. S., Binns M. R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 26: 894 — 900.
- Magari R., Kang M. S. 1997. SAS-STABLE: Stability analysis of balanced and unbalanced data. *Agron. J.* 90: 929 — 932.
- Nabugoomu F., Kempton R. A., Talbot M. 1999. Analysis of series of trials where varieties differ in sensitivity to locations. *J. Agric. Biol. Env. Stat.* 4: 310 — 325.
- Piepho H. P. 1996. Comparing cultivar means in multilocation trials when the covariance structure is not circular. *Heredity* 76: 198 — 203.
- Piepho H. P. 1999. Stability analysis using the SAS system. *Agron. J.* 91: 154 — 160.
- Piepho, H. P., van Eeuwijk F. A. 2002. Stability analyses in crop performance evaluation. *Crop improvement: Challenges in the twenty-first century..* In: *Food Products*. Kang, M. (ed.) Press, Binghamton, New York: 307 — 342.
- Rajfura A. 2002. Zastosowanie statystycznych miar stabilności i analizy skupień do oceny i selekcji genotypów owsa i pszenicy jarej. Pr. doktor. SGGW, Warszawa.

- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype $\times$ environment components of variability, *Heredity* 29: 237 — 245.
- Sivapalan S., O'Brien L. O., Ortiz-Ferrara G., Hollamby G. J., Barclay I., Martin P. J. 2000. An adaptation analysis of Australian and CIMMYT/ICARDA wheat germplasm in Australian production environments. *Aust. J. Agric. Res.* 51: 903 — 915.

STANISŁAW CZAJKA
ZYGMUNT KACZMAREK

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych Akademii Rolniczej, Poznań
Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

O testowaniu jednorodności współczynników zmienności*

On testing the homogeneity of coefficients of variation

Omawiany jest przybliżony test dla badania jednorodności współczynników zmienności, podany przez Bennetta (1976). Do testowania hipotezy zerowej o równości k współczynników zmienności proponowana jest statystyka Z posiadająca przybliżony rozkład χ^2 z $(k-1)$ stopniami swobody. Sposób testowania równości współczynników zmienności uzupełniony jest o informacje dotyczące przydatności testu w różnych sytuacjach praktycznych, uzyskane na podstawie przeprowadzonych badań symulacyjnych.

Słowa kluczowe: obszar krytyczny, statystyka Z , wariancja, współczynnik zmienności

An approximate test for homogeneity of coefficients of variation given by Bennett (1976) is described. The approximate Z statistic for testing the null hypothesis of homogeneity for k coefficients of variation is proposed. It is approximately distributed as χ^2 with $(k-1)$ degrees of freedom. Additional information concerning usefulness of the Z test in different practical situations, obtained on the basis of simulation study, is also given.

Key words: coefficient of variation, critical region, variance, Z statistic

WSTĘP

W wielu problemach genetyki ilościowej dotyczących charakterystyki badanych populacji, obok miar położenia takich jak średnia arytmetyczna, mediana czy wartość modalna, wykorzystywane są miary rozproszenia (dyspersji), spośród których odchylenie standardowe, wariancja i współczynnik zmienności należą do najczęściej stosowanych. Powszechnie praktykowane jest podawanie średnich arytmetycznych i odchylenia standardowego lub wariancji dla opisu populacji o rozkładzie normalnym. Często jednak oprócz porównywania średnich dla tych populacji konieczne jest porównanie wariancji. Nie stwarza żadnego problemu porównanie zmienności dwu populacji pod względem tej samej cechy. Stosowany jest wówczas test F będący ilorazem ocen wariancji wyznaczo-

* Praca wykonana częściowo w ramach grantu KBN 5 PO6A 01019

nych na podstawie obserwacji w próbach opisujących badane populacje. Możliwe jest także porównanie zmienności większej liczby populacji, których obserwacje dotyczą jednej cechy. Pomocny może okazać się w tym wypadku test Bartletta weryfikujący hipotezę o równości wariancji k populacji normalnych. Szczegółowy opis tego testu można znaleźć między innymi w podręcznikach Elandt (1964) i Grenia (1987). Jeśli jednak celem byłoby określenie i porównanie zmienności populacji pod względem różnych cech, najlepszą miarą wydaje się być współczynnik zmienności wyrażany zazwyczaj w procentach. Powstaje pytanie, czy tak jak w przypadku wariancji, możliwe jest testowanie równości współczynników zmienności. Przybliżony test dla jednorodności współczynników zmienności został zaproponowany przez Bennetta (1976). W pracy omówiony jest sposób testowania równości współczynników zmienności, a także przeprowadzone jest, poprzez obliczenia symulacyjne, badanie wpływu liczby obserwacji oraz liczby porównywanych współczynników zmienności na wynik testowania.

APROKSYMACYJNY TEST DLA JEDNORODNOŚCI WSPÓŁCZYNNIKÓW ZMIENNOŚCI

Omówimy poniżej sposób testowania jednorodności współczynników zmienności zaproponowany przez Bennetta (1976).

Weźmy pod uwagę k prób niezależnych o liczebnościach $n_1, n_2, \dots, n_k$ pobranych z k populacji normalnych $N(\mu_i, \sigma_i^2)$.

Oznaczmy przez $CV_i = \sigma_i/\mu_i$, ($\mu_i > 0$), współczynnik zmienności dla i -tej populacji ($i = 1, 2, \dots, k$). Wówczas testowaną hipotezę zerową H_0 o jednorodności współczynników zmienności możemy zapisać następująco:

$$H_0 : CV_1 = CV_2 = \dots = CV_k = CV = \text{const.}$$

Hipotezę alternatywną H_1 jest brak równości współczynników zmienności dla co najmniej dwóch populacji. W celu przeprowadzenia weryfikacji hipotezy H_0 wprowadzamy następujące oznaczenia:

przez $x_{11}, x_{12}, x_{13}, \dots, x_{1n_1}$ — określimy zbiór obserwacji z próby dla populacji X_1 , przez

$x_{21}, x_{22}, x_{23}, \dots, x_{2n_2}$ — zbiór obserwacji z próby dla populacji X_2 , wreszcie przez:

$x_{k1}, x_{k2}, x_{k3}, \dots, x_{kn_k}$ — zbiór obserwacji z próby dla populacji X_k .

Niech ponadto $n = n_1 + n_2 + \dots + n_k$ oznacza sumę wszystkich obserwacji, wielkość

$\bar{x}_i = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} x_{ij}$ — średnią z próby dla i -tej populacji,

natomiast $S_i^2 = \frac{1}{n_i - 1} \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$ — wariancję z próby dla i -tej populacji.

Wówczas:

$z_i = \frac{S_i}{\bar{x}_i}$ — jest oceną współczynnika zmienności z próby dla i -tej populacji.

Odpowiednią statystyką dla testowania hipotezy H_0 jest statystyka Z postaci:

$$Z = (n - k) \log \left\{ \frac{\sum_{i=1}^k \frac{n_i z_i^2}{1 + z_i^2}}{n - k} \right\} - \sum_{i=1}^k (n_i - 1) \log \left\{ \frac{\frac{n_i z_i^2}{1 + z_i^2}}{n_i - 1} \right\},$$

mająca przybliżony rozkład χ^2 z $(k-1)$ stopniami swobody.

Hipotezę H_0 o jednorodności współczynników zmienności odrzucamy na poziomie istotności α , jeśli:

$$Z > \chi_{\alpha; k-1}^2.$$

WYNIKI BADAŃ SYMULACYJNYCH

W celu sprawdzenia przydatności testu Z w różnych sytuacjach praktycznych oraz określenia wpływu liczby porównywanych populacji k i liczebności obserwacji n_i na jednorodność współczynników zmienności odpowiadających wspomnianym populacjom, wykonano badania symulacyjne. Testowanie hipotezy H_0 przeprowadzono na poziomach istotności $\alpha = 0,05$, $\alpha = 0,01$ i $\alpha = 0,001$ dla wszystkich możliwych kombinacji $k = 2, 3, \dots, 20$ oraz $n_i = 10, 20, \dots, 100$ przy stałej różnicy d (%) między poszczególnymi współczynnikami zmienności wynoszącej 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 15% i 20%. Wartości statystyki Z , wyliczone były dla każdego k i każdego n_i dotyczyły zbiorów CV_i rozpoczynających się od współczynnika zmienności równego 1% z krokiem $r = 5\%$.

Poniżej podajemy wybrane przykłady obliczeń symulacyjnych.

Przykład 1

Testowanie na poziomie istotności $\alpha = 0,01$ jednorodności dwóch współczynników zmienności ($H_0 : CV_1 = CV_2$) różniących się o 5% przy liczebnościach prób wynoszących 70. Mamy zatem:

$k = 2$; $n_1 = n_2 = 70$; $d = 5\%$; $r = 5\%$; $\alpha = 0,01$.

Krok 1. $CV_1 = 1\%$, $CV_2 = 6\%$, $Z = 67,386^{**}$ — H_0 odrzucona

Krok 2. $CV_1 = 6\%$, $CV_2 = 11\%$, $Z = 10,258^{**}$ — H_0 odrzucona

Krok 3. $CV_1 = 11\%$, $CV_2 = 16\%$, $Z = 3,971$ — H_0 nieodrzucona

$\chi_{0,01; 1}^2 = 6,635$.

Przykład 2

Testowanie na poziomie istotności $\alpha = 0,01$ jednorodności trzech współczynników zmienności ($H_0 : CV_1 = CV_2 = CV_3$) różniących się o 10% przy liczebnościach prób wynoszących 90. Mamy zatem:

$k = 3$; $n_1 = n_2 = n_3 = 90$; $d = 10\%$; $r = 5\%$; $\alpha = 0,01$

Krok 1. $CV_1 = 1\%$, $CV_2 = 11\%$, $CV_3 = 21\%$, $Z = 184,198^{**}$ — H_0 odrzucona

Krok 2. $CV_1 = 6\%$, $CV_2 = 16\%$, $CV_3 = 26\%$, $Z = 62,708^{**}$ — H_0 odrzucona

Krok 3. $CV_1 = 11\%$, $CV_2 = 21\%$, $CV_3 = 31\%$, $Z = 33,655^{**}$ — H_0 odrzucona
 Krok 4. $CV_1 = 16\%$, $CV_2 = 26\%$, $CV_3 = 36\%$, $Z = 20,712^{**}$ — H_0 odrzucona
 Krok 5. $CV_1 = 21\%$, $CV_2 = 31\%$, $CV_3 = 41\%$, $Z = 13,740^{**}$ — H_0 odrzucona
 Krok 6. $CV_1 = 26\%$, $CV_2 = 36\%$, $CV_3 = 46\%$, $Z = 9,564^{**}$ — H_0 odrzucona
 Krok 7. $CV_1 = 31\%$, $CV_2 = 41\%$, $CV_3 = 51\%$, $Z = 6,884$ — H_0 nieodrzucona
 $\chi^2_{0,01; 2} = 9,210$.

Przykład 3

Testowanie na poziomie istotności $\alpha = 0,05$, jednorodności trzech współczynników zmienności ($H_0 : CV_1 = CV_2 = CV_3$) różniących się o 20% przy liczebnościach prób wynoszących 30. Mamy więc:

$k = 3$; $n_1 = n_2 = n_3 = 30$; $d = 20\%$; $r = 5\%$; $\alpha = 0,05$.

Krok 1. $CV_1 = 1\%$, $CV_2 = 21\%$, $CV_3 = 41\%$, $Z = 75,260^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 2. $CV_1 = 6\%$, $CV_2 = 26\%$, $CV_3 = 46\%$, $Z = 32,458^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 3. $CV_1 = 11\%$, $CV_2 = 31\%$, $CV_3 = 51\%$, $Z = 20,033^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 4. $CV_1 = 16\%$, $CV_2 = 36\%$, $CV_3 = 56\%$, $Z = 13,564^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 5. $CV_1 = 21\%$, $CV_2 = 41\%$, $CV_3 = 61\%$, $Z = 9,636^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 6. $CV_1 = 26\%$, $CV_2 = 46\%$, $CV_3 = 66\%$, $Z = 7,059^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 7. $CV_1 = 31\%$, $CV_2 = 51\%$, $CV_3 = 71\%$, $Z = 5,285$ — H_0 nieodrzucona

$\chi^2_{0,05; 2} = 5,991$.

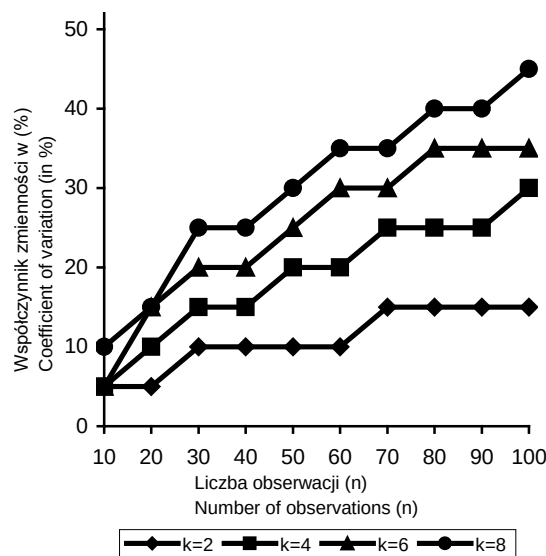
Przykład 4

Testowanie na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ jednorodności czterech współczynników zmienności ($H_0 : CV_1 = CV_2 = CV_3 = CV_4$) różniących się o 15% przy liczebnościach prób wynoszących 20. Mamy zatem:

$k = 4$; $n_1 = n_2 = n_3 = n_4 = 20$; $d = 15\%$; $r = 5\%$; $\alpha = 0,05$.

Krok 1. $CV_1 = 1\%$, $CV_2 = 16\%$, $CV_3 = 31\%$, $CV_4 = 46\%$, $Z = 54,023^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 2. $CV_1 = 6\%$, $CV_2 = 21\%$, $CV_3 = 36\%$, $CV_4 = 51\%$, $Z = 24,613^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 3. $CV_1 = 11\%$, $CV_2 = 26\%$, $CV_3 = 41\%$, $CV_4 = 56\%$, $Z = 15,766^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 4. $CV_1 = 16\%$, $CV_2 = 31\%$, $CV_3 = 46\%$, $CV_4 = 61\%$, $Z = 10,720^*$ — H_0 odrzucona
 Krok 5. $CV_1 = 21\%$, $CV_2 = 36\%$, $CV_3 = 51\%$, $CV_4 = 66\%$, $Z = 7,706$ — H_0 nieodrzucona
 $\chi^2_{0,05; 2} = 7,815$.

Wyniki badań symulacyjnych można także przedstawić graficznie wyznaczając dla różnych zbiorów współczynników zmienności pewne obszary krytyczne, tzn. obszary, w których zbiory k współczynników zmienności nie są jednorodne. Górne granice tych obszarów są wyznaczone dla kolejnych $n_i = 10, 20, \dots, 100$ poprzez testowanie hipotezy o jednorodności k współczynników zmienności, z krokiem $r = 5\%$, poczynając od $CV_1 = 1\%$ do momentu gdy wartość statystyki Z nie przekroczy wartości krytycznej $\chi^2_{0,05; k-1}$. Wówczas wartość najniższego współczynnika zmienności w zbiorze k współczynników jednorodnych określa górną granicę obszaru dla danego k . Rysunek 1 przedstawia „obszary krytyczne niejednorodności” $k (= 2, 4, 6 \text{ i } 8)$ współczynników zmienności (różniących się o stałą wielkość $d = 5\%$), wyznaczone przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$.



Rys. 1. Obszary krytyczne o niejednorodności k ($= 2, 4, 6, 8$) współczynników zmienności (różniących się o stałą wielkość $d = 5\%$), wyznaczone przy poziomie istotności $0,05$

Fig. 1. Critical areas of unhomogeneity of k ($= 2, 4, 6, 8$) coefficients of variation (with the difference $d = 5\%$), obtained at the significance level 0.05

WNIOSKI

1. Przy zachowaniu stałych liczb obserwacji n_i , stałej różnicy d między sąsiadującymi współczynnikami zmienności i stałej liczbie k współczynników zmienności, prawdopodobieństwo, że stanowią one błąd jednorodny wzrasta wraz ze wzrostem wartości porównywanych współczynników.
2. Przy stałych liczbach obserwacji n_i , stałej różnicy d oraz takich samych minimalnych wartościach współczynników zmienności w danym zbiorze, prawdopodobieństwo, że błąd k współczynników zmienności będzie jednorodny maleje wraz ze wzrostem liczby k .
3. Przy stałej liczbie k populacji, stałej różnicy d i ustalonej wartości najmniejszego w zbiorze współczynnika zmienności, prawdopodobieństwo, że błąd będzie jednorodny maleje wraz ze wzrostem liczb obserwacji n_i .

LITERATURA

- Bennett B. M. 1976. On an approximate test for homogeneity of coefficients of variation., In: Contributions to applied statistics (ed. W. I. Ziegler). Birkhäuser Verlag: 169 — 171.
- Elandt R. 1964. Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczeń rolniczych. PWN, Warszawa.
- Greń J. 1987. Statystyka matematyczna. PWN. Warszawa.

WIESŁAW MĄDRY ¹
MARCIN KOZAK ¹
STANISŁAW PLUTA ²
EDWARD ŻURAWICZ ²

¹ Katedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa SGGW, Warszawa

² Zakład Hodowli Roślin Sadowniczych, Instytut Sadownictwa i Kwiaciarnictwa, Skierniewice

Zastosowanie sekwencyjnej analizy plonu w badaniach nad uwarunkowaniem zmienności plonu owoców porzeczki czarnej (*Ribes nigrum* L.) na roślinie przez cechy plonotwórcze

The use of sequential yield component analysis (SYCA) in studies on determination of fruit yield variability in blackcurrant (*Ribes nigrum* L.)

Celem pracy jest przedstawienie zastosowania i walorów sekwencyjnej analizy plonu na przykładzie oceny uwarunkowania zmienności plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie przez jego cechy plonotwórcze takie, jak (w kolejności ich kształtowania się w ontogenezie) średnia liczba pędów 1-letnich, średnia długość przyrostów 1-letnich, termin kwitnienia, uszkodzenie kwiatów przez przymrozki wiosenne oraz średnia masa 100 owoców. Stwierdzono, że sekwencyjna analiza plonu jest wartą polecenia, lepszą metodą, niż analiza liniowej regresji wielokrotnej oraz analiza ścieżek, w badaniach uwarunkowania zmienności plonu owoców przez kolejno kształtujące się w trakcie ontogenezy cechy plonotwórcze roślin, co może odnosić się także do innych roślin uprawnych. Wnioskowanie o uwarunkowaniu plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej za pomocą rozpatrywanej metody ma zarówno znaczenie poznawcze z zakresu fizjologii plonowania tego gatunku, traktuje bowiem ilościowo o względnej roli kolejno kształtujących się w ontogenezie cech plonotwórczych roślin w kształtowaniu się wysokości plonu owoców na roślinie, jak i znaczenie praktyczne w hodowli roślin, stanowi bowiem podstawy kryteriów selekcyjnych na plon.

Słowa kluczowe: cechy plonotwórcze roślin, porzeczka czarna (*Ribes nigrum* L.), sekwencyjna analiza plonu (SYCA), układ krzyżowań diallelicznych, współczynniki korelacji, zmienność plonu owoców

The aim of the paper was to present an application and usefulness of sequential yield component analysis (SYCA) using an example on determination of fruit yield variability among blackcurrant plants. The following plant determinants of yield were considered (in the ontogenetic order): average number of one-year-old shoots, average length of one-year-old shoots, flowering time, spring frost damage of flowers and average weight of 100 berries. It was proved that sequential yield component analysis is a useful method in studies of relationships between fruit yield per plant of blackcurrant and

its determinants which develop in an ontogenetic order. This method could be more suitable in such cases than the linear multiple regression analysis and path analysis. Similar conclusions could be given for other crops, both agricultural and horticultural ones. Description of blackcurrant plant fruit yield variability by its determinants using the proposed method could be important for crop physiology and for breeding directed towards fruit yield.

Key words: blackcurrant (*Ribes nigrum* L.), correlation coefficients, diallel crosses, fruit yield variability, determinants of yield, sequential yield component analysis (SYCA)

WSTĘP

Plon rolniczy na roślinie jest cechą ilościową, określającą najważniejszy ze względów praktycznych, końcowy rezultat skomplikowanego procesu ontogenezy roślin. Proces ten jest warunkowany przez wielką liczbę różnorodnych przyczyn. Zależnie od kierunku i celu badań można rozpatrywać jego uwarunkowanie przez różne rodzaje czynników, np. czynniki środowiskowe (siedliskowe i uprawowe), genetyczne (geny i genotypy), fizjologiczne i inne. Wszystkie te czynniki wpływają zarówno na plon, jak i na plonotwórcze cechy roślin i łanu, czyli takie cechy ilościowe, które mają określone znaczenie w kształtowaniu plonu roślin w trakcie ontogenezy. Zatem ocena uwarunkowania plonu przez cechy plonotwórcze roślin i łanu dostarcza wiedzy o mechanizmach biologicznych plonowania roślin, która może mieć także duże znaczenie praktyczne w hodowli i uprawie roślin (Fraser i Eaton, 1983; Rozbicki, 1997).

Cechy plonotwórcze roślin i łanu kształtują się w różnych fazach ich rozwoju. W wyniku działania wspólnych czynników na procesy rozwojowe roślin w następujących po sobie fazach i wzajemnej kompensacji cech roślin w łanie, cechy plonotwórcze są zazwyczaj w różnym stopniu i kierunku skorelowane, zależnie od przyczyn genetycznych i środowiskowych warunkujących rozpatrywaną zmienność cech roślin (Fraser i Eaton, 1983; Gołaszewski, 1996; Mądry i in., 2000).

Przy empirycznym opisie i interpretacji zależności między cechami plonotwórczymi roślin i łanu a plonem, stosuje się różne metody statystyczne (Fraser i Eaton, 1983; Mądry i Kozak, 2000; Kozak, 2002). Najczęściej stosowaną jest analiza liniowej regresji wielokrotnej, a zwłaszcza jej modyfikacja — analiza ścieżek. Ma ona pewne mankamenty w zastosowaniu do cech plonotwórczych rozwijających się sekwencyjnie w ontogenezie (Yadav i in., 1994; Kozak, 2002). Lepszą metodą, bardziej przystającą do rzeczywistości w takich przypadkach, może być metoda sekwencyjnej analizy plonu (Eaton i Kyte, 1978; Eaton i MacPherson, 1978; Gołaszewski, 1996). Jest to metoda statystyczna oparta na specyficznym zastosowaniu regresji krokowej „w przód”, z zachowaniem kolejności wprowadzania cech plonotwórczych do modelu, zgodnej z kolejnością ich kształtowania się w ontogenezie. Pomysł sekwencyjnej analizy plonu pochodzi od kanadyjskich badaczy roślin sadowniczych G. W. Eatona i jego współpracowników (Eaton i Kyte, 1978; Eaton i MacPherson, 1978). Mimo jej, jak się wydaje, walorów jest ona wciąż metodą rzadziej stosowaną.

Celem tej pracy jest przedstawienie zastosowania i walorów sekwencyjnej analizy plonu na przykładzie oceny uwarunkowania zmienności plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie przez jego cechy plonotwórcze takie, jak średnia liczba pędów jednorocznych,

średnia długość przyrostów jednorocznych, termin kwitnienia, uszkodzenie kwiatów przez przymrozki wiosenne oraz średnia masa 100 owoców.

MATERIAŁ I METODY

Materiał doświadczalny

Przedmiotem badań były plonujące, w czwartym i piątym roku od posadzenia siewek, rośliny porzeczki czarnej pokolenia F_1 , pochodzące z kombinacji krzyżowań między pięcioma formami rodzicielskimi w kompletnym układzie diallelicznym (Pluta, 1995). Badanymi formami rodzicielskimi były znane odmiany porzeczki czarnej, tj. Ben Nevis, Biełoruskaja Słodkaja, Consort, Ojebyn i Titania.

Doświadczenie polowe z 25 rodzinami mieszańców otrzymanych z krzyżowań diallelicznych 5 odmian przeprowadzono w układzie losowanych bloków w czterech powtórzeniach (15 roślin na poletku) w Sadowniczym Zakładzie Doświadczalnym w Dąbrowicach koło Skierniewic, należącym do Instytutu Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach. Obserwacje wymienionych cech na 1500 roślinach rodzin mieszańców wykonano w latach 1991 oraz 1992. Obserwowano na pojedynczych roślinach następujące cechy (w kolejności pojawiania się w ontogenezie): średnią liczbę pędów jednorocznych, średnią długość przyrostów 1-rocznych, termin kwitnienia, uszkodzenie kwiatów przez przymrozki wiosenne, średnią masę 100 owoców oraz plon owoców na roślinie. Wyznaczono średnie poletkowe z obserwacji tych cech, dokonanych na 15 roślinach. Do analizy statystycznej za pomocą sekwencyjnej analizy plonu wykorzystano po 100 średnich poletkowych dla wszystkich badanych cech w każdym roku obserwacji. Zmienność średnich poletkowych dla badanych cech jest uwarunkowana zarówno genetycznie, jak i środowiskowo i charakteryzuje generalną zmienność średnich (z 15 roślin) dla rodzin pełnego rodzeństwa w populacji takich rodzin, powstałych z wszystkich możliwych krzyżowań w obrębie rozpatrywanej puli genowej porzeczki czarnej. Podana interpretacja przyczyn obserwowanej zmienności cech jest oparta na założeniu, że krzyżowane formy rodzicielskie są próbą reprezentatywną z rozpatrywanej puli genowej badanego gatunku (Muszyński i in., 2000). Pluta (1995) zamieścił oceny współczynników zmienności dla tych danych, z których wynika, że wszystkie badane cechy podlegały znaczącej zmienności w wykorzystywanym materiale doświadczalnym.

Metoda statystyczna i jej zastosowanie

Sekwencyjna analiza plonu została zaproponowana przez Gołaszewskiego (1996), opisana przez Mądrego i Kozaka (2000) i zastosowana dla pszenżyta ozimego przez Mądrego i wsp. (2000). W tej metodzie zakłada się, że plon (Y) i cechy plonotwórcze ($X_1, X_2, \dots, X_k$) są opisane przez wektor wzajemnie skorelowanych zmiennych losowych ($Y, X_1, X_2, \dots, X_k$). Kolejne cechy plonotwórcze są zapisywane zgodnie z kolejnością ich wykształcania się w trakcie ontogenezy roślin. Przyjmujemy, że wektor zmiennych losowych ($Y, X_1, X_2, \dots, X_k$) realizuje się w pewnej populacji jednostek doświadczalnych lub obserwacyjnych (pojedynczych roślin w łanie, poletek, łąnów produkcyjnych itp.), generowanej przez określone zjawisko masowe wegetacji roślin w różnorodnych warunkach, spowodowanych przez przyczyny genetyczne lub środowiskowe (siedliskowe

w określonej skali czasowo-przestrzennej lub uprawowej), albo też przez wszystkie te przyczyny jednocześnie. Zakładamy także, że wartości obserwowane badanych cech pochodzą z rozkładu normalnego lub zbliżonego do niego. Założenie to pozwala wykluczyć sytuacje, w których mamy do czynienia z ekstremalnymi (odstającymi) obserwacjami badanego wektora zmiennych. Takie obserwacje odstające mogą pojawić się zwłaszcza w badaniach uprawowych, z powodu niekorzystnych warunków siedliskowych i/lub agrotechnicznych (np. skrajnego zagęszczenia roślin w łanie). Ze względu na powyższe założenia o normalności rozkładu rozpatrywanych zmiennych, możemy w badaniach zależności plonu od cech plonotwórczych, stosować model liniowy regresji wielokrotnej.

W celu oceny względnego wpływu cech plonotwórczych na plon, niezależnego od poprzedzających ją w ontogenezie cech plonotwórczych, w sekwencyjnej analizie plonu stosujemy ortogonalizację Grama-Schmidta (Winer, 1971; Bock, 1975; Bonney i Kissling, 1986; Kozak, 2002), uzyskując $(k+1)$ -wymiarowy wektor plonu oraz ortogonalnych cech plonotwórczych ($Y, Z_1, Z_2, \dots, Z_k$). Dla tego wektora zmiennych po ich standaryzacji stosujemy analizę liniowej regresji wielokrotnej. Estymujemy więc cząstkowe współczynniki regresji (współczynniki ścieżek) p_i oraz testujemy hipotezę ogólną o braku liniowej zależności między plonem a wszystkimi ortogonalnymi plonotwórczymi cechami roślin oraz hipotezy szczegółowe o braku liniowego wpływu każdej i -tej ($i = 1, 2, \dots, k$) ortogonalnej cechy plonotwórczej na plon (Neter i in., 1990). Współczynniki ścieżek p_i dla każdej i -tej ortogonalnej plonotwórczej cechy roślin są porównywalną miarą kierunku (dodatniego lub ujemnego) i wielkości liniowego względnego wpływu i -tej cechy plonotwórczej na plon, czyli po uwzględnieniu wpływu na plon poprzedzających ją ($i-1$) cech plonotwórczych. Kwadrat współczynnika ścieżki p_i stanowi współczynnik determinacji plonu przez i -tą cechę plonotwórczą po uprzednim wyłączeniu wpływu na plon poprzedzających ją ($i-1$) cech plonotwórczych. Ten współczynnik determinacji nazywamy udziałem i -tej cechy plonotwórczej w plonie.

W prezentowanych badaniach, wśród pięciu rozpatrywanych cech plonotwórczych jedna z nich, tj. średnia masa 100 owoców jest multiplikatywną składową plonu (Kozak 2002), która wykształca się od fazy zawiązania owoców do zbioru. Pozostałe cztery cechy plonotwórcze są niektórymi determinantami liczby owoców na roślinie, która jest także multiplikatywną składową plonu, kształtującą się wcześniej, tj. przed rozpoczęciem kształtowania się wielkości owoców, mierzonej za pomocą średniej masy 100 owoców. Te spostrzeżenia i założenia biologiczne będą miały zasadnicze znaczenie przy stosowaniu sekwencyjnej analizy plonu oraz interpretacji uzyskanych wyników badań statystycznych nad uwarunkowaniem plonu przez obserwowane cechy plonotwórcze. Zgodnie z podaną kolejnością ontogenetycznego kształtowania się składowych plonu, uzupełnioną o kolejność kształtowania się czterech cech plonotwórczych wpływających na liczbę owoców na roślinie, przyjmujemy następujący porządek cech plonotwórczych w sekwencyjnej analizie plonu: średnia liczba pędów jednorocznych (X_1), średnia długość przyrostów jednorocznych (X_2), termin kwitnienia (X_3), uszkodzenie kwiatów przez przymrozki wiosenne (X_4) oraz średnia masa 100 owoców (X_5).

WYNIKI

Wyniki dla 1991 roku

Plon owoców na roślinie był najsilniej skorelowany ze średnią masą 100 owoców, przy czym była to korelacja ujemna, $r = -0,84^{**}$ (tab. 1).

Tabela 1

Macierz współczynników korelacji plonu owoców na roślinie oraz plonotwórczych cech roślin porzeczki czarnej w roku 1991

Correlation matrix for plant fruit yield and its determinants of blackcurrant plant in the year 1991

	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆
Średnia liczba pędów 1-rocznych X ₁ Average number of one-year-old shoots X ₁	1,00					
Średnia długość przyrostów 1-rocznych X ₂ Average length of one-year-old shoots X ₂	0,58**	1,00				
Termin kwitnienia X ₃ Blooming time X ₃	0,09	0,04	1,00			
Uszkodzenie kwiatów przez przymrozki X ₄ Spring frost damage of flowers X ₄	-0,02	-0,34**	-0,22*	1,00		
Średnia masa 100 owoców X ₅ Average weight of 100 berries X ₅	0,18	0,00	0,12	0,29**	1,00	
Plon owoców X ₆ Fruit yield X ₆	0,16	0,33**	-0,19	-0,39**	-0,84**	1,00

* (**) Oznacza istotny współczynnik korelacji przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$ ($\alpha = 0,01$)

* (**) Denotes significant correlation coefficient at the level $\alpha = 0,05$ ($\alpha = 0,01$)

Wykazano także istotną, ale słabą, $r = -0,39^{**}$, korelację ujemną plonu ze stopniem uszkodzenia kwiatów przez przymrozki wiosenne oraz dodatnią korelację, $r = 0,33^{**}$, ze średnią długością przyrostów jednorocznych. Nie stwierdzono istotnej korelacji plonu z pozostałymi cechami plonotwórczymi, czyli średnią liczbą pędów jednorocznych oraz terminem kwitnienia. Niektóre cechy plonotwórcze roślin były skorelowane istotnie. Stwierdzono umiarkowaną korelację dodatnią między średnią liczbą pędów jednorocznych ze średnią długością przyrostów jednorocznych, $r = 0,58^{**}$. Oznacza to, że większa liczba pędów jednorocznych na roślinie współlistnieje dość często z większą długością tych pędów. Świadczy to więc o dużej sile wzrostu krzewów wielu spośród rozpatrywanych genotypów porzeczki czarnej. Średnia długość przyrostów jednorocznych była istotnie, ale słabo skorelowana ujemnie, $r = -0,34^{**}$, ze stopniem uszkodzeń kwiatów przez przymrozki. Oznacza to, że u niektórych krzewów o silnym przyroście wegetatywnym uszkodzenia kwiatów przez przymrozki wiosenne są mniejsze.

Sekwencyjna analiza plonu porzeczki czarnej (tab. 2) wykazała, że pomimo niewielkiego względnego wpływu na plon większości cech plonotwórczych, ich wpływ był istotny przy poziomie istotności $\alpha = 0,01$. Stwierdzono dodatni wpływ średniej liczby pędów jednorocznych (X₁) oraz średniej długości przyrostów jednorocznych (X₂). Obie te cechy roślin warunkowały około 10% zmienności plonu, przy czym druga z nich była ważniejszym determinantem plonu. Względny wpływ terminu kwitnienia (X₃) na plon owoców na roślinie okazał się ujemny, jednak warunkował on tylko około 4% zmienności plonu. Oznacza to, że krzewy (genotypy) kwitnące później czasami plonują słabiej, niż

krzewy wcześniej kwitnące, mimo, że krzewy kwitnące później są w mniejszym stopniu uszkodzane przez przymrozki wiosenne, niż krzewy wcześniejsze. Ważniejszym od trzech pierwszych w ontogenezie cech plonotwórczych dla tworzenia się plonu był stopień uszkodzenia kwiatów przez przymrozki wiosenne (X_4). Wpływ tego determinanta na plon był ujemny i wyjaśniał on około 13% zmienności plonu.

Tabela 2

**Macierz współczynników korelacji plonu owoców na roślinie oraz plonotwórczych cech roślin
porzeczki czarnej w roku 1992**
Correlation matrix for plant fruit yield and its determinants of blackcurrant plant in the year 1992

	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6
średnia liczba pędów 1-rocznych X_1 average number of one-year-old shoots X_1	1,00					
średnia długość przyrostów 1-rocznych X_2 average length of one-year-old shoots X_2	0,30**	1,00				
termin kwitnienia X_3 blooming time X_3	0,17	0,19	1,00			
uszkodzenie kwiatów przez przymrozki X_4 spring frost damage of flowers X_4	-0,15	0,12	0,33**	1,00		
średnia masa 100 owoców X_5 average weight of 100 berries X_5	0,21*	0,12	-0,30**	-0,44**	1,00	
plon owoców X_6 fruit yield X_6	0,32**	0,39**	-0,04	-0,47**	0,58**	1,00

* (**) Oznacza istotny współczynnik korelacji przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$ ($\alpha = 0,01$)

* (**) Denotes significant correlation coefficient at the level $\alpha = 0,05$ ($\alpha = 0,01$)

Największy względny wpływ na plon, determinujący około 58% zmienności plonu, miała średnia masa 100 owoców. Ta cecha plonotwórcza (multiplikatywna składowa plonu), po wyłączeniu wpływu czterech wcześniejszych cech plonotwórczych, wpływała ujemnie na plon. Spróbujemy wyjaśnić hipotetycznie ten dość zaskakujący fakt. Otóż, jak wspomniano w rozdziale „Materiał i metody”, cztery badane cechy plonotwórcze (X_1 , X_2 , X_3 , X_4) mogą mieć związek z liczbą owoców na roślinie. Jednak nie wiadomo w jakim stopniu warunkują one tę składową plonu owoców na roślinie. Jeśli uwarunkowanie to byłoby stosunkowo słabe, to oceniany w sekwencyjnej analizie plonu efekt średniej masy 100 owoców, jako drugiej w kolejności kształtowania się składowej plonu, mógłby zawierać także uwikłany efekt liczby owoców na roślinie, jako pierwszej składowej plonu, w przypadku skorelowania obu tych składowych plonu. Taka jest bowiem konsekwencja wprowadzania kolejnych skorelowanych zmiennych przyczynowych do modelu regresji wielokrotnej (Neter i in., 1990; Zieliński, 1998; Niemiro, 1999; Krzyśko, 2000). Gdyby zatem wpływ bezpośredni liczby owoców na roślinie był duży i składowa ta byłaby odpowiednio silnie skorelowana ujemnie z wielkością owoców, to zwiększenie średniej masy 100 owoców współlistniało by dość ściśle z, nie wyjaśnioną przez wcześniej wykształcone cechy plonotwórcze, małą liczbą owoców na roślinie, co mogłoby powodować znaczące zmniejszenie plonu owoców na roślinie. I taki właśnie stwierdzono ujemny duży (dominujący) efekt względnego, po wyłączeniu efektów wcześniej rozwijających się cech plonotwórczych, wpływu średniej masy 100 owoców na plon owoców na roślinie.

Determinacja plonu owoców na roślinie przez badane cechy plonotwórcze w 1991 roku wynosiła około 85%, była więc ona stosunkowo duża. Znaczącą większość tego stopnia uwarunkowania zmienności plonu przypisujemy średniej masie 100 owoców.

Wyniki dla 1992 roku

Macierz współczynników korelacji plonu owoców na roślinie oraz plonotwórczych cech roślin obserwowanych w roku 1992 była wyraźnie odmienna, niż cech obserwowanych u tych samych roślin w roku 1991. Plon wciąż był najsilniej skorelowany ze średnią masą 100 owoców, $r = 0,58^{**}$, ale tym razem była to korelacja dodatnia i znacznie słabsza, niż w poprzednim roku obserwacji (tab. 3).

Tabela 3

Sekwencyjna analiza plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej względem plonotwórczych cech roślin w 1991 roku

Sequential analysis for plant fruit yield in blackcurrant in relation to plant determinants of the yield in the year 1991

	Średnia liczba pędów 1-roczych X_1 Average number of one-year-old shoots X_1	Średnia długość przyrostów 1-roczych X_2 Average length of one-year-old shoots X_2	Termin kwitnienia X_3 Blooming time X_3	Uszkodzenie kwiatów przez przymrozki X_4 Spring frost damage of flowers X_4	Średnia masa 100 owoców X_5 Average weight of 100 berries X_5	R^2
p_i	0,16**	0,28**	-0,20**	-0,35**	-0,76**	
Udział w plonie% Contribution in the yield (%)	2,69	8,09	3,90	12,59	58,26	85,54%

P_i — Oznacza współczynnik ścieżki dla i -tej ortogonalnej cechy plonotwórczej

P_i — Denotes a path coefficient for the i -th orthogonal cause variable

** Istotny względny wpływ ortogonalnej cechy plonotwórczej na plon przy poziomie istotności $\alpha = 0,01$,

** Denotes significant relative effect of the i -th orthogonal cause variable on yield at the level $\alpha = 0.01$

R^2 — Oznacza współczynnik determinacji wielokrotnej

R^2 — Denotes multiple determination coefficient

Stwierdzono trochę silniejszą, niż w roku 1991, ujemną korelację, $r = -0,47^{**}$, między plonem a uszkodzeniami kwiatów przez przymrozki oraz dodatnie korelacje plonu z dwiema pierwszymi cechami plonotwórczymi, tj. średnią liczbą pędów 1-roczych oraz średnią długością przyrostów 1-roczych, odpowiednio $r = 0,32^{**}$ oraz $r = 0,39^{**}$. Nie stwierdzono istotnej korelacji plonu z terminem kwitnienia, co stanowi powtórzenie takiego samego wniosku w roku 1991.

Korelacje między cechami plonotwórczymi były dość słabe, podobnie jak w roku 1991. Najsilniejsza z nich, ujemna, $r = -0,44^{**}$, dotyczyła uszkodzeń kwiatów przez przymrozki i średniej masy 100 owoców. Oznacza to, że zwiększenie uszkodzeń kwiatów przez przymrozki współistniało ze zmniejszeniem średniej masy 100 owoców. Jest to logiczne, bo najwcześniej marzną kwiaty rozwijające się u nasady kwiatostanu, są to kwiaty dające największe owoce. W roku 1991 korelacja ta była jednak dodatnia i słabsza, $r = 0,29^{**}$. Z tego można sądzić, że mechanizm przyczynowy korelacji tych cech (ich czynniki

wspólne) tkwi między innymi w przebiegu występowania przymrozków wiosennych w danym roku i przebiegu warunków pogodowych w trakcie dalszej wegetacji.

Sekwencyjna analiza plonu porzeczki czarnej (tab. 4) wykazała, że, podobnie jak w roku 1991, względny wpływ wszystkich cech plonotwórczych na plon był istotny przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$ lub $0,01$. Stwierdzono dodatni wpływ średniej liczby pędów 1-letnich (X_1) oraz średniej długości przyrostów 1-letnich (X_2). Obie te cechy roślin warunkowały po około 10% zmienności plonu, prawie 2 razy więcej, niż w poprzednim roku wegetacji. Względny wpływ terminu kwitnienia (X_3) na plon owoców na roślinie okazał się ujemny (przy $\alpha = 0,05$), warunkował on tylko około 2% zmienności plonu, podobnie mało, jak w poprzednim roku.

Tabela 4

Sekwencyjna analiza plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej względem plonotwórczych cech roślin w 1992 roku

Sequential analysis of plant fruit yield in blackcurrant in relation to plant determinants of the yield in the year 1992

	Średnia liczba pędów 1-letnich X_1 Average number of one-year-old shoots X_1	Średnia długość przyrostów 1-letnich X_2 Average length of one-year-old shoots X_2	Termin kwitnienia X_3 Blooming (flowering) time X_3	Uszkodzenie kwiatów przez przymrozki X_4 Spring frost damage of flowers X_4	Średnia masa 100 owoców X_5 Average weight of 100 berries X_5	R^2
p_i	0,32**	0,31**	-0,14*	-0,47**	0,35**	
Udział w plonie % Contribution in the yield (%)	10,26	9,41	2,02	22,18	12,09	55,96%

p_i — Oznacza współczynnik ścieżki dla i -tej ortogonalnej cechy plonotwórczej

p_i — Denotes a path coefficient for the i -th orthogonal cause variable

** Istotny względny wpływ ortogonalnej cechy plonotwórczej na plon przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$ ($\alpha = 0,01$)

** Denotes significant relative effect of the i -th orthogonal cause variable on yield at the level $\alpha = 0.05$ ($\alpha = 0.01$)

R^2 — Oznacza współczynnik determinacji wielokrotnej

R^2 — Denotes multiple determination coefficient

W tym roku wegetacji największy, ujemny, wpływ na plon miał stopień uszkodzenia kwiatów przez przymrozki wiosenne. Ta cecha plonotwórcza miała decydujące znaczenie w kształtowaniu plonu owoców na roślinie, determinując około 22% zmienności plonu. Podobnie, choć w mniejszym stopniu plon był zależny od tej cechy plonotwórczej w roku poprzednim. Zupełnie inaczej plon był warunkowany przez ostatnią kształtującą się w ontogenezie średnią masę 100 owoców. Jej względny wpływ na plon był dodatni, choć znacznie mniejszy, warunkujący około 12% zmienności plonu, niż ujemny względny wpływ w poprzednim roku wegetacji, który warunkował około 58% zmienności plonu.

Determinacja całkowita plonu przez wszystkie badane cechy plonotwórcze była mniejsza w roku 1992, niż w roku poprzednim i wyniosła 56%. Stało się to na skutek dużego zmniejszenia wielkości względnego wpływu średniej masy 100 owoców na plon. Jest faktem niezwykle interesującym tak różne znaczenie wielkości owoców w tworzeniu plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej, w kolejnych latach wegetacji tych samych

roślin. Wydaje się, że zjawisko to wynika z dużego wpływu warunków pogodowych w trakcie okresu wegetacji, w którym tworzy się plon oraz w poprzednich okresach wegetacji. Świadczy ono o zróżnicowanej strategii roślin w procesie tworzenia plonu w trakcie ontogenezy, polegającej na różnych mechanizmach dostosowawczych roślin do warunków pogodowych w celu możliwie najlepszego ich wykorzystania w celu wytworzenia plonu. Uzyskane wyniki mogą być inspiracją do dalszych pogłębionych badań nad fizjologią plonowania porzeczki czarnej.

WNIOSKI

Ze względu na metodyczny i statystyczny charakter niniejszej pracy, wysuwamy wyłącznie wnioski na temat przydatności stosowanej metody do badań nad uwarunkowaniem plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie przez cechy plonotwórcze roślin.

1. Sekwencyjna analiza plonu jest wartą polecenia lepszą metodą, niż analiza liniowej regresji wielokrotnej oraz analiza ścieżek, w badaniach uwarunkowania zmienności plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie przez kolejno kształtujące się w trakcie ontogenezy cechy plonotwórcze roślin, co może odnosić się także do innych roślin uprawnych,
2. Wnioskowanie o uwarunkowaniu plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej za pomocą rozpatrywanej metody ma zarówno znaczenie poznawcze z zakresu fizjologii plonowania tego gatunku, traktuje bowiem ilościowo o względnej roli kolejno kształtujących się w ontogenezie cech plonotwórczych roślin w kształtowaniu się wysokości plonu owoców na roślinie, jak i znaczenie praktyczne w hodowli roślin, stanowi bowiem podstawy kryteriów selekcyjnych na plon.

LITERATURA

- Bock R. D. 1975. Multivariate statistical methods in behavioral research. McGraw-Hill, Toronto.
- Bonney G. E., Kissling G. E. 1986. Gram-Schmidt Orthogonalization of Multinormal Variates: Applications in Genetics. *Biom. J.* 28: 417 — 425.
- 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.
- Fraser J., Eaton G. W. 1983. Applications of Yield Component Analysis to Crop Research. *Field Crop Abstracts* 36: 787 — 796.
- Gołaszewski J. 1996. A method of yield component analysis. *Listy Biometryczne* 33: 79 — 88.
- Kozak M. 2002. Statystyczna analiza uwarunkowania zmienności plonu roślin przez jego składowe. Praca doktorska, SGGW, Warszawa.
- Krzyśko M. 2000. Wielowymiarowa analiza statystyczna. UAM, Poznań.
- Mądry W., Kozak M. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności plonu od cech łanu. *Cz. I. Opis metod. Rocz. N. 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 łanu. *Cz. II. Zastosowanie metod i porównanie wyników dla pszenżyta ozimego. Rocz. N. Rol., Seria A*, 115: 159 — 172.
- Muszyński S., Mądry W., Tomaszewski M., Sowa A., Zimny J. 2000. Genetyka dla rolników. Fundacja „Rozwój SGGW”, Warszawa.

- Neter J., Wasserman W., Kutner M. H. 1990. Applied linear statistical models. Regression, analysis of variance, and experimental designs. IRWIN, New York.
- Niemiro W. 1999. Rachunek prawdopodobieństwa i statystyka matematyczna. Szkoła Nauk Ścisłych, Warszawa.
- Pluta S. 1995. Analiza dialleliczna cech użytkowych porzeczki czarnej. Praca doktorska, ISK, Skierniewice.
- Rozbicki J. 1997. Agrotechniczne uwarunkowania wzrostu, rozwoju i plonowania pszenżyta ozimego. Rozprawa habilitacyjna, Fundacja Rozwój SGGW, Warszawa.
- Winer B. J. 1971. Statistical principles in experimental design. 2nd Ed. McGraw-Hill, New York.
- Yadav O. P., Manga V. K., Saxena M. B. L. 1994. Ontogenetic approach to grain production in pearl millet (*Pennisetum glaucum* L.) based on path-coefficient analysis. Indian J. Agric. Sci. 64, s. 233 — 236.
- Zieliński W. 1998. Analiza regresji. Fundacja „Rozwój SGGW”, Warszawa.

JAN BOCIANOWSKI¹

PAWEŁ KRAJEWSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Porównanie dwóch metod estymacji efektu addytywnego działania genów na podstawie linii podwojonych haploidów jęczmienia

Comparison of two methods of estimation of additive gene action effect on the basis of doubled haploid lines in barley

Praca zawiera numeryczne porównanie dwu metod estymacji efektu addytywnego działania genów. W pierwszej metodzie zakładamy, że obserwujemy jedynie fenotyp rośliny, natomiast w drugiej dodatkowe informacje otrzymujemy z obserwacji markerów molekularnych. W prezentowanej pracy analizowano dane z 90 doświadczeń przeprowadzonych na 150 liniach podwojonych haploidów jęczmienia uzyskanych z pokolenia F₁ krzyżówki Steptoe × Morex metodą *Hordeum bulbosum* oraz dane z obserwacji 223 markerów, w większości molekularnych typu RFLP, wykonanych na tych liniach, zaczerpnięte z Północnoamerykańskiego Projektu Badania Genomu Jęczmienia. W większości rozważanych doświadczeń zaobserwowano niedoszacowanie efektu addytywnego działania genów obliczonego na podstawie obserwacji fenotypowych i markerów, w stosunku do oceny jedynie na podstawie obserwacji fenotypowych. Obserwowano dużą rozpiętość wyników względnego porównania prezentowanych metod estymacji.

Słowa kluczowe: efekt addytywnego działania genów, estymacja, jęczmień, linie podwojonych haploidów, markery molekularne

The paper presents numerical comparison of two methods of estimation of the additive gene action effect. In the first method we assume that we observe only the plant phenotype, while in the second method we have additional information from the molecular markers observations. In this paper we analysed phenotypic data from 90 experiments on 150 barley doubled haploid lines and data concerning 223 molecular markers (data from the North American Barley Genome Mapping Project). In most of the considered experiments we observed that the additive effect calculated on the basis of the marker observations underestimates the total additive effect obtained from phenotypic observations only. We observed a large range of results of the relative comparison of the presented estimation methods.

Key words: barley, doubled haploid lines, effect of additive gene action, estimation, molecular markers

¹ Stypendysta Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP) na rok 2002

WSTĘP

Estymacja efektu związanego z addytywnym działaniem genów, oznaczanego zwykle symbolem $[d]$, na podstawie linii homozygotycznych (linii podwojonych haploidów, DH; linii wsobnych, RI) jest niezależna od współczynnika rozkładu genów u form rodzicielskich (Kaczmarek i in., 1984). Wykorzystując linie DH nie dało się jednak „uciec” od założenia, że wszystkie geny determinują badaną cechę fenotypową w równym stopniu (Kaczmarek i in., 1984). Założenie to w praktyce nie jest spełnione. Do oceny parametru $[d]$ nie są potrzebne dodatkowe założenia o braku sprzężeń pomiędzy loci (jak ma to miejsce w przypadku oceny innych parametrów genetycznych), gdyż estymacja tego parametru jest możliwa zarówno przy braku, jak i obecności sprzężeń genów kontrolujących badaną cechę (Surma, 1996).

Wiele nowych i znaczących informacji wniosło zastosowanie w badaniach obserwacji przeprowadzanych na markerach, m.in. molekularnych. Możliwe stało się estymowanie efektów poszczególnych genów determinujących badaną cechę ilościową (QTL), a więc rozwiązano problem założenia równego wpływu genów na fenotyp. Istnieją prace, w których oceniano efekty QTL dla linii homozygotycznych (Frova i Sari-Gorla, 1994; Sari-Gorla i in., 1997; Charmet i in., 1999; Li i in., 2001), jednakże porównania tych ocen z oceną efektu addytywnego działania genów wyliczonego na podstawie obserwacji fenotypowych, poza autorami tej pracy, dokonał jedynie Snape (1997) na przykładzie jednego doświadczenia.

Niniejsza praca jest kontynuacją prac nad numerycznym porównaniem dwu metod estymacji efektu addytywnego działania genów (Bocianowski i Krajewski, 2000, 2001 b). W jednej metodzie zakładamy, że dysponujemy jedynie obserwacjami fenotypowymi, natomiast w drugiej obok obserwacji fenotypowych brane są pod uwagę również obserwacje markerów molekularnych. W pracy przedstawiono postaci estymatorów efektu addytywnego działania genów wyznaczone dwoma metodami oraz dokonano numerycznego porównania tych ocen na przykładzie 150 linii DH jęczmienia uzyskanych z pokolenia F_1 kombinacji krzyżówkowej Steptoe $\times$ Morex, będących częścią Północno-amerykańskiego Projektu Badania Genomu Jęczmienia.

ESTYMACJA EFEKTU ADDYTYWNEGO DZIAŁANIA GENÓW

Ocena na podstawie fenotypu

Dysponując jedynie obserwacjami fenotypowymi roślin, efekt związany z addytywnym działaniem genów $[d]$ można ocenić wyróżniając tzw. grupy linii maksymalnych i minimalnych (Kaczmarek i in., 1984). W skład tych grup wchodzi linie, które teoretycznie posiadają allele jedynie, odpowiednio, zwiększające i zmniejszające wartość badanej cechy. Estymator wspomnianego parametru ma wówczas postać (Kaczmarek i in., 1984):

$$[\hat{d}]_f = \frac{1}{2}(\bar{L}_{\max} - \bar{L}_{\min}), \quad (1)$$

gdzie $\bar{L}_{\max}$ oraz $\bar{L}_{\min}$ oznaczają wartości średnie dla grup linii, odpowiednio, maksymalnych oraz minimalnych. Różne metody wyboru grup linii ekstremalnych opisali Bocianowski i wsp. (1999). W niniejszej pracy, ze względu na dysponowanie jedynie średnimi dla linii, wyboru grup linii ekstremalnych dokonano metodą kwantyli (Bocianowski i in., 1999).

Ocena na podstawie fenotypu oraz markerów

Jeżeli oprócz obserwacji fenotypowych linii roślinnych dysponujemy również obserwacjami markerów molekularnych wykonanymi na tych liniach, to wówczas wybierając p markerów najlepiej wyjaśniających zmienność badanej cechy, będących najprawdopodobniej sprzężonymi z genami determinującymi cechę ilościową (QTL), obserwacje fenotypowe y dla n linii można wyrazić za pomocą modelu regresji wielokrotnej:

$$y = \mu \mathbf{1} + d_1 \mathbf{m}_1 + d_2 \mathbf{m}_2 + \dots + d_p \mathbf{m}_p + \mathbf{e},$$

gdzie y jest n -wymiarowym wektorem obserwacji fenotypowych, μ oznacza średnią ogólną, $\mathbf{m}_s$ oznacza wektor obserwacji s -tego QTL ($s = 1, 2, \dots, p$), d_s jest natomiast jego efektem, $\mathbf{e}$ jest n -wymiarowym wektorem zmiennych losowych o rozkładzie normalnym takim, że $E(e_i) = 0$, $\text{Cov}(e_i, e_j) = 0$ dla $i \neq j$, $i, j = 1, 2, \dots, n$. Parametry występujące w powyższym modelu estymować można między innymi metodą najmniejszych kwadratów (Searle, 1982). Ocenę sumarycznego efektu addytywnego działania genów dokonujemy według wzoru:

$$[\hat{d}]_g = \sum_{k=1}^p |\hat{d}_k| \quad (2)$$

W niniejszej pracy markery sprzężone z QTL wybierano poprzez selekcję krokową wstecz w trzech etapach. W pierwszym etapie dokonano selekcji wewnątrz chromosomów, w drugim wybrane markery poddano wspólnej selekcji. W trzecim etapie rozważano sytuacje, w których wybrane markery znajdowały się na chromosomie blisko siebie (tzn. w odległości mniejszej niż 5 cM). Ponieważ takie markery są sprzężone najprawdopodobniej z jednym QTL, więc do ostatecznego modelu wybierany był ten z nich, dla którego wartość statystyki testowej była największa.

MATERIAŁ

Materiał do badań stanowiło 150 linii podwojonych haploidów jęczmienia uzyskanych z pokolenia F_1 krzyżówki Steptoe $\times$ Morex metodą *Hordeum bulbosum* oraz obserwacje 223 markerów (w większości molekularnych typu RFLP) wykonanych na tych liniach (Kleinhofs i in., 1993). Dane będące częścią Północnoamerykańskiego Projektu Badania Genomu Jęczmienia (NABGMP, Romagosa i in., 1996) uzyskano z doświadczeń przeprowadzonych w 16 środowiskach: Crookston, Minnesota, 1992 (MN92); Ithaca, New York, 1992 (NY92); Guelph, Ontario, 1992 (ON92); Pullman, Washington, 1992 (WA92); Brandon, Manitoba, 1992 (MA92); Outlook, Saskatchewan, 1992 (SKo92); Goodlae,

Saskatchewan, 1992 (SKg92); Kcfr, Saskatchewan, 1992 (SKk92); Tetonia, Idaho, 1992 (ID92); Bozeman, Montana, nawadniane, 1992 (MTi92); Bonzeman, Montana, teren suchy, 1992 (MTd92); Aberdeen, Idaho, 1991 (ID91); Klamath Falls, Oregon, 1991 (OR91); Pullman, Washington, 1991 (WA91); Bozeman, Montana, nawadniane, 1991 (MTi91); Bozeman, Montana, teren suchy, 1991 (MTd91). Linie badano pod względem ośmiu cech fenotypowych: zawartości α -amylazy, AA; siły diastatycznej, DP; zawartości białka w ziarnie, GP; plonu ziarna, GY; wysokości rośliny, H; czasu kwitnienia, HD; wylegania, L; ekstraktu słodu, ME. Przed przystąpieniem do analiz obserwacje cech GP, L, ME transformowano na stopnie Blissa. Nie wszystkie cechy były obserwowane we wszystkich środowiskach. Doświadczenia w poszczególnych środowiskach traktowano jako osobne eksperymenty.

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 zawarto wyniki względnego porównania ocen efektu addytywnego działania genów obliczonych według wzoru (2) oraz wzoru (1), dla poszczególnych cech i środowisk, tzn. wartości współczynnika $([d]_g/[d]_f) \cdot 100$.

Tabela 1

Względne porównanie ocen efektu addytywnego działania genów obliczonych wzorami (1) i (2) dla linii podwojonych haploidów krzyżówki Steptoe $\times$ Morex
Relative comparison of the estimators of additive gene action effect calculated with the formulas (1) and (2) for the doubled haploid lines

Doświadczenie Experiment	Cecha Trait							
	AA	DP	GP	GY	H	HD	L	ME
MN92	123,20	93,36	51,30	85,37	68,36	77,68	—	81,34
NY92	—	—	—	79,26	69,34	94,23	80,09	—
ON92	—	—	—	73,55	36,35	90,21	61,51	—
WA92	67,94	90,19	50,73	47,30	94,00	74,54	—	83,83
MA92	—	—	—	47,96	111,20	69,83	125,39	—
SKo92	—	—	—	34,13	60,38	63,95	82,54	—
SKg92	—	—	—	100,15	65,41	83,14	—	—
SKk92	—	—	—	54,02	81,19	79,24	—	—
ID92	77,42	113,10	47,04	66,88	47,26	74,81	—	40,24
MTi92	105,80	69,15	66,63	40,95	94,85	82,71	82,67	56,15
MTd92	48,52	86,13	79,65	63,76	60,14	79,27	79,43	76,66
ID91	94,46	72,24	100,90	83,23	64,67	86,93	—	56,76
OR91	79,87	76,67	34,99	44,85	52,09	72,62	—	69,38
WA91	75,01	65,77	62,41	60,27	63,67	71,34	—	63,73
MTi91	36,90	111,97	133,30	103,80	90,61	80,32	—	56,59
MTd91	—	—	—	81,12	73,65	81,77	—	—

AA — Zawartość α -amylazy; AA — α -amylase content

DP — Siła diastyczna; DP — Diastatic power

GP — Zawartość białka w ziarnie; GP — Protein content in grain

GY — Plon ziarna; GY — Grain yield

H — Wysokość rośliny; H — Plant height

HD — Czas kwitnienia; HD — Flowering time

L — Wyleganie; L — Lodging

ME — Ekstrakt słodu; ME — Malt extract

W większości rozważanych doświadczeń (89%) zaobserwowano niedoszacowanie parametru wyliczonego z wykorzystaniem obserwacji markerowych, co jest potwierdzeniem wstępnych wyników uzyskanych w przeprowadzonych badaniach symulacyjnych (Bocianowski i Krajewski, 2001 a). Przypadki, w których ocena fenotypowa była mniejsza niż ocena dokonana według wzoru (2) wytłumaczyć można dużą liczbą wyselekcjonowanych markerów (znacznie większą niż w pozostałych przypadkach), co w konsekwencji zwiększało ocenę sumarycznego efektu addytywnego działania genów. Rozpiętość uzyskanych wyników porównywanych ocen jest znaczna i zawiera się między 34,13% a 133,30%. Najbardziej wyrównanym środowiskiem okazało się MTd91 (od 73,65% do 81,77%), natomiast cechą, dla której zaobserwowano najmniejsze zróżnicowanie był ekstrakt słoju (od 40,24% do 83,83%).

W tabeli 2 przedstawiono ocenę zmienności wyjaśnianej przez zlokalizowane QTL, tzn. odpowiedni współczynnik determinacji ($w\%$).

Tabela 2

Ocena zmienności wyjaśnianej przez zlokalizowane QTL (współczynniki determinacji, R^2)
Variability explained by localized QTL (coefficients of determination, R^2)

Doświadczenie Experiment	Cecha Trait							
	AA	DP	GP	GY	H	HD	L	ME
MN92	40,5	34,4	11,1	28,3	61,5	78,1	—	17,8
NY92	—	—	—	30,4	48,2	80,0	53,2	—
ON92	—	—	—	24,7	35,9	12,9	23,7	—
WA92	43,2	53,2	40,4	25,2	62,4	77,3	—	45,9
MA92	—	—	—	37,0	80,9	75,2	62,8	—
SKo92	—	—	—	19,7	57,5	61,4	44,8	—
SKg92	—	—	—	37,4	53,0	78,7	—	—
SKk92	—	—	—	38,4	75,1	83,4	—	—
ID92	36,6	67,4	36,5	50,1	32,4	76,2	—	26,2
MTi92	52,5	51,8	38,2	26,5	61,3	76,6	41,2	40,3
MTd92	37,5	57,1	54,9	33,8	53,3	73,9	41,9	42,5
ID91	40,9	50,9	36,5	40,5	56,8	74,5	—	33,6
OR91	52,7	42,7	22,4	13,1	26,5	47,5	—	40,0
WA91	27,6	39,6	39,8	54,9	67,6	67,3	—	31,5
MTi91	18,8	66,5	31,7	47,9	61,5	68,7	—	36,8
MTd91	—	—	—	63,7	48,4	68,9	—	—

Objaśnienia jak w tabeli 1

The key for abbreviations of traits — see in Table 1

Zaobserwowano bardzo dużą zbieżność tych wyników (a co za tym idzie: liczby i miejsc zlokalizowanych genów) z wynikami uzyskanymi dla tych samych danych metodą największej wiarygodności (Hayes i Iyarnabo, 1994). Procent zmienności cechy wyjaśnianej przez QTL zawierał się w przedziale od 11,1% (dla GP w MN92) do 80,9% (dla H w MA92). Na szczególną uwagę zasługuje cecha HP, dla której poza doświadczeniem przeprowadzonym w środowisku ON92 (gdzie $R^2 = 12,9\%$) udział zmienności wyjaśnianej przez zlokalizowane QTL przekraczał wartość 50%. W 41% rozważanych doświadczeń wartości współczynników determinacji przekraczały 50%, co jest dobrym wynikiem, jeżeli

weźmiemy pod uwagę ostre kryterium wyboru markerów sprzężonych z *loci* determinującymi rozpatrywane cechy, zastosowane w niniejszej pracy.

WNIOSKI

1. Nieszacowanie (w 89% rozważanych doświadczeń) efektu addytywnego działania genów obliczonego na podstawie obserwacji fenotypowych i genotypowych, w stosunku do oceny jedynie na podstawie obserwacji fenotypowych, jest potwierdzeniem wyników poprzednich obliczeń na danych rzeczywistych oraz badań symulacyjnych. Sytuacje, w których ocena na podstawie markerów była wyższa, wynikają ze zbyt dużej liczby wyselekcjonowanych markerów.
2. Zlokalizowane QTL są zgodne z publikowanymi wynikami uzyskanymi metodą mapowania przedziałowego opartego na estymatorach największej wiarygodności.
3. Istnieje duża rozpiętość wyników względnego porównania dwu rozważanych metod estymacji efektu addytywnego działania genów.

LITERATURA

- Bocianowski J., Krajewski P. 2000. Estymacja efektów genetycznych na podstawie fenotypu i genotypu markerowego. *Colloquium Biometryczne* 30: 270 — 280.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2001 a. Badania symulacyjne na temat porównania metody fenotypowej i genotypowej estymacji efektu addytywnego działania genów. XIV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego „Genetyka w służbie człowieka”, Streszczenia: 200.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2001 b. Numerical comparison of classical and marker-based methods of QTL effects estimation. In: *Quantitative genetics and breeding methods: the way ahead. Proceedings of the Eleventh Meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding*. A. Gallais, C. Dillmann and I. Goldringer (eds.). Institut National de la Recherche Agronomique, Paris, France, Les Colloques 96: 35 — 40.
- Bocianowski J., Krajewski P., Kaczmarek Z. 1999. Porównanie metod wyboru ekstremalnych linii podwojonych haploidów w estymacji parametrów genetycznych. *Colloquium Biometryczne* 29: 193 — 202.
- Charmet G., Robert N., Perretant M. R., Gay G., Sourdille P., Groos C., Bernard S., Bernard M. 1999. Marker-assisted recurrent selection for cumulating additive and interactive QTL's in recombinant inbred lines. *Theor. Appl. Genet.* 99: 1143 — 1148.
- Frova C., Sari-Gorla M. 1994. Quantitative trait *loci* (QTL) for pollen thermotolerance detected in maize. *Mol. Gen. Genet.* 245: 424 — 430.
- Hayes P. M., Iyarnabo O. 1994. Summary of QTL effects in the Steptoe × Morex population. *Barley Genetics Newsletter* 23: 98 — 143.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1984. Parametry genetyczne — ich interpretacja i sposoby wyznaczania. *Listy Biometryczne — Biometrical Letters* 21: 3 — 20.
- Kleinohs 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.
- Li Z.-K., Luo L. J., Mei H. W., Wang D. L., Shu Q. Y., Tabien R., Zhong D. B., Ying C. S., Stansel J. W., Khush G. S., Paterson A. H. 2001. Overdominant epistatic loci are the primary genetic basis of inbreeding depression and heterosis in rice. I. Biomass and grain yield. *Genetics* 158: 1737 — 1753.

- Romagosa I., Ullrich S. E., Han F., Hayes P. M. 1996. Use of the additive main effects and multiplicative interaction model in QTL mapping for adaptation in barley. *Theor. Appl. Genet.* 93: 30 — 37.
- Sari-Gorla M., Krajewski P., Binelli G., Frova C., Taramino G., Villa M. 1997. Genetic dissection of herbicide tolerance in maize by molecular markers. *Molecular Breeding* 3: 481 — 493.
- Searle S. P. 1982. *Matrix algebra useful for statistics*. John Wiley and Sons, New York.
- Snape J. W. 1997. Application of doubled haploid lines in plant breeding and genetical research: current issues and approaches. In: *Advances in Biometrical Genetics, Proceedings of the Tenth Meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding*, P. Krajewski and Z. Kaczmarek (eds.). Institute of Plant Genetics, Poznań, 35 — 46.
- Surma M. 1996. *Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego*. IGR PAN, Poznań.

ZYGMUNT KACZMAREK ¹TOMASZ WARZECHA ²TADEUSZ ADAMSKI ¹MARIA SURMA ¹¹ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Kraków

Wielowymiarowe podejście do oceny redukcji cech struktury plonu nagich i oplewionych linii DH jęczmienia inokulowanych *Fusarium culmorum*

Multivariate approach to estimation of reduction of yield components in hulless and hulled DH lines of barley inoculated with *Fusarium culmorum*

W pracy przedstawiono wyniki badań nad oceną podatności linii podwojonych haploidów (DH) jęczmienia jarego na fuzariozę kłosa powodowaną przez *Fusarium culmorum*. Materiał do badań stanowiło 15 linii DH o ziarnie oplewionym, 15 linii o ziarnie nieoplewionym oraz dwie formy rodzicielskie RK63/1 i IN86, odpowiednio o ziarnie oplewionym i nieoplewionym. Obserwacje dotyczyły redukcji cech struktury plonu (masy 1000 ziaren, liczby i masy ziarna z kłosa oraz celności ziarna). Analizę statystyczną uzyskanych wyników przeprowadzono za pomocą metod wielowymiarowych. Zastosowanie tych metod uzasadnione było faktem, że obserwowane cechy są w znacznym stopniu skorelowane ze sobą i analizowanie ich oddzielnie mogłoby okazać się niewystarczające i nie w pełni obiektywne.

Słowa kluczowe: *Fusarium culmorum*, jęczmień, linie DH, MANOVA

The paper presents a multivariate approach to estimation of susceptibility of barley doubled haploids (DH) to fusarium head blight caused by *Fusarium culmorum*. Material for the study involved 15 hulled and 15 hulless DH lines and two parental forms: RK63/1 (hulled) and IN86 (hulless). Number of grains per ear, grain weight per ear, 1000-grain weight and plump kernels were observed and analyzed. The multivariate two-factor analysis of variance and related multivariate methods were applied. The results of the analysis of variance were used to estimate contrasts between the both groups of DH lines (hulled and hulless) and parental forms. The comparison of particular DH lines with the "better" parental form RK63/1, and the use of Mahalanobis distance as a measure of multivariate transgression effect permitted to distinguish transgressive lines differed from the parental ones in regard to the reduction of all yield traits treated jointly.

Key words: barley, doubled haploid, *Fusarium culmorum*, MANOVA

WSTĘP

Spośród czynników obniżających plony zbóż jednymi z częściej występujących są choroby, w szczególności choroby grzybowe (Gacek, 1983). Stąd też coraz więcej uwagi poświęca się wyhodowaniu nowych, odpornych na patogeny grzybowe odmian. W przypadku jęczmienia jarego uprawianego w Polsce fuzariozę kłosów powoduje głównie *Fusarium culmorum* i w mniejszym stopniu *Fusarium avenaceum* (Adamski i in., 1999; Chełkowski i in., 2000). Porażenie kłosów przez *Fusarium* powoduje znaczne obniżenie nie tylko plonu, ale również jakości ziarna i zdolności kiełkowania (Kaczmarek i in., 2000). Celem pracy było porównanie wielkości redukcji cech struktury plonu u linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego o ziarnie oplewionym i ziarnie nagim inokulowanych *F. culmorum*. Zastosowano w tym celu metody analizy wielu zmiennych, w szczególności analizy wariancji (MANOVA) oraz analizy zmiennych kanonicznych.

Materiał doświadczalny

Badaniami objęto 15 linii DH o ziarnie oplewionym oraz 15 linii DH o ziarnie nieoplewionym, uzyskanych z mieszańców F₁ krzyżówki RK63/1 H 1N86. Materiał ten uzupełniały formy rodzicielskie RK63/1, o ziarnie oplewionym, otrzymane w Instytucie Genetyki Roślin PAN oraz forma 1N86, o ziarnie nieoplewionym, a także mieszańce pokoleń F₂ i F₃. Włączenie do doświadczenia mieszańców F₂ i F₃ spowodowane było wymaganiami związanymi z przeprowadzoną niezależnie oceną efektów działania genów kontrolujących podatność linii DH na *Fusarium culmorum* (Warzecha i in., 2003). Doświadczenie obejmujące 34 genotypy (30 linii DH, 2 formy rodzicielskie i 2 pokolenia mieszańców), założone w układzie trzech bloków losowych kompletnych, zostały przeprowadzone na polach doświadczalnych Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa AR w Krakowie w trzech kolejnych latach 1997–1999. Obserwacjami objęto takie cechy jak masa 1000 ziaren, liczba ziaren z kłosa, masa ziaren z kłosa oraz celność ziarna. Redukcję cech struktury plonu określono w procentach kontroli. Sposób inokulacji omówiony został w pracy Chełkowskiego i wsp. (2000).

Metody statystyczne

Kompleksową analizę statystyczną uzyskanych wyników doświadczeń przeprowadzono za pomocą ściśle ze sobą powiązanych metod wielowymiarowych (Caliński, Kaczmarek, 1973). Wybór metod wielowymiarowych uzasadniony był faktem, że obserwowane w doświadczeniach cechy są ze sobą w znacznym stopniu skorelowane i analizowanie ich tylko oddzielnie, niezależnie jedna od drugiej jest niewskazane. Przeprowadzona w pierwszym rzędzie 2-czynnikowa wielozmienna analiza wariancji (MANOVA), której czynnikami były lata i genotypy, umożliwiła weryfikację ogólnych hipotez wielowymiarowych o braku różnic między latami, między genotypami, a także hipotezy o braku interakcji lata × genotypy. Kolejnym etapem było testowanie hipotez szczegółowych implikowanych przez hipotezy ogólne. Dotyczyły one przede wszystkim różnego rodzaju porównań linii DH z formami rodzicielskimi oraz porównania grupy linii oplewionych z nieoplewionymi zarówno pod względem wszystkich cech traktowanych łącznie, jak i pod względem każdej z nich niezależnie.

Jako miarę podobieństwa linii DH do form rodzicielskich pod względem wszystkich badanych cech łącznie zaproponowano odległość Mahalanobisa. Odległości Mahalanobisa odpowiadają wartościom statystyki F wyliczonym dla wielocechowych kontrastów poszczególnych linii DH z ich formami rodzicielskimi. Oceny tych kontrastów oraz możliwość dodatkowego testowania istotności ich składowych (odnoszących się do kolejnych cech) pozwalają wspomniane odległości Mahalanobisa wykorzystać dla przeprowadzenia właściwej interpretacji uzyskanych wyników obliczeń. Mianowicie linie, których odległości Mahalanobisa od lepszej formy rodzicielskiej są istotne, czyli przewyższają odległość krytyczną wyznaczoną dla przyjętego poziomu istotności (w naszych obliczeniach jest nią $D_{0.05}$) można interpretować jako linie wykazujące istotny wielocechowy efekt transgresji, natomiast testowanie istotności jego składników da nam odpowiedź na pytanie, które cechy i w jaki sposób (dodatni bądź ujemny) o tym zadecydowały. Graficzne rozmieszczenie linii i form rodzicielskich na płaszczyźnie ze względu na wszystkie cechy łącznie było możliwe w wyniku zastosowania analizy zmiennych kanonicznych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzone dwuczynnikowe analizy wariancji (wielocechowa i jednocechowa) pozwoliły odrzucić wszystkie testowane hipotezy ogólne dotyczące braku różnic między latami, między genotypami (liniami DH i ich formami rodzicielskimi) oraz hipotezy o braku interakcji genotypy H lata, zarówno pod względem wszystkich cech łącznie jak i każdej oddzielnie (tab. 1).

Tabela 1

Wartości statystyki F w wielozmiennej 2-czynnikowej analizie wariancji
 F -statistic values in 2-factor multivariate analysis of variance

Źródło zmienności Source of variation	Statystyka F dla poszczególnych cech F -statistic for particular traits				Statystyka F dla czterech cech łącznie F -statistic for four traits jointly
	masa 1000 ziaren 1000-grain weight	liczba ziaren w kłosie no. of grains per ear	masa ziarna z kłosa grain weight per ear	celność ziarna plump kernels	
Lata Years	325,94**	316,68**	493,46**	103,94**	213,84**
Genotypy Genotypes	11,29**	6,28**	4,05**	15,67**	8,70**
Lata $\times$ Genotypy Years $\times$ Genotypes	9,54**	4,43**	3,90**	13,94**	7,80**

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Significant at $\alpha = 0.01$ level

Porównanie redukcji obserwowanych cech struktury plonu w poszczególnych latach przedstawiono w tabeli 2. Podane w niej wyniki testowania różnic między latami dla poszczególnych cech pozwalają wyróżnić rok 1998 jako ten, w którym redukcja cech badanych genotypów była najmniejsza. Wyniki te potwierdza rysunek 1, przedstawiający położenie lat badań opisanych redukcją czterech badanych cech w układzie dwóch

zmiennych kanonicznych. Wykreślony dendryt najkrótszych połączeń wskazuje na wysoce istotne oddalenie punktów przedstawiających lata 1997 i 1999 od punktu przedstawiającego rok 1998. Położenie oplewionych i nieoplewionych linii w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych przedstawia rysunek 2.

Tabela 2

Oceny i wyniki testowania kontrastów między latami dotyczących redukcji cech struktury plonu po inokulacji linii DH jęczmienia *Fusarium culmorum*
Estimates and testing the contrasts between years with regard to reduction of yield traits after inoculation of barley DH lines with *Fusarium culmorum*

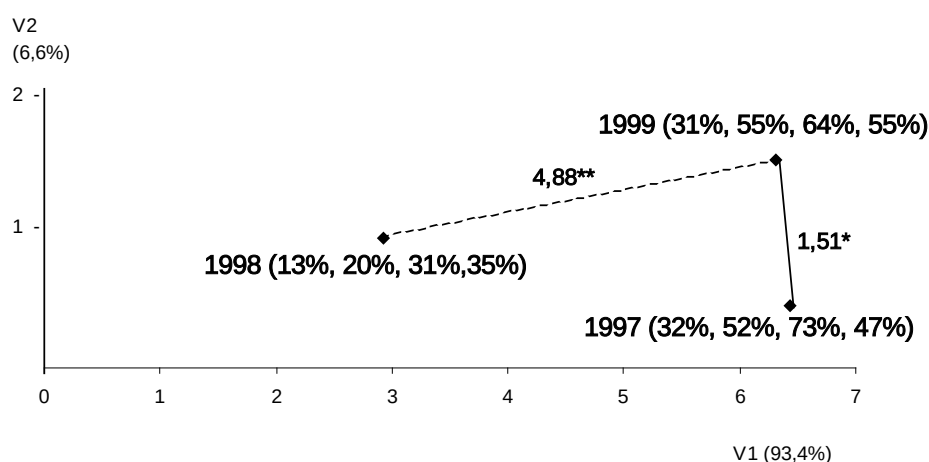
Kontrast Contrast	Ocena porównania Estimate of contrast				Wartość statystyki F dla czterech cech łącznie F-statistic for four traits jointly
	masa 1000 ziaren 1000-grain weight	liczba ziaren w kłosie no. of grains per ear	masa ziarna z kłosa grain weight per ear	celność ziarna plump kernels	
1997–1998	19,22**	31,29**	41,55**	11,08	317,18
1997–1999	1,04	-3,03*	8,36**	-8,21**	28,67
1998–1999	-18,19**	-34,32**	-33,19**	-19,29**	298,91
$F_{0,01}$					6,76

* — Kontrast istotny na poziomie $\alpha = 0,05$

* — Contrast significant at $\alpha = 0.05$ level

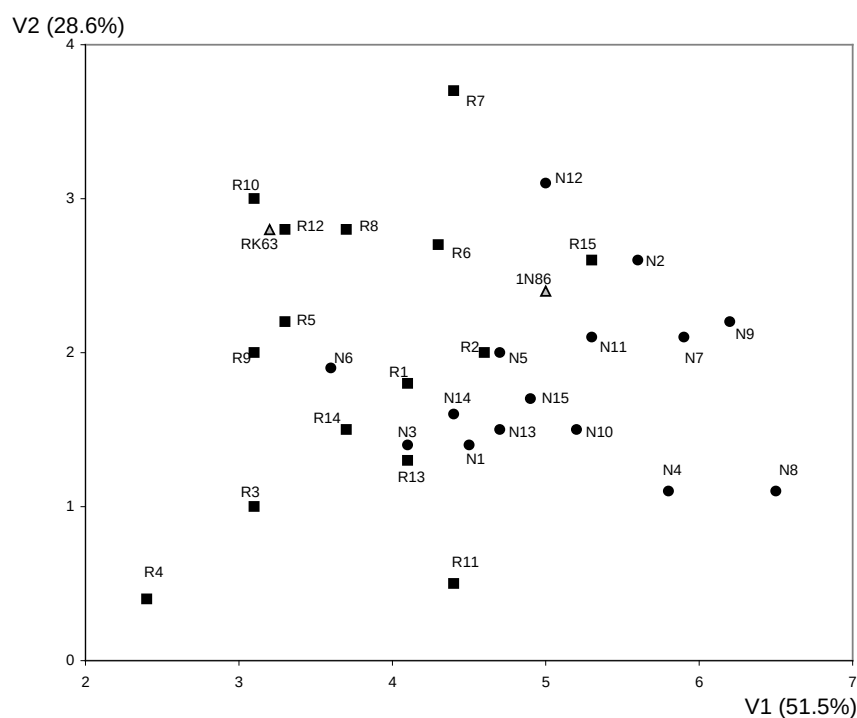
** — Kontrast istotny na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Contrast significant at $\alpha = 0.01$ level



Rys. 1. Położenie lat w układzie dwóch zmiennych kanonicznych ze względu na redukcję cech struktury plonu linii DH jęczmienia po inokulacji *F. culmorum*

Fig. 1. Distribution of years in the space of two canonical variates with regard to the reduction of yield traits of barley DH lines after inoculation with *F. culmorum*



Rys. 2. Położenie oplewionych (R) i nagich (N) linii DH jęczmienia w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych ze względu na procent redukcji cech struktury plonu po inokulacji *F. culmorum*

Fig. 2. Distribution of hulled (R) and hulless (N) barley DH lines in the space of two canonical variates with regard to the reduction of yield traits after inoculation with *F. culmorum*

Tabela 3

Wyniki testowania wielocechowych porównań między oplewionymi i nagimi liniami DH jęczmienia i formami rodzicielskimi po inokulacji *F. culmorum* w latach 1997–1999
Results of testing the multivariate contrasts between hulled and hulless barley DH lines and parental forms after inoculation with *F. culmorum* in 1997–1999

Porównanie Contrast	Wartość statystyki F F-statistic value			
	rok 1997 year 1997	rok 1998 year 1998	rok 1999 year 1999	średnia dla lat average for years 1997–1999
$\overline{DH}$ nag. — $\overline{DH}$ opl.	28,70	13,05	24,15	58,17
$\overline{DH}$ opl. — 1N86	0,83	11,68	4,14	6,76
$\overline{DH}$ opl. — RK63	6,83	3,21	5,19	5,26
$\overline{DH}$ nag. — 1N86	5,20	6,72	3,21	1,72
$\overline{DH}$ nag. — RK63	19,83	5,29	8,75	19,76
RK63 — 1N86	2,94	4,44	1,85	7,41
$F_{0,05}$			2,42	
$F_{0,01}$			3,42	

Można na nim wyróżnić dwa skupiska linii DH: oplewionych i nagich. Wyniki testowania najbardziej interesujących wielocechowych porównań linii DH, a mianowicie porównań grupy linii oplewionych z nieoplewionymi, średnich obu grup linii DH z obiema formami rodzicielskimi, a także porównania tych form między sobą, przeprowadzone dla każdego roku doświadczeń oraz dla całego okresu badań (średnio) zawiera tabela 3. Oceny tych porównań, dotyczące redukcji poszczególnych cech struktury plonu w kolejnych latach doświadczeń oraz średnio z 3 lat, z zaznaczeniem ich istotności, podane są w tabeli 4.

Tabela 4

Oceny wybranych kontrastów między oplewionymi i nagimi liniami DH oraz formami rodzicielskimi jęczmienia dotyczących redukcji cech plonotwórczych po inokulacji *Fusarium culmorum*
Estimates of chosen contrasts between hulled and hulless barley DH lines and parental forms after inoculation with *Fusarium culmorum*

Kontrast Contrast	Cecha Trait	Ocena kontrastu w latach Estimate of contrast in years			
		1997	1998	1999	średnia z 3 lat average for 3 years
$\overline{DH}_{nag.} - \overline{DH}_{opl.}$	1	5,28**	4,87**	1,27	3,81**
	2	5,17*	4,32	-4,19	1,77
	3	7,59**	5,78**	-3,55	3,27**
	4	19,44**	11,78**	18,17**	16,46**
$\overline{DH}_{opl.} - 1N86$	1	5,86	-19,54**	-10,62**	-8,10**
	2	-3,06	3,82	-6,19	-1,81
	3	-2,96	5,95	-12,47*	-3,16
	4	-1,26	-16,64**	-14,11*	-10,67**
$\overline{DH}_{opl.} - RK63$	1	9,15*	-7,90*	-16,13**	-4,96*
	2	1,59	14,66*	0,41	5,55
	3	2,04	10,52	-7,68	1,63
	4	24,79**	7,88	5,30	12,66**
$\overline{DH}_{nag.} - 1N86$	1	11,15**	-14,67**	-9,36*	-4,29*
	2	2,11	8,14	-10,40	-0,05
	3	4,63	11,72	-16,02**	0,11
	4	18,18**	-4,86	4,07	5,80
$\overline{DH}_{nag.} - RK63$	1	14,43**	-3,03	-14,86**	-1,15
	2	6,76	18,98**	-3,78	7,32
	3	9,63**	16,30**	-11,22	4,90
	4	44,23**	19,66**	23,47**	29,12**
1N86 — RK63	1	3,28	11,64*	-5,50	3,14
	2	4,65	10,84	6,61	7,37
	3	5,00	4,58	4,80	4,79
	4	26,05**	24,52**	19,40*	23,32**

1 — Masa 1000 ziaren; 1000-grain weight;

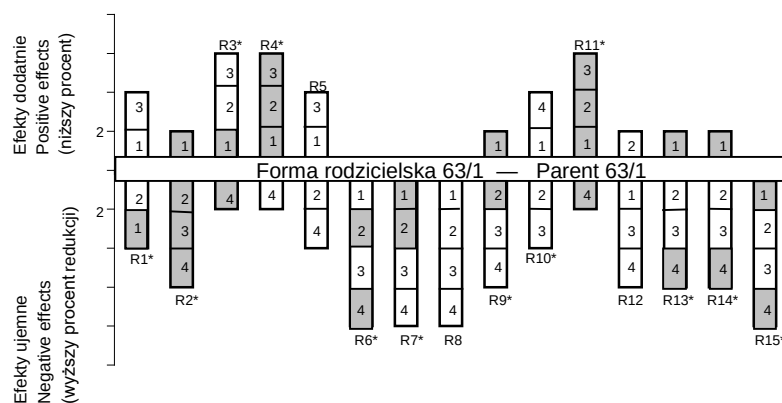
2 — Liczba ziaren w kłosie; no. of grains per ear

3 — Masa ziarna z kłosa; grain weight per ear

4 — Celność ziarna; plump kernels

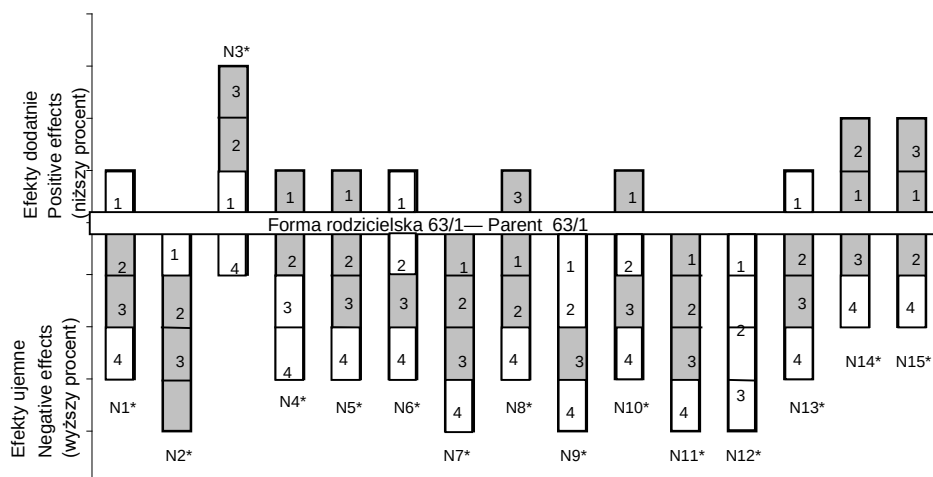
Z analizy zamieszczonych w obu tabelach rezultatów jednoznacznie wynika fakt znacznie większej redukcji cech plonotwórczych w grupie linii nieoplewionych w porównaniu z oplewionymi. Dla trzech cech różnice w redukcji były wysoce istotne nie tylko w przypadku średnich za 3 lata, lecz także w poszczególnych latach (poza masą 1000 ziaren i masą ziarna z kłosa w roku 1999). Nie stwierdzono żadnych istotnych różnic

jedynie dla liczby ziaren w kłosie. Porównanie średniej linii oplewionych z formami rodzicielskimi okazało się na ogół korzystne dla linii DH. Za wyjątkiem celności ziarna i liczby ziaren w kłosie (w roku 1998), linie te charakteryzowały się mniejszą podatnością na porażenie *F. culmorum*, aniżeli wspomniane formy RK63/1 i 1N 86. Znacznie większą zmiennością w latach odznaczał się kontrast grupy linii nagich z obiema formami rodzicielskimi. Na dodatnią bądź ujemną ocenę tego kontrastu znaczny wpływ miały warunki klimatyczne występujące w latach badań. I tak w roku 1997 sprzyjały one obu formom rodzicielskim, podczas gdy w roku 1999 były bardziej korzystne dla nieoplewionych linii DH. Wyjątek stanowiła celność ziarna, której redukcja u formy rodzicielskiej RK63/1 była w każdym roku istotnie niższa od średniej redukcji tej cechy u linii nieoplewionych. Porównanie obu form rodzicielskich pod względem redukcji cech struktury plonu potwierdziło przypuszczenia co do ogólnie większej podatności na fusariozę kłosów formy nieoplewionej 1N 86. Interesujące są rezultaty badań dotyczące efektów transgresji (zarówno jednocechowych jak i wielocechowych) przedstawione dla linii oplewionych na rysunku 3, a dla nieoplewionych na rysunku 4.



- * — Wielowymiarowy efekt transgresji istotny na poziomie $\alpha = 0,05$
- * — Multivariate transgression effect significant at $\alpha = 0.05$ level
- Jednowymiarowy efekt transgresji istotny na poziomie $\alpha = 0,05$
- Univariate transgression effect significant at $\alpha = 0.05$ level
- 1 — Masa 1000 ziaren; 1000-grain weight
- 2 — Liczba ziaren z kłosa; number of grains per ear
- 3 — Masa ziarna z kłosa; grain weight per ear
- 4 — Celność ziarna; plump kernels

Rys. 3. Oceny jedno- i wielowymiarowych efektów transgresji oplewionych linii DH jęczmienia
Fig. 3. The estimates of uni- and multivariate transgression effects of hulled DH lines



- * — Wielowymiarowy efekt transgresji istotny na poziomie $\alpha = 0,05$
 * — Multivariate transgression effect significant at $\alpha = 0.05$ level
 — Jednowymiarowy efekt transgresji istotny na poziomie $\alpha = 0,05$
 — Univariate transgression effect significant at $\alpha = 0.05$ level
 1 — Masa 1000 ziaren; 1000-grain weight
 2 — Liczba ziaren z kłosa; number of grains per ear
 3 — Masa ziarna z kłosa; grain weight per ear
 4 — Celność ziarna; plump kernels

Rys. 4. Oceny jedno- i wielowymiarowych efektów transgresji nieoplewionych linii DH jęczmienia
Fig. 4. The estimates of uni- and multivariate transgression effects of hulless DH lines

W przypadku linii oplewionych aż 12 wykazało istotną odległość Mahalanobisa w stosunku do formy rodzicielskiej RK63/1, co oznacza, że 12 linii wykazało się wielocechową transgresją ze względu na procent redukcji cech struktury plonu. Spośród nich 2 linie, R4 i R11 pod względem trzech cech: masy 1000 ziaren, liczby ziaren z kłosa i masy ziarna z kłosa, posiadały istotny, dodatni efekt transgresji, a pod względem cechy celność ziarna ujemny efekt transgresji (dla R4 — nieistotny). Wielocechowe efekty transgresji linii nieoplewionych wyznaczone „w stosunku” do tej samej formy RK63/1 okazały się we wszystkich przypadkach istotne, zaś ich oceny dla poszczególnych cech w zdecydowanej większości były ujemne. Jedyną cechą, dla której efekt transgresji okazał się dla czterech linii istotnie dodatni, była masa 1000 ziaren (rys. 4). Cechą, której procent redukcji był u wszystkich linii nieoplewionych i niemal wszystkich oplewionych (z wyjątkiem R10) wyższy aniżeli u obu form rodzicielskich była celność ziarna.

WNIOSKI

1. Zastosowanie wielocechowych metod statystycznych umożliwiło określenie różnic między latami, między obiema grupami linii DH, a także wyodrębnienie linii zrekombinowanych pod względem badanych cech struktury plonu. Stwierdzono, że rok

- 1998 okazał się rokiem, w którym redukcja cech badanych genotypów była średnio najmniejsza.
2. Wykazano, że istotnie najmniejsza redukcja cech plonotwórczych, w wyniku inokulacji *F. culmorum*, miała miejsce w grupie linii oplewionych.
 3. Większość linii oplewionych i wszystkie nieoplewione różniły się istotnie pod względem redukcji cech struktury plonu od formy rodzicielskiej RK63/1, czyli odznaczały się istotnym wielocechowym efektem transgresji.
 4. Dwie linie, R4 i R11 pod względem trzech cech: masy 1000 ziaren, liczby ziarna z kłosa i masy ziarna z kłosa, posiadały istotny, dodatni efekt transgresji, a pod względem celności ziarna ujemny efekt transgresji.
 5. Cechą, której procent redukcji był u wszystkich linii nieoplewionych i niemal wszystkich oplewionych (z wyjątkiem R10) wyższy aniżeli u obu form rodzicielskich była celność ziarna.

LITERATURA

- Adamski T., Chełkowski J., Goliński P., Kaczmarek Z., Kostecki M., Perkowski J., Surma M., Wiśniewska H. 1999. Yield reduction and mycotoxin accumulation in barley doubled haploids inoculated with *Fusarium culmorum*. J. Appl. Genet. 40: 73 — 84.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego. W: Trzecie Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN i PTB Warszawa: 258 — 320.
- Chełkowski J., Wiśniewska H., Adamski T., Goliński P., Kaczmarek Z., Kostecki M., Perkowski J., Surma M. 2000. Effect of *Fusarium culmorum* head blight on mycotoxin accumulation and yield traits in barley doubled haploids. J. Phytopathology 148: 541 — 545.
- Gacek E. 1983. Analiza patogeniczności grzybów porażających jęczmień. Biul. IHAR 150: 11 — 16.
- Kaczmarek Z., Adamski T., Surma M., Chełkowski J. 2000. Wielowymiarowa ocena podatności podwojonych haploidów jęczmienia na fuzariozę kłosa. Biul. IHAR 216: 207 — 212.
- Warzecha T., Adamski T., Kaczmarek Z., Surma M. 2003. Ocena efektów działania genów kontrolujących podatność oplewionych i nieoplewionych linii DH jęczmienia na fuzariozę kłosa. Biul. IHAR 226/227: 285 — 292.

ROMUALD KOSINAInstytut Biologii Roślin
Uniwersytet Wrocławski

Numeryczna klasyfikacja genetycznych parametrów cech zarodka oraz tetraploidalnych taksonów pszenicy opisanych tymi parametrami

Clustering of genetic parameters of embryo characters and taxa of tetraploid wheat

Metody taksonomii numerycznej zastosowano do klasyfikacji parametrów genetycznych m , $[d]$, $[h]$, $[i]$, $[j]$, $[l]$ oraz niezależnie mieszańcowych taksonów pszenic tetraploidalnych. Skupianie obiektów przeprowadzano przy wielkości korelacji kofenetycznych $> 0,90$. Transformacje skal nie poprawiały wyraźnie skuteczności stosowanych metod. Parametry m wyodrębniane są w niezależne skupienie. Rozmieszczanie parametrów w przestrzeni 3D wskazuje na odrębność i integralność natury genetycznej epiblastu. Związki pomiędzy parametrami genetycznymi w parach $[h]$ – $[i]$ i $[d]$ – $[l]$ wskazują na funkcjonowanie naddominacji i nadinterakcji nieallelicznych w kontroli ekspresji cech zarodka. Prezentacja taksonów w przestrzeni drzewa najkrótszych rozgałęzień ujawniła rozdzielenie par mieszańców przeciwnych na dwie grupy mateczno-ojcowskiego pochodzenia od endemicznej *Triticum carthlicum*. Dendrogram najbliższego sąsiedztwa wydziela grupę pochodzącą od *T. carthlicum* i *T. dicoccoides*. Świadczy to o odrębności genetycznej endemicznej pszenicy perskiej i dzikiej płaskurki w grupie analizowanych tetraploidów.

Słowa kluczowe: parametry genetyki ilościowej, pszenice tetraploidalne, taksonomia numeryczna, zarodek

Methods of numerical taxonomy were applied for classification of genetic parameters m , $[d]$, $[h]$, $[i]$, $[j]$, $[l]$ as well as for cluster analysis of hybrid taxa of tetraploid wheats. Clustering of objects was made at the level of cophenetic correlation > 0.90 . Transformations of scale did not improve distinctly the efficacy of the used methods. The parameters m are set in a separate cluster. Distribution of parameters within the 3D-space shows special genetic nature of epiblast. Relationships within pairs of genetic parameters, i.e. $[h]$ – $[i]$ and $[d]$ – $[l]$ show that overdominance and non-allelic overinteractions control the expression of embryo characters. Presentation of taxa within a space of minimum-length spanning tree exhibits separation of reciprocal hybrid pairs in two groups of the maternal-paternal *Triticum carthlicum* origin. Neighbour-joining dendrogram sets apart a group of hybrids of *T. carthlicum* and *T. dicoccoides* origin. This is an evidence of genetic peculiarity of endemic Persian wheat as well as wild emmer within group of tetraploids studied.

Key words: embryo, numerical taxonomy, parameters of quantitative genetics, wheat tetraploids

WSTĘP

W taksonomii numerycznej roślin najczęstszą procedurą jest wykorzystywanie oryginalnych cech (ewentualnie cech transformowanych) do klasyfikacji operacyjnych jednostek taksonomicznych, OTUs — operational taxonomic units (Sneath i Sokal, 1973). Sporadycznie zdarza się zastosowanie parametrów równań regresji, w szczególności do analizy zmienności kształtów roślin (Phillips, 1983; Kosina, 1996). Również za wyjątkowe w taksonomii należy uznać studia nad cechami mikrostrukturalnymi ziarniaka pszenicy (Kosina, 1984, 1995, 1999). W owocu tego typu można wyróżnić trzy rodzaje tkanek i organów o zróżnicowanych genotypach: zarodek — młodą roślinę o *sensu stricto* mieszańcowym charakterze (po skrzyżowaniu roślin) i w pewnym stopniu zdiploidyzowanych genomach, np. u allopoliploidów (Feldman i in., 1986); bielmo — tkankę triploidalną, również mieszańcową o różnym udziale genomów rodziców oraz szereg tkanek (okrywa owocowo-nasienna, tkanki przewodzące i transferowe) o ściśle matecznym pochodzeniu. Zainteresowanie genetyką zarodka (Kosina, 1993) jest w pełni uzasadnione ze względu na wielogenową regulację jego morfogenezy, czego dowodzą analizy licznych mutantów zarodków kukurydzy i ryżu (Sheridan i Neuffer, 1982; Nagato i in., 1989; Clark i Sheridan, 1991). Użycie parametrów genetyki ilościowej do celów klasyfikacyjnych w taksonomii roślin jak i ocena tych parametrów metodami taksonomii numerycznej są w literaturze zupełnie nowatorskie. Istotny w poniższych analizach jest fakt, że badany organ rośliny, zarodek, jest konserwatywny rozwojowo i zapewne genetycznie.

Zastosowanie wspomnianych metod numerycznych oraz analiza genetycznego statusu zarodka pszenic tetraploidalnych jest celem poniższych badań. Genetyczna struktura roślin jest opisywana tutaj z wykorzystaniem modelu 6-parametrowego (m , $[d]$, $[h]$, $[i]$, $[j]$, $[l]$) zgodnie z propozycjami Mathera i Jinksa (1982). Ze względu na wagę związków pomiędzy parametrami istotne jest zastosowanie techniki R do ich oceny (Sneath i Sokal, 1973). Badane taksony należą do form uprawnych i dzikich (*Triticum dicoccum* vs. *T. dicoccoides*), o wąskim i szerokim zasięgu (*T. carthlicum* vs. *T. durum*), o mieszańcowym lub mutacyjnym pochodzeniu (*T. ispahanicum*, *T. polonicum*). Tak zróżnicowana grupa OTU może być szczególnie interesująca w badaniach techniką Q (Sneath i Sokal, 1973). Jedną z grup metod porządkujących OTU są metody skupiania i one były głównym narzędziem w niniejszej pracy (Sneath i Sokal, 1973; Rohlf, 1994).

Poniższe opracowanie jest interdyscyplinarnym rozważaniem z zakresu taksonomii i analizy procesu ewolucji roślin, w szczególności organizacji genetycznej zmienności w populacjach roślin uprawnych. Rozważania te są zgodne z poglądem Stuessy'ego (1990) na temat obszaru badań systematyki roślin.

MATERIAŁ I METODY

Jako zmienne (cechy) opisujące OTU zostały wykorzystane parametry genetyczne m , $[d]$, $[h]$, $[i]$, $[j]$, $[l]$ modelu Mathera i Jinksa (1982) publikowane częściowo (Kosina, 1995) oraz w większości niepublikowane. Oceny tych parametrów uzyskano na podstawie

danych z pokoleń F_1 do F_4 , BC_1 , BC_2 oraz P_1 i P_2 dla następujących kombinacji krzyżówkowych i krzyżowań odwrotnych (w nawiasach podano symbole literowe używane w diagramach):

1. *Triticum durum* $\times$ *T. dicoccum* (DDc, DcD),
2. *T. durum* $\times$ *T. carthlicum* (DC, CD),
3. *T. carthlicum* $\times$ *T. ispahanicum* (CI, IC),
4. *T. carthlicum* $\times$ *T. polonicum* (CP, PC),
5. *T. carthlicum* $\times$ *T. dicoccoides* (CDs, DsC),
6. *T. carthlicum* $\times$ *T. dicoccoides* (CDs', Ds'C).

Wykorzystane do krzyżowań taksony pszenicy są zróżnicowane pod względem ich pochodzenia oraz wzoru ewolucji:

- *Triticum durum* — pszenica twarda, o dużej zmienności ekologicznej (8 grup). Mniej plastyczna niż heksaploidalna *T. aestivum*. Pierwotne centrum zmienności w Etiopii (Asins i Carbonell, 1989). Nadal w uprawie. Może odgrywać ważną rolę na nowych terenach przy globalnym ocieplaniu klimatu. Jej genomy są silnie zdiploidyzowane (Feldman i in., 1986).
- *T. polonicum* — pszenica polska. Występuje rzadko jako domieszka w zasiewach *T. durum* na obszarze śródziemnomorskim, Etiopii, Bliskiego Wschodu, Zakaukazia i w Chinach. Kłos o ekstremalnie długich plewach, plewkach i ziarniakach. Prawdopodobnie mutacja z *T. durum* (Bekele, 1984).
- *T. carthlicum* — pszenica perska. Endemiczna pszenica Zakaukazia, uprawiana do 2500 m n.p.m. Uważana jest za rekombinanta z krzyżowań tetraploidów z pszenicą zwyczajną (Mac Key, 1966). Genetycznie najbardziej odległa od innych tetraploidów z genomami AABB (Joshi i Singh, 1979).
- *T. ispahanicum* — płaskurka isfahańska, występuje w Iranie. Według Chelaka (1978) produkt spontanicznych krzyżowań w obrębie uprawnej płaskurki, *T. dicoccum*.
- *T. dicoccum* — pszenica płaskurka, uprawiana od neolitu do wczesnego średniowiecza. Obecnie sporadycznie w uprawie na Bliskim Wschodzie, w Hiszpanii, Maroku i Indii. Jej genomy są silnie zdiploidyzowane (Feldman i in., 1986).
- *T. dicoccoides* — dzika płaskurka. Takson polimorficzny. Endemit Bliskiego Wschodu. Cenna w badaniach molekularnej zmienności populacji. Ma słabo zdiploidyzowane genomy (Feldman i in., 1986).
- Powyższych dwanaście prostych i odwrotnych mieszańców (poz. 1–6) opisano parametrami genetycznymi czterech cech zarodka (numery cech zastosowano w diagramach przy oznakowaniu parametrów):
 1. stosunek długości tarczki i osi zarodka,
 2. kształt epiblastu,
 3. kształt tarczki,
 4. kształt osi zarodka.

Macierz danych oryginalnych (mieszańce $\times$ parametry genetyczne) analizowano techniką R (dla zbadania relacji pomiędzy parametrami genetycznymi) oraz techniką Q (związki pomiędzy taksonami). Do skupiania parametrów lub taksonów zastosowano trzy metody (Rohlf, 1994):

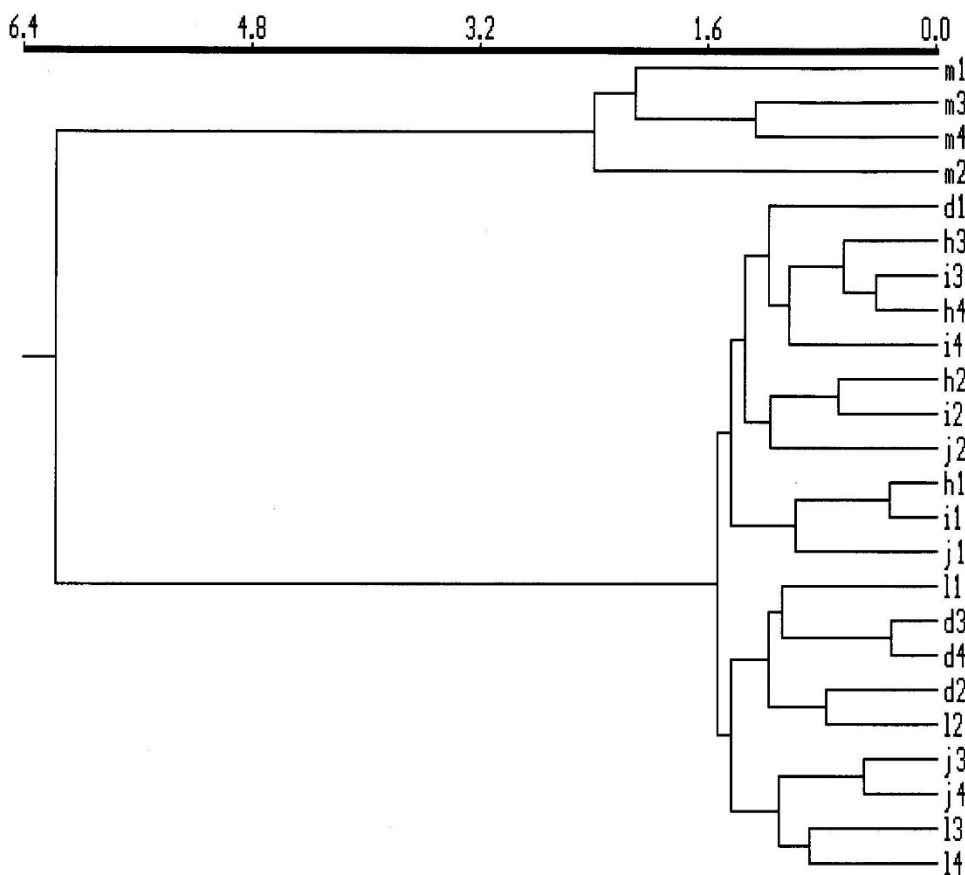
- UPGMA (unweighted pair-group method, arithmetic average) — metoda skupia parami OTU porównując nieważone średnie arytmetyczne grup. Jest to metoda najczęściej stosowana również w badaniach botanicznych (Duncan i Baum, 1981), ze względu na jej znaczną skuteczność (wysoki poziom korelacji macierzy odległości lub współczynników podobieństwa oraz macierzy wartości kofenetycznych, czyli poziomów łączenia OTU w dendrogramie).
- NJOIN (neighbor-joining method) — metoda skupiania opracowana przez Saitou i Nei (Rohlf, 1994) do konstruowania „zakorzenionych” drzew filogenetycznych. Ideą metody jest minimalizacja sumy wszystkich połączeń w drzewie — kryterium minimalnej ewolucji. Jest szczególnie skuteczna w rekonstrukcji filogenezy dla małej liczby taksonów (Pearson i in., 1999). Daje ona drzewa bardziej dokładne (w sensie pokrewieństwa) niż metoda UPGMA. Drzewa można „zakorzeniać” w punkcie środkowym (i tak postępowano w pracy) lub wobec wybranej „zewewnętrznej” OTU.
- MST (minimum-length spanning tree) — metoda wyznacza niezakorzenione drzewo najmniejszych rozgałęzień z macierzy odległości lub współczynników podobieństwa. Graf może być prezentowany w przestrzeni 3D, jak uczyniono poniżej.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza skupień genetycznych parametrów cech zarodka (technika R w A-przestrzeni)

Dobroć zastosowanych współczynników podobieństwa lub odległości pomiędzy sześcioma parametrami genetycznymi w metodzie skupień UPGMA badano poziomem korelacji kofenetycznej (korelacja macierzy, np. odległości, oraz macierzy wartości kofenetycznych). Analizy przeprowadzono dla 15 różnych współczynników podobieństwa lub odległości. Dla parametrów nietransformowanych uzyskano bardzo dobry poziom korelacji kofenetycznych ($r_{\text{kofenetyczne}} > 0,90$) w 47% przypadków, zaś poziom dobry ($r_{\text{kofenetyczne}} = 0,80\text{--}0,90$) dla 13% analiz. Szereg metryk Minkowskiego, jak średnia odległość taksonomiczna, odległość euklidesowa oraz ich kwadraty, odległość Manhattan, jak i współczynniki: kształtu Penrose’a i procentowego podobieństwa Renkonena, w połączeniu z metodą skupiania UPGMA dały najwyższe wartości korelacji kofenetycznej. Transformacja parametrów obniżała ilość przydatnych do analizy skupień współczynników lub odległości $r_{\text{kofenetyczne}} > 0,90$ uzyskano dla 27% analiz. Dane przedstawione na rysunku 1 wskazują, że standaryzowane parametry m (średnie wartości genotypowe homozygot) dla wszystkich cech zarodka są wydzielone od pozostałych w odrębne skupienie. Parametr m_2 (kształt epiblastu) jest wyraźnie odległy od średnich (m_1 , m_3 , m_4) pozostałych cech. Względna bliskość parametrów m_3 i m_4 dowodzi, że morfogeneza tarczki i osi zarodka jest procesem spójnym genetycznie. Ujawnia się to również we wzajemnej bliskości pozostałych parametrów ($[d, h, i, j, l]$) dla obu cech. Według Mathera i Jinksa (1982) dobór skali decyduje o ujawnieniu niezależności parametru m od $[d]$ i $[h]$. Taką niezależność można obserwować zarówno w dendrogramie UPGMA dla danych transformowanych (rys. 1), jak i nietransformowanych w diagramie MST (rys. 2). Tam również parametr m_2 jest skrajnie położony w przestrzeni opisanej

trzema OTU (CD, DC, CI). Rysunek 1 ujawnia specyficzne rozmieszczenie parametrów genetycznych. Widoczny jest dystans parametrów cechy 1 oraz kształtu epiblastu od cech 3 i 4 (parametry genetyczne kształtów tarczki i osi zarodka).

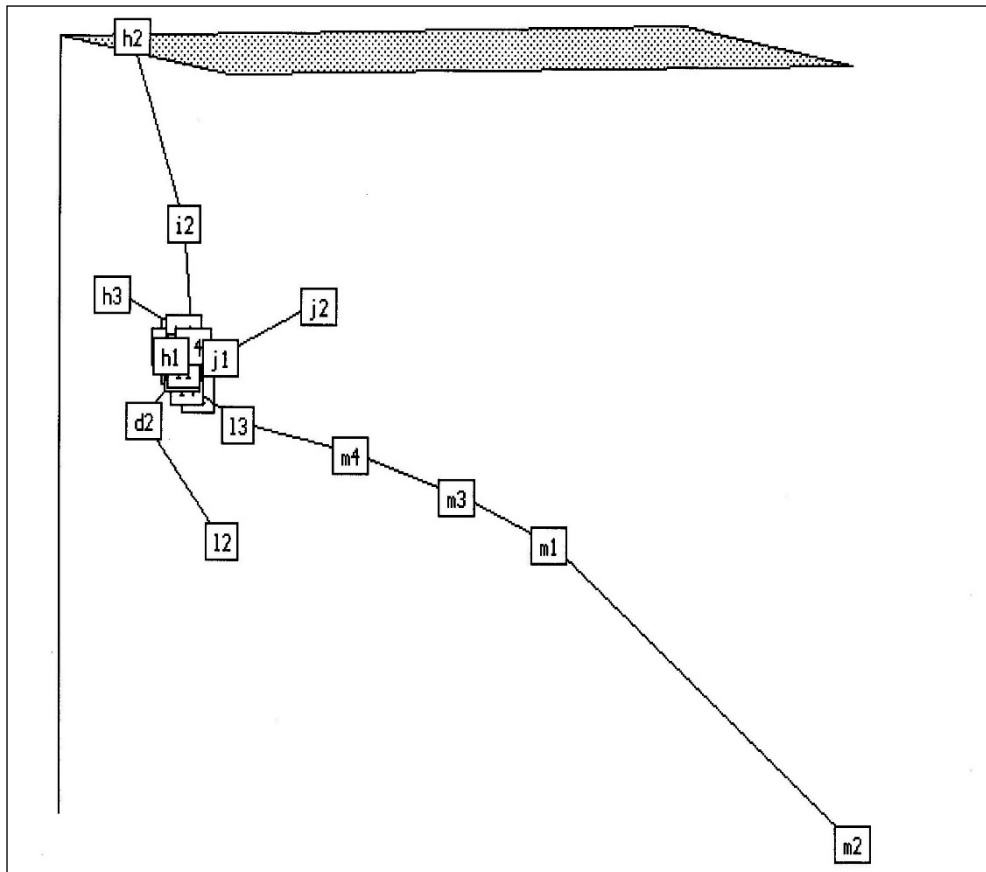


Rys. 1. Dendrogram UPGMA standaryzowanych parametrów genetycznych 4 cech zarodka pszenic tetraploidalnych. Odległości pomiędzy parametrami wyrażone średnią odległością taksonomiczną $r_{kofenetyczne} = 0,964$

Fig. 1. UPGMA tree for standardized genetic parameters for four traits of tetraploid wheat embryo. Differentiation of parameters is expressed as average taxonomic distance $r_{cophenetic} = 0.964$

Szczególnie bliskie sobie są efekty dominowania $[h]$ oraz nieallelicznych interakcji homozygotycznych $[i]$ dla wszystkich cech. Pozostałe parametry nieallelicznych interakcji $[j, l]$ wydzielone są w niezależne skupienie dla cech nr 3 i 4 — dowodzi to podobieństwa kontroli genetycznej obu cech. Parametry $[l]$ — niealleliczne interakcje heterozygot łączone są z parametrami $[d]$ — $[l1, l2]$. Prezentacja nietransformowanych parametrów

(rys. 2) w przestrzeni tylko trzech OTU (CD, DC, CI) ujawnia oddalenie genetycznych parametrów dla kształtu epiblastu (cecha nr 2) od parametrów cech pozostałych, co potwierdza odrębność genetyczną tego organu. Ekspresja genów kontrolujących rozwój epiblastu ulega silnej modyfikacji u oddalonych mieszańców *Triticeae* (Kosina, 1989 a). Rozwój ten jest wyraźnie odmienny w stresie środowiskowym. Zmiany powyższe ujawniają się w postaci mozaikowej budowy zarodka (z epiblastem lub bez) w obrębie jednego kłosa (Kosina, 1989 b). Pokazanie wszystkich parametrów w przestrzeni 3D może być utrudnione w przypadku ich bliskiego położenia (rys. 2).



Rys. 2. Drzewo minimalnych rozgałęzień parametrów genetycznych 4 cech zarodka pszenic tetraploidalnych. Osie x, y, z wyznaczone odpowiednio przez wartości parametrów dla taksonów CD, DC, CI. Bezpośrednie połączenia pomiędzy parametrami są średnimi odległościami taksonomicznymi obliczanymi dla wszystkich taksonów $r_{kofenetyczne} = 0,962$

Fig. 2. Minimum-length spanning tree (MST) for genetic parameters of four traits of tetraploid wheat embryo. Axes x, y, z are for parameters of CD, DC, CI taxa, respectively. Direct links between parameters are average taxonomic distances counted for all the taxa $r_{cophenetic} = 0.962$

Jednak szczegółowa obserwacja diagramu podczas jego rotacji ujawnia, że większość parametrów genetycznych cechy 1 (relacje wzrostowe zarodka) jest umieszczona w centrum grupy, zaś obwodowo parametry kształtów organów zarodka. Oba prezentowane diagramy (rys. 1 i 2) dowodzą genetycznej odrębności epiblastu, spójności kontroli genetycznej kształtów tarczki i osi zarodka oraz podobieństwa parametrów w parach $[h]-[i]$ i $[d]-[l]$. Wyniki analizy diallelicznej dla grupy *Triticum dicoccum*-*T. durum*-*T. polonicum*-*T. carthlicum* (Kosina, 1995) wskazują na istotną naddominację, przynajmniej dla cech nr 2, 3, 4. Jak podaje Jinks (1983) dla analizy heterozji, oceny zmienności parametrów $[d, h, i, l]$ pozwalają na szacowanie poziomu naddominacji oraz „nadinterakcji” nieallelicznych, wyrażanych zależnościami składowych wariancji genetycznych: $\sqrt{H/D} > 1$ (naddominowanie) oraz $\sqrt{L/I} > 1$ (nadinterakcje niealleliczne). Dla rozważanej grupy taksonów $\sqrt{H/D} = 3,67$ do $8,71$ (rozstęp dla czterech cech), zaś $\sqrt{L/I} = 1,36$ do $2,33$, co dowodzi współistnienia obu powyższych procesów. Badane mieszańce pochodzą od gatunków pszenic (w rozumieniu gatunku taksonomicznego) łączących w sobie dwa genomy o odmiennej naturze, A — genom autogamiczny oraz B — genom allogamiczny (Mac Key, 1970). Analizy Feldmana i wsp. (1986) dowiodły istotnego zdiploidyzowania, poprzez represję części genów, genomów *Triticum durum*, *T. dicoccum* oraz słabszego u *T. dicoccoides*. Dotyczy to w głównej mierze autogamicznego genomu A. Studia Asins i Carbonella (1986) nad zmiennością wewnątrz- i międzypopulacyjną izoenzymów ziarniaka w rodzaju *Triticum* wskazują, że wzory zmienności u *Triticum dicoccoides* i *T. carthlicum* są implikowane ich systemami kojarzenia, odpowiednio bardziej auto- vs. allogamia. Zatem istniałaby tutaj zbieżność pomiędzy autogamią *T. dicoccoides* oraz większą stabilnością jej autogamicznego genomu A (słabsza diploidyzująca represja genów). Biorąc pod uwagę takie zróżnicowanie genomów, słuszne jest twierdzenie Mac Keya (1970), że u pszenicy mamy do czynienia z disomiczną tetraploidalnością, która przy homozygotycznym układzie homeologicznych *loci* obu genomów, np. *AAaa*, prowadzi do naddominacji określanej przez Mac Keya jako „homozygotyczno genomowa” lub „homeologiczna heterozja”. Wniosek: subtelne różnice w systemie reprodukcji, w poziomie homeologii genomów A i B zależnym od stopnia ich zdiploidyzowania skutkują w zróżnicowaniu naddominacji i nadinterakcji genów. Analiza korelacji parametrów genetycznych dla badanych czterech cech zarodka wykazała, że $[h]$ i $[i]$ są skorelowane dodatnio dla grupy 12 mieszańców, zaś $[h]$ i $[l]$ ujemnie. Oba typy zależności dowodzą dynamicznej równowagi pomiędzy naddominacją i nadinterakcjami nieallelicznymi w kontroli ekspresji cech zarodka.

Analiza skupień mieszańcowych taksonów (OTU) pszenic tetraploidalnych

Technikę Q (analizy w I-przestrzeni) zastosowano do podobnych zestawów metod skupień i współczynników podobieństwa lub odległości jak w przypadku parametrów genetycznych. Tylko dla współczynników wielkości Penrose’a i procentowego podobieństwa Renkonena uzyskano $r_{\text{kofenetyczne}} > 0,90$ dla danych nietransformowanych. Transformacja skali pozwoliła dla większej ilości współczynników lub odległości uzyskać wysokie $r_{\text{kofenetyczne}}$, ale na obniżonym poziomie (0,80–0,90). Dotyczyło to 53% analiz. W tym miejscu należy przytoczyć symulacje Rohlfa i Fischera (1968) nad skutecznością

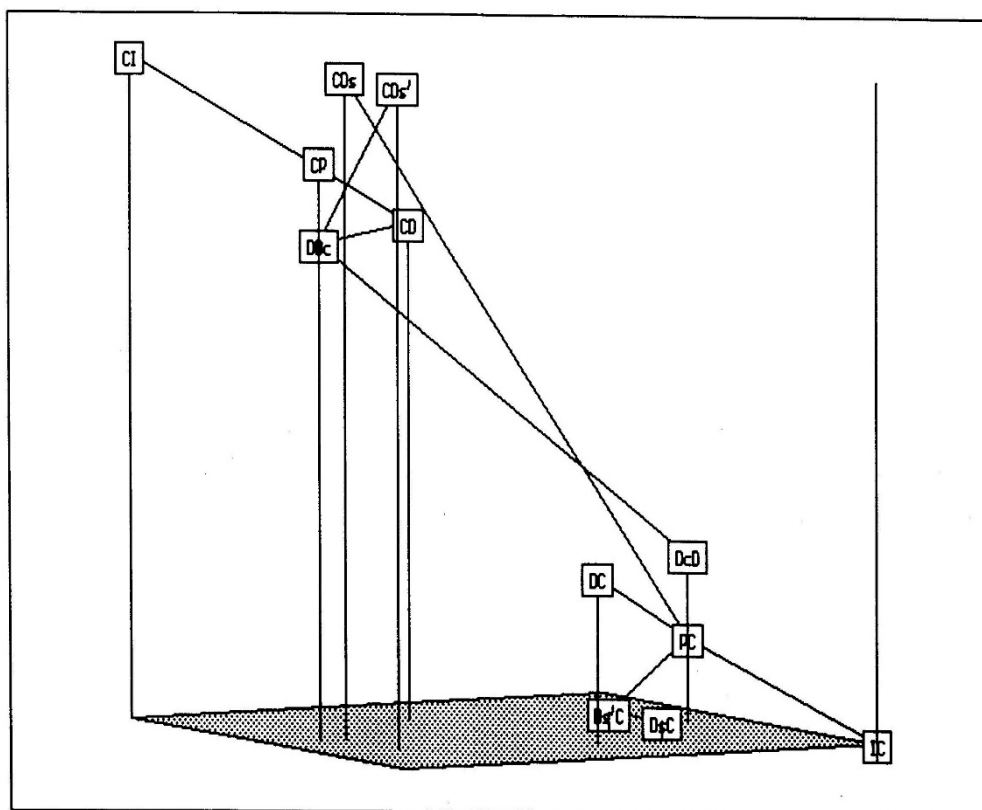
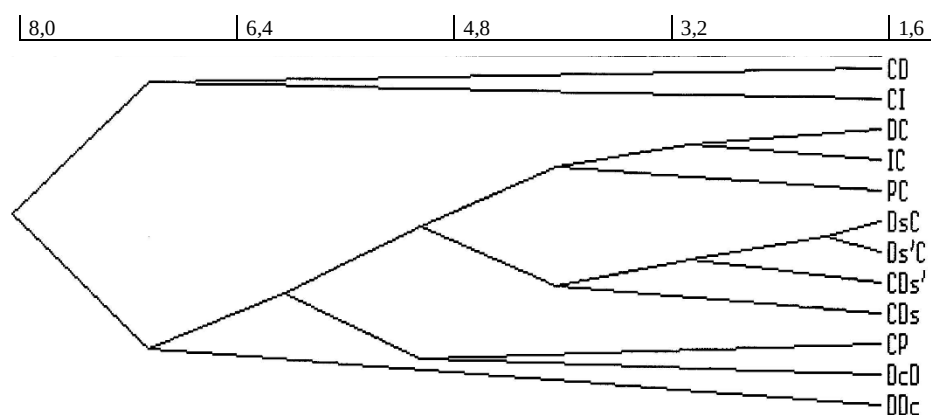


Fig. 3. Minimum-length spanning tree (MST) for hybrid taxa of wheat tetraploids. Axes x, y, z are for parameters [d2], [d3], [d4], respectively. Direct links between taxa are Renkonen's percentage similarity coefficients counted from all the genetic parameters of four embryo traits $r_{\text{cophenetic}} = 0.934$



Rys. 4. Dendrogram najbliższego sąsiedztwa mieszańcowych taksonów pszenic tetraploidalnych. Średnia odległość taksonomiczna obliczana z wartości wszystkich parametrów genetycznych 4 cech zarodka $r_{\text{kofenetyczne}} = 0,964$

Fig. 4. Neighbour-joining tree (NJOIN) for hybrid taxa of wheat tetraploids. The average taxonomic distance counted from all the genetic parameters of four embryo traits $r_{\text{cophenetic}} = 0.964$

Prezentacja taksonów opisanych nietransformowanymi parametrami w drzewie najkrótszych rozgałęzień (MST), którego przestrzeń wyznaczana jest przez parametry [d] cech kształtu (osie x, y, z odpowiednio dla cech 2, 3, 4) rozdziela je na dwie grupy o ojcowsko versus matecznym udziale *Triticum carthlicum* (rys. 3). Połączenia pomiędzy OTU są syntezą informacji ze wszystkich parametrów genetycznych. Powyższe rozdzielanie odnosi się do par mieszańców przeciwnych, bez bezpośrednich połączeń w parach. Bezpośrednie połączenie istnieje jedynie dla *T. durum* $\times$ *T. dicoccum* i odległość ta jest szczególnie mała dla parametrów [h], [i], [l] trzech cech opisujących kształty zarodka. Ten obraz informuje o niewielkim genetycznym zróżnicowaniu obu rodziców (*T. durum* — *T. dicoccum*) i jest potwierdzany przez Feldmana i wsp. (1986) podobnym stopniem diploidyzacji ich autogamicznego genomu A oraz podobieństwem morfologicznym (Joshi i Singh, 1979). Podobieństwo genetyczne obu gatunków wykazała również analiza dialleliczna wykonana dla badanych powyżej cech zarodka (Kosina, 1995).

Dendrogram najbliższego sąsiedztwa, NJOIN (rys. 4), wykorzystujący informację o wszystkich parametrach czterech cech, ujawnia bliskość genetyczną mieszańcowych taksonów z matecznym lub ojcowskim udziałem *Triticum dicoccoides* (skupienie w centrum drzewa) z dodatkowym rozdziałem w skupieniu na C-matka vs. C-ojciec. Podobny rozdział dotyczy innych mieszańców z udziałem *Triticum carthlicum*. Wpływ tej pszenicy jako ojca widoczny jest w postaci bardziej zwartego skupienia. Formy z matecznym udziałem pszenicy perskiej są bardzo odległe od odpowiednich mieszańców przeciwnych.

WNIOSKI

1. Parametry genetyczne kształtu epiblastu są oddzielane od parametrów innych cech zarodka, świadcząc o odmienności i integralności natury genetycznej tego organu.
2. Wykazane związki pomiędzy parametrami genetycznymi, w szczególności *[h]* i *[i]*, dowodzą działania naddominacji i nadinterakcji nieallelicznych w kontroli ekspresji cech zarodka. Istotnym czynnikiem jest tutaj system genomowy pszenicy — disomiczna tetraploidalność.
3. Mieszaniec przeciwne pszenic tetraploidalnych z genomami *AABB* są rozdzielane na dwie grupy o mateczno-ojcowskim udziale endemicznej pszenicy Kaukazu, *Triticum carthlicum*. Uwidacznia się to w szczególności przy wykorzystaniu parametru *[d]* kształtów zarodka, co dowodzi istotnego wpływu genomów cytoplazmy lub epigenetycznego tkanek matecznych pszenicy perskiej na ekspresję genów kontrolujących cechy zarodka.
4. Parametry genetyczne zarodka wydzielają grupę mieszańców pochodzących od endemicznej *T. carthlicum* i dzikiej płaskurki, *T. dicoccoides*. Decyduje o tym szczególna natura genetyczna obu pszenic wynikająca z odmienności ich systemów kojarzenia oraz poziomu zdiploidyzowania genomów.

LITERATURA

- Asins M. J., Carbonell E. A. 1986. A comparative study on variability and phylogeny of *Triticum* species. 1. Intraspecific variability. *Theor. Appl. Genet.* 72: 551 — 558.
- Asins M. J., Carbonell E. A. 1989. Distribution of genetic variability in a durum wheat world collection. *Theor. Appl. Genet.* 77: 287 — 294.
- Bekele E. 1984. Analysis of regional patterns of phenotypic diversity in the Ethiopian tetraploid and hexaploid wheats. *Hereditas* 100: 131 — 154.
- Chelak V. R. 1978. Filogenetika isfahanskoj polby — *T. ispahanicum* Heslot. *Citologiya i Genetika* 12: 322 — 330.
- Clark J. K., Sheridan W. F. 1991. Isolation and characterization of 51 embryo-specific mutations of maize. *Plant Cell* 3: 935 — 951.
- Duncan T., Baum B. R. 1981. Numerical phenetics: its uses in botanical systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 12: 387 — 404.
- Feldman M., Galili G., Levy A. A. 1986. Genetic and evolutionary aspects of allopolyploidy in wheat. In: Barigozzi C., The origin and domestication of cultivated plants. Elsevier, Amsterdam: 83 — 100.
- Jinks J. L. 1983. Biometrical genetics of heterosis. In: Heterosis. Frankel R (ed.). Springer Verlag, Berlin: 17 — 70.
- Joshi M. G., Singh B. 1979. Genetic divergence among tetraploid *Triticum* species. *Indian J. Gen. Pl. Breed.* 39: 188 — 193.
- Kosina R. 1984. Morphology of the crease of wheat caryopsis and its usability for identification of some species — a numerical approach. In: Plants and ancient man. Balkema. Van Zeist W., Casparie W. A. (ed.), Rotterdam: 177 — 191.
- Kosina R. 1989 a. Response of caryopsis structure to stress conditions. *Proc. XIIth Congr. EUCARPIA*, Göttingen: 23 — 1.
- Kosina R. 1989 b. Mozaika morfologiczna pszenicy. X Zjazd PTG, Wrocław: 189.
- Kosina R. 1993. Genetics of embryo of wheat tetraploids. *Abstr. 17th Int. Congr. Genetics*, Birmingham: 224.
- Kosina R. 1995. Tetraploids of the genus *Triticum* in the light of caryopsis structure. *Acta Univ. Wratislaviensis* 1785. Uniwersytet Wrocławski, Wrocław.

- Kosina R. 1996. A contribution to taxonomy — examples from morphology of fossil and contemporary plants. Proc. XIIIth Int. Congr. Prehist. Protohist. Sci., Forlì: 35 — 45.
- Kosina R. 1999. Selected items of wheat variation — from palaeobotany to molecular biology. Acta Soc. Bot. Pol. 68: 129 — 141.
- Mac Key J. 1966. Species relationship in *Triticum*. Hereditas, Suppl. 2: 237 — 276.
- Mac Key J. 1970. Significance of mating systems for chromosomes and gametes in polyploids. Hereditas 66: 165 — 176.
- Mather K., Jinks J. L. 1982. Biometrical genetics. Chapman & Hall, London, New York.
- Nagato Y., Kitano H., Kamijima O., Kikuchi S., Satoh H. 1989. Developmental mutants showing abnormal organ differentiation in rice embryos. Theor. Appl. Genet. 78: 11 — 15.
- Pearson W. R., Robins G., Zhang T. 1999. Generalized neighbor-joining: more reliable phylogenetic tree reconstruction. Mol. Biol. Evol. 16: 806 — 816.
- Phillips R. B. 1983. Shape characters in numerical taxonomy and problems with ratios. Taxon 32: 535 — 544.
- Rohlf J. F. 1994. NTSYS-pc v. 1.80. Exeter Software, New York.
- Rohlf J. F., Fisher D.R. 1968. Tests for hierarchical structure in random data sets. Syst. Zool. 17: 407 — 412.
- Sheridan W. F., Neuffer M. G. 1982. Maize developmental mutants. J. Hered. 73: 318 — 329.
- Sneath P. H. A., Sokal R. R. 1973. Numerical taxonomy. WH Freeman Comp., San Francisco.
- Stuessy T. F. 1990. Plant taxonomy. Columbia Univ. Press, New York.

HELENA KUBICKA**RENATA LEWANDOWSKA**

Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN, Warszawa

Zastosowanie techniki AFLP w połączeniu z BSA do identyfikacji markerów sprzężonych z cechą karłowatości u żyta

The use of the AFLP technique in combination with BSA for identification of markers linked with dwarfness in rye

W pracy zastosowano technikę AFLP w połączeniu z metodą BSA do poszukiwania markerów sprzężonych z recesywnym genem karłowatości *ds1* u żyta. Zidentyfikowano ponad 22 tysiące fragmentów DNA różnicujących linie wsobne o skrajnych fenotypach (8/40K — karłowa i 8/40N — kontrola) oraz pokolenie segregujące DWSK-1 F₂. Wykorzystano 239 par selektywnych starterów dla restryktaz EcoRI/MseI. Następnie analizowano obecność wspólnych fragmentów różnicujących dla badanych form rodzicielskich i potomstwa F₂ oraz form rodzicielskich populacji mapującej DS2 i RXL10, co ograniczyło liczbę użytych par starterów do 68. Kolejna analiza na zawężonej populacji segregującej (DWSK-1 F₂) składającej się z 21 roślin, zredukowała liczbę par starterów do 51. Otrzymano 88 fragmentów polimorficznych sprzężonych z genem karłowatości segregujących w stosunku 3:1 dla $\chi^2 = 0,50$ przy $p = 0,01$, które ponownie przetestowano dla 15 par starterów na populacji mapującej. Dla 13 różnicujących prążków, stwierdzono segregację 3:1 i na tej podstawie uznano je za markery dominujące AFLP związane z badaną cechą karłowatości u żyta. W przyszłości zidentyfikowane markery AFLP zostaną przetestowane na rozszerzonej populacji segregującej, celem przeniesienia ich na istniejącą mapę genetyczną żyta.

Słowa kluczowe: AFLP, BSA, karłowatość, markery molekularne, żyto

The aim of this work was to search for potential molecular markers linked with the recessive dwarfness *ds1* gene in rye, with the aid of the AFLP technique in combination with the Bulk Segregant Analysis (BSA) method. Over 22 thousand DNA fragments were identified — differentiating inbred lines of extreme phenotypes (8/40K — dwarfness and 8/40N — control) as well as the segregating population DWSK-1F₂, using 239 selective primer pairs for restrictases EcoRI/MseI. Next, the presence of common markers for the tested parental forms and F₂ offsprings as well as parental forms of the mapping population DS2 and RXL10 was analyzed, which enabled reduction of the number of used starter pairs to 68. Further analysis of a narrowed segregating population (DWSK-1F₂), consisting of 21 plants, limited the amount of primer pairs to 51.88 markers linked with the dwarfness gene were obtained, which segregated with theratio of 3:1 for $\chi^2 = 0.50$ at $p = 0.01$. They were tested again for 15 starter pairs on the mapping population. For 13 differentiating bands, the segregation of 3:1 was observed and these DNA fragments were classified as dominant AFLP markers linked with the

researched dwarfness gene in rye. In the future the identified AFLP markers will be tested on a wider segregated population with the aim of transferring them to the existing genetic map of rye.

Key words: AFLP, BSA, dwarfness, molecular markers, rye

WSTĘP

Dynamicznie rozwijająca się w ostatnich latach biologia molekularna i genetyka stworzyły możliwości bardzo dokładnego badania i charakteryzowania genomu roślinnego. Molekularne systemy markerowe omijają problemy związane z klasycznymi metodami badań, opartymi na obserwacji fenotypów. Dzięki badaniom na poziomie DNA, możliwa staje się ocena zróżnicowania genetycznego w dowolnej populacji roślinnej, jak i między oddalonymi jednostkami systematycznymi z pominięciem takich czynników jak np. wpływ środowiska, które często zakłócają ekspresję danego genu. Zastosowanie markerów molekularnych eliminuje te trudności poprzez bezpośrednie wykrywanie różnic pomiędzy allelami danego genu (Deniziak i Barciszewski, 1995).

Charakterystyka materiału genetycznego w oparciu o markery DNA, polega na wytworzeniu grupy fragmentów z badanej próby DNA. Właśnie takie fragmenty DNA o indywidualnej dla siebie długości i sekwencji nukleotydowej wykrywane metodami molekularnymi traktuje się jako dziedziczne markery opisujące dany genotyp (Wolko i in., 1999).

Biorąc pod uwagę sposób identyfikacji zmienności genetycznej, markery kwasów nukleinowych można podzielić na cztery grupy, opierając się na specyficznych właściwościach enzymów: restrykcji, ligazy DNA faga T4, polimerazy DNA lub kilku enzymów jednocześnie (techniki markerowe mieszane).

Markerowe techniki molekularne oraz ich praktyczne zastosowania w hodowli stanowią podstawę dzisiejszych badań genetycznych. Mimo bogactwa istniejących metod molekularnych, dających potencjalne markery, obecnie tylko kilka z nich ma faktyczne zastosowanie praktyczne. Najczęściej wykorzystuje się RFLP, RAPD, AFLP i SSR (Hayes i Shaghai Maroof, 2000).

Wybór określonej techniki jest warunkowany wieloma względami, między innymi, rodzajem badanego genomu i oczekiwaną zmiennością analizowanego materiału genetycznego, bazą techniczną jak i w końcu zasobami finansowymi.

Początkowo technikę AFLP opisaną przez Vos i wsp. (1995), wykorzystywano do badania polomorfizmu gatunków roślin o małym genomie. Przykładem może być rzodkiewnik — 145 MB, jęczmień — 1500 MB, czy też ryż — 1500 MB, gdzie oceniano czystość linii wsobnych (Cho i in., 1998). Jednak w ostatnim latach metoda ta jest z powodzeniem stosowana nawet wówczas, kiedy genom rośliny jest duży, co potwierdzają badania na pszenicy (ponad 20000 MB) prowadzone przez Gupta i wsp. (1999) i Schwarz i wsp. (2000), alstremerii (25 000 MB) przez Han i wsp. (1999), a także na życie przez Bednarka i wsp. (1999, 2000).

Biorąc pod uwagę powyższe czynniki w doświadczeniu zastosowano technikę AFLP w połączeniu z metodą BSA (Bulk Segregant Analysis), która pozwala na szybką

identyfikację molekularnych markerów sprzężonych z badanym *loci*, opracowaną przez Michelmore i wsp. (1991).

Celem pracy było poszukiwanie i zidentyfikowanie potencjalnych, molekularnych markerów AFLP, sprzężonych z recesywnym genem karłowatości *ds1* u żyta ozimego oraz sprawdzenie czy wystąpią one w formach rodzicielskich DS2, RXL10 i w populacji mapującej pochodzącej ze skrzyżowania tych form, jak też ustalenie, które z nich będą segregowały w stosunku 3:1.

W końcowym etapie badań przewiduje się zlokalizowanie badanego genu *ds1* na istniejącą mapę genetyczną żyta przy udziale sprzężonych z nim markerów AFLP.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

- Linia wsobna, karłowa oznaczona symbolem 8/40K — pokolenia S₁₀ o skróconej słomie, wielokrotnie samozapylana, celem ustalenia cechy. Linia ta — 8/40K charakteryzuje się długością źdźbła dochodzącą do 30 cm i jest wrażliwa na działanie egzogennej gibereliny (rys. 1). Pobrano liście z 10 roślin linii karłowej i wyizolowano DNA.
- Linia wsobna 8/40N — pokolenia S₁₆ o normalnym typie wzrostu, wyselekcjonowana w trakcie samozapylania odmiany żyta uprawnego Garczyńskie o długości słomy ok. 120 cm. Z tej samej wyjściowej rośliny otrzymano analog o fenotypie karłowym (8/40K); od 10 lat linie te są prowadzone niezależnie od siebie, stąd wynika różnica liczby pokoleń obu użytych linii. W przypadku linii kontrolnej do analizy DNA pobrano liście również z 10 roślin.
- DWSK1-F₂ — pokolenie segregujące pod względem recesywnego genu karłowatości *ds1*. Rośliny uzyskano w wyniku krzyżowania linii 8/40N i 8/40K w obu kierunkach, a następnie samozapylając rośliny pokolenia F₁. W pokoleniu F₂ wystąpiła segregacja na rośliny karłowe i o normalnym typie wzrostu w stosunku 3:1. Do analizy DNA pobrano liście z 94 roślin pokolenia F₂. Wstępnie przeprowadzono analizę występowania markerów na 21 roślinach pokolenia DWSK1-F₂.
- Genetyczne mapowanie zostało przeprowadzone przy użyciu 94 roślin populacji F₂ (populacja mapująca) żyta i jej linii rodzicielskich: DS2 i RXL10 (po 10 roślin z każdej linii wsobnej). Materiały te otrzymano od prof. P. Masojcia z AR w Szczecinie.

AFLP w połączeniu z BSA

- Izolację całkowitego DNA wykonano z zielonych liści wg zaleceń producenta zestawu do izolacji firmy QIAGEN. Preparaty po izolacji charakteryzowano spektrofotometrycznie, a integralność badano elektroforetycznie w żelu agarozowym.
- Kolejne etapy techniki AFLP (trawienie DNA, ligacja adaptorów, wstępny PCR, znakowanie P³², selektywny PCR), modyfikowanej do genomu żytniego wykonano zgodnie z metodyką szczegółowo opisaną przez Bednarek i wsp. (1999; 2000). Produkty wstępnego PCR kontrolowano na żelu agarozowym.
- Próby średnie do analizy zestawów segregantów (BSA) złożono z równych objętości rozcieńczonych preparatów po wstępnym PCR dla poszczególnych form rodzicielskich

- oraz potomstwa pokolenia F₂. Każda próba średnia składała się z co najmniej 6–10 roślin określonego fenotypu (dotyczy form rodzicielskich tworzących mieszańca DWSK1–F₂ oraz form rodzicielskich DS2 i RXL10 dla populacji mapującej).
- Produkty selektywnego PCR rozdzielano na żelach akrylamidowych i wizualizowano na kliszach rentgenowskich. Na ostatnim etapie analizy do prób populacji mapującej dołączono wzorzec masy, którym był zestaw do sekwencjonowania SequiTherm EXCEL II DNA Sequencing Kit firmy EpicentreTechnologies.
 - Analiza autoradiogramów. Analizę obrazów produktów selektywnego PCR przeprowadzono wizualnie. Wyniki zebrano w postaci bazy danych w arkuszu kalkulacyjnym EXCEL.
 - Analiza danych. Zliczano dla każdej z badanych kombinacji selektywnych starterów liczbę identyfikowanych potencjalnych markerów, różnicujących badaną krzyżówkę oraz formy rodzicielskie populacji mapującej (DS2, RXL10). Aby określić stosunek rozszczepień potencjalnych markerów na trzech kolejnych populacjach (populacja segregująca ograniczona — 21 roślin, populacja mapująca — 94 rośliny, populacja segregująca rozszerzona — 94 osobniki) wykonano matrycę zerojedynkową (1,0) dla obecności lub braku różnicującego prążka na autoradiogramach. Następnie zweryfikowano ich segregację za pomocą testu χ^2 .

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza zestawów segregantów (BSA)

Zastosowana w pracy metoda analizy zestawów segregantów (BSA), opisana przez Milchemore i wsp. (1991), umożliwia identyfikację fragmentów DNA, które mogą być sprzężone z genami warunkującymi występowanie ważnych cech użytkowych, a w szczególności cech monogenicznych. Polega ona na łączeniu prób DNA o skrajnych fenotypach w dwa zestawy, które następnie są porównywane za pomocą różnych technik badawczych. Tworzenie prób zbiorczych ma na celu uśrednienie potencjalnej zmienności wywołanej ekspresją badanego genu. Michelmore i wsp. (1991), Ouedraogo i wsp. (2001) uważają, że wszelkie różnice identyfikowane dla prób średnich powinny być związane z badaną cechą.

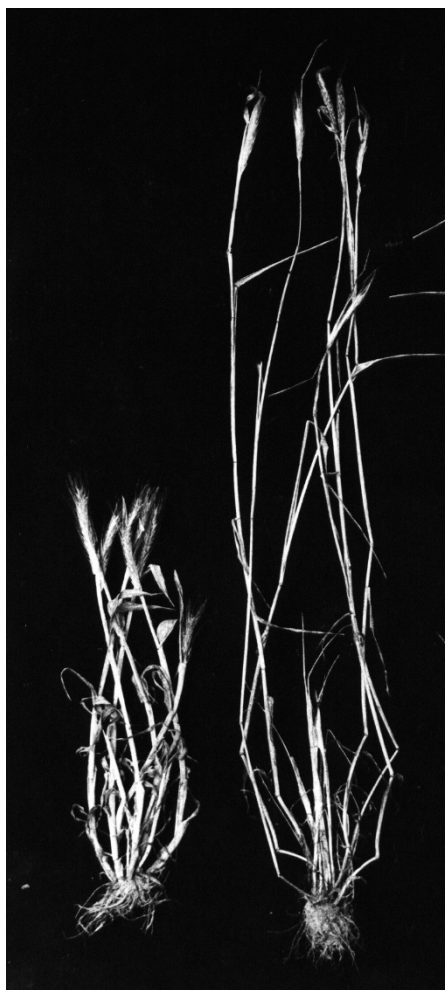
W naszych wcześniejszych badaniach próby średnie zostały złożone po otrzymaniu rozcieńczeń po wstępnym PCR techniki AFLP, celem uniknięcia możliwości utracenia zmienności linii wsobnych (Bednarek i in., 1999).

Próby zbiorcze DNA złożono z form rodzicielskich o znanych skrajnych genotypach: *DS1DS1* i *ds1ds1* oraz potomstwa pokolenia F₂. Z takiej samej liczby roślin złożono próby średnie DNA populacji mapującej i jej form rodzicielskich (DS2 i RXL10).

Analiza linii wsobnych (karłowej o genotypie *ds1ds1* i normalnej — o genotypie *DS1DS1*) i potomstwa pokolenia F₂

Łącznie przebadano 239 par selektywnych starterów enzymów restrykcyjnych *EcoRI*/*MseI*. Wszystkie badane pary selektywnych starterów generowały niepowtarzalne wzory produktów PCR. Ogółem zidentyfikowano ponad 20 tys. fragmentów DNA, różnicujących poszczególne próby zbiorcze. Para starterów EAGG/MCGG (11) generowała najmniejszą liczbę fragmentów, zaś para EATG/MCAT (165) największą liczbę

fragmentów. Podstawowym celem przeprowadzonych badań była identyfikacja tych fragmentów DNA, które potencjalnie mogą być sprzężone z badanym genem karłowatości.



Rys. 1. Typ wzrostu: roślina karłowa (po lewej) i kontrola
Fig. 1. Type of growth: dwarf plant (on the left) and control

Zidentyfikowano 2587 (11%) różnicujących próby średnie (pochodzące z roślin o skrajnych fenotypach: 8/40K — karłowaty i 8/40N — normalny typ wzrostu oraz potomstwa pokolenia F₂) fragmentów DNA o masie cząsteczkowej od 100 do 1000 par zasad. Wśród nich zdecydowaną większość stanowiły prążki o identycznej intensywności w próbie rodzicielskiej i w potomstwie. Pozostałe fragmenty różniły się intensywnością u potomstwa i form rodzicielskich. Uzyskany polimorfizm w przypadku badanych linii wsobnych żyta, które zostały wyselekcjonowane z jednej rośliny wyjściowej, wydaje się być uzasadniony ze względu na wysoki stopień pokrewieństwa. Podobny poziom

polimorfizmu wynoszący 13% otrzymali Jeuken i wsp. (2001), badając linie sałaty wprowadzone z gatunku uprawnego *L. sativa*.

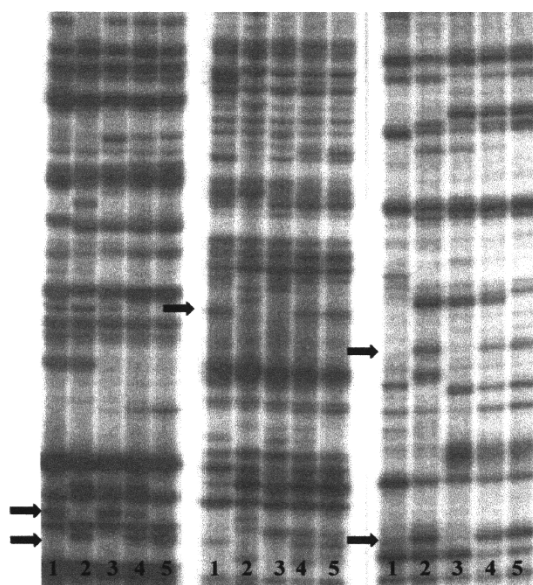
Zastosowana w pracy technika AFLP w połączeniu z BSA, umożliwiła identyfikację znacznego polimorfizmu fragmentów DNA w badanych populacjach i ich formach rodzicielskich. Na tym etapie badań wybrano tylko te różnicujące fragmenty DNA, które miały identyczną intensywność dla prób zbiorczych form rodzicielskich i potomstwa F₂ oraz pary starterów w których zidentyfikowano co najmniej 5 polimorficznych prążków. To pozwoliło na zmniejszenie liczby kombinacji starterów w kolejnych badaniach do 68.

Analiza linii wsobnych i pokolenia F₂ oraz linii rodzicielskich populacji mapującej (DS2 i RXL10)

Do badań, oprócz analizy skrajnych fenotypów i potomstwa F₂, włączono DNA form rodzicielskich populacji mapującej DS2 i RXL10 (rys. 2) w celu sprawdzenia czy fragmenty DNA różnicujące badane skrajne fenotypy będą również występowały u linii rodzicielskich populacji mapującej żyta i czy będą je różnicować. Oczekiwano, że identyfikacja fragmentów DNA różnicujących próby zbiorcze form rodzicielskich obu populacji (segregującej i mapującej) i pokolenia F₂, pozwoli na kolejne zawężenie analiz i wytypowanie markerów sprzężonych z genem *ds1*.

Z wytypowanych 68 par starterów przeanalizowano polimorficzne fragmenty powielane przez 65 kombinacji oligonukleotydów. Ogółem zidentyfikowano 489 prążków różnicujących próby średnie DNA linii: 8/40K i 8/40N oraz populację segregującą. Z tego 142 fragmenty DNA występowały we wszystkich próbach jednocześnie. Średnio w jednym układzie identyfikowano po ok. 2 prążki różnicujące próby zbiorcze badanych linii i populacji. W większości przypadków występowały polimorficzne fragmenty, pochodzące od roślin o fenotypie karłowym — 87, natomiast 55 pochodziło od roślin o genotypie dominującym. Otrzymano więc podobne proporcje polimorficznych fragmentów jak we wcześniejszych badaniach, gdzie obserwowano większą liczbę różnicujących sygnałów pochodzących od roślin o genotypie *ds1ds1*, czyli karłowych (Kubicka i in., 2001).

W analizie najbardziej znaczące były fragmenty DNA różnicujące równocześnie skrajne fenotypy i potomstwo oraz linie rodzicielskie populacji mapującej DS2 i RXL10, dlatego podano ich rozkład w zależności od zastosowanej pary starterów (tab. 1). Z danych tych wynika, że nieco więcej markerów było zlokalizowanych w obszarach bogatych w GC na 3' końcu poszczególnych starterów.



Rys. 2. Profile DNA linii: karlowej o genotypie *ds1ds1* (5) i kontrolnej o genotypie *Ds1Ds1* (3) ich potomstwa F_2 (4) oraz form rodzicielskich populacji mapującej: DS2 (1) i RXL10 (2). Strzałki wskazują prążki wspólne

Fig. 2. DNA profiles: for the dwarf line with genotype *ds1ds1* (5) and control with genotype *Ds1Ds1* (3), their offspring F_2 (4) and parental forms of the mapping population : DS2 (1) and RXL10 (2). Arrows point at common bands

Tabela 1

Porównanie występowania fragmentów różnicujących formy rodzicielskie populacji segregującej pod względem recesywnego genu karłowatości u potomstwa F_2 i form rodzicielskich populacji mapującej
Comparison of appearance of fragments differentiating parental forms of the segregating population as well as offsprings F_2 and parental forms of the mapping population in respect of the recessive *ds1* dwarfness gene

	CAA	CAT	CTA	CTT	CCA	CCT	CGA	CGT	CAC	CAG	CTC	CTG	CCC	CCG	CGC	CGG	
AGG										4							4
AGC	3		4	2		3		3	4			6			1	1	27
ACG	2		1			1										1	5
ACC							5			2		1	3		3		14
ATG														5			5
AAG					3				2	2						2	9
ATC			3				1	2		1		1		1			9
AAC		1			2								1				4
AGT			4		1					1				1			7
AGA																	0
ACT	3					1		1		2				3			10
ACA				1			3					3	3		2	1	13
ATT														3			3
ATA			1								2	1			1		5
AAT		5					6	1	1	5		2				1	21
AAA							1	1						3	2		7

Analiza wyników podanych w tabeli 1 potwierdziła nasze wcześniejsze badania nad cms Pampa u żyta (Bednarek i in., 1999, 2000), gdzie większość potencjalnie różnicujących badane fenotypy fragmentów DNA jest generowanych przez pary starterów bogatych w zasady GC. Nasze wyniki sugerują, iż wstępne poszukiwania markerów AFLP sprzężonych z badaną cechą, prowadzone za pomocą analizy zestawów segregantów mogą być ograniczone do starterów bogatych w zasady GC. Ze względu na to, że wyniki otrzymaliśmy tylko dla dwóch cech (gen karłowatości oraz markery męskiej sterility i przywracania płodności pyłku u żyta) nie mamy podstaw, by móc je uogólnić dla innych cech, a tym bardziej gatunków roślin. Niemniej w literaturze znajdujemy doniesienia dotyczące podobnego zjawiska u soi. Han i wsp. (1999) zaobserwowali zależność pomiędzy zawartością zasad GC w rozszerzeniu selektywnym starterów użytych do analizy genomu soi a ilością otrzymanych fragmentów. Zależność tę tłumaczą wysoką zawartością zasad AT w genomie soi i dlatego ilość prążków generalnie rosła dla starterów bogatych w zasady GC.

Analiza na ograniczonej populacji pokolenia segregującego pod względem recesywnego genu *ds1*

Liczba identyfikowanych fragmentów DNA różnicujących zarówno formy rodzicielskie populacji mapującej DS2 × RXL10, jak i próby zbiorcze badanej populacji segregującej nadal pozostała znaczna. Dlatego zawężono pulę różnicujących fragmentów DNA poprzez badanie ich segregacji na ograniczonej populacji roślin pokolenia segregującego (DWSK1-F₂).

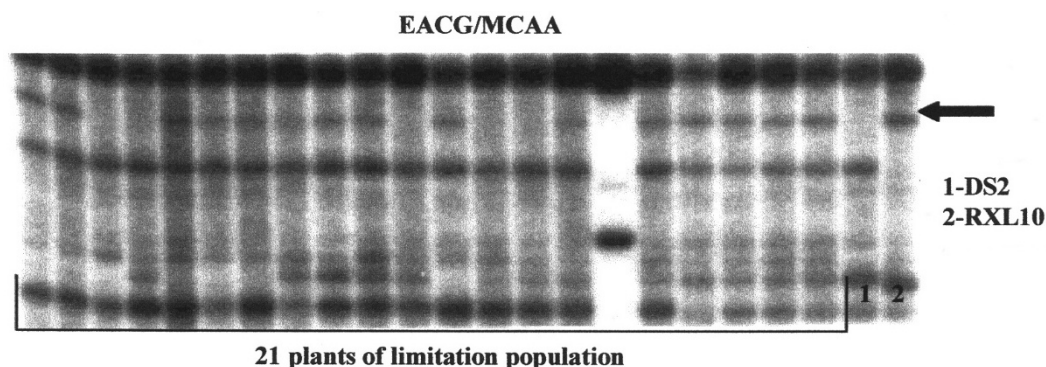
Próby DNA przygotowano zgodnie z opisaną metodą i poddano kolejnym etapom AFLP. Analiza wzorów molekularnych wykazała, że z wybranych wcześniej 142 fragmentów DNA różnicujących skrajne fenotypy i potomstwo F₂ oraz linie rodzicielskie populacji mapującej DS2, RXL10 u 88 potwierdzono segregację w stosunku 3:1 (rys. 3). Te fragmenty DNA były generowane przez 51 par selektywnych starterów. Istotność różnic dla wytypowanych wzorów prążków różnicujących sprawdzono testem chi² przy poziomie istotności $p = 0,01$.

Wcześniejsze badania wykazały, że różnicujące fragmenty DNA występują zarówno w badanej populacji segregującej zawężonej jak również u linii rodzicielskich populacji mapującej.

Aby ustalić czy prążki te są faktycznymi markerami celowym było przeprowadzenie odpowiednich analiz na populacji mapującej. Do badań włączono DNA populacji mapującej złożonej z 94 osobników, a także formy rodzicielskie tej populacji. Analiza polegała na sprawdzeniu obecności zidentyfikowanych różnicujących fragmentów DNA w populacji mapującej i na zweryfikowaniu rozszczepienia w stosunku mendlowskim. Dla 15 par starterów, które generowały wcześniej wytypowane polimorficzne fragmenty DNA, wykonano rozdziały elektroforetyczne dla w/w populacji. Dla 13 różnicujących prążków stwierdzono segregację 3:1 i na tej podstawie uznano je za markery dominujące AFLP związane z cechą karłowatości u żyta.

Technika AFLP wykorzystywana jest nie tylko do poszukiwania markerów molekularnych DNA, co udowodniono w niniejszej pracy, ale również do badań nad zagęszcza-

niem map genetycznych u wielu gatunków roślin, między innymi: u ryżu (Cho i in., 1998), oraz u soi (Hayes i Shaghai Maroof, 2000).



Rys. 3. Segregacja na zawężonej populacji segregującej
Fig. 3. Segregation in the limited segregated population

W przyszłości zidentyfikowane markery AFLP zostaną poddane analizie za pomocą programu MAPMAKER, celem przeniesienia ich na istniejącą mapę genetyczną żyta i zlokalizowanie badanego genu *ds1* na odpowiednim chromosomie.

WNIOSKI

1. Badania na ograniczonej liczbie roślin, pochodzących z populacji segregującej pod względem genu karłowatości, za pomocą fragmentów DNA różnicujących zarówno linie 8/40K i 8/40N, jak i linie rodzicielskie populacji mapującej (DS2, RXL10), umożliwiła wykrycie segregacji polimorficznych fragmentów DNA zgodnie z prawami Mendla. Test χ^2 pozwolił na zawężenie puli analizowanych fragmentów DNA do 88; identyfikowane fragmenty DNA były powielone przez 51 par selektywnych starterów.
2. Na podstawie obliczeń stosunku rozszczepień dla różnicujących fragmentów DNA, przeprowadzonych na populacji mapującej wytypowano 13 dominujących markerów AFLP sprzężonych z genem karłowatości żyta *ds1*.
3. Wykonane badania na liniach addycyjnych, mające na celu określenie lokalizacji zidentyfikowanych markerów AFLP na chromosomie żytnim, nie przyniosły oczekiwanych rezultatów i nie pozwoliły na przypisanie otrzymanych markerów konkretnemu chromosomowi.

LITERATURA

Bednarek P. T., Kubicka H., Zawada M., Brukwiński W. 1999. Zastosowanie markerów AFLP do badania zmienności genetycznej w obrębie form rodzicielskich mieszańca heterozyjnego żyta otrzymanego na bazie cytoplazmy PAMPA. Biul. IHAR 211: 229 — 237.

- Bednarek P. T., Kubicka H., Zawada M., Brukwiński W. 2000. Analiza zestawów pseudosegregantów pokolenia F₁ mieszańca heterozyjnego żyta (*cms* PAMPA) wykonana techniką AFLP. Biul. IHAR 216: 101 — 109.
- Cho Y. G., McCough S. R., Kuiper M., Kang M. R., Pot J., Groenen J. T. M., Eun M. Y. 1998. Integrated map of AFLP, SSLP and RFLP markers using a recombinant inbred population of rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet., 97: 370 — 380.
- Deniziak M., Barciszewski J. 1995. Diagnostyka molekularna roślin. Post. Biol. Kom. Supl., 6: 1 — 12.
- Gupta P. K., Varshney R. K., Sharma P. C., Ramesh B. 1999. Molecular markers and their applications in wheat breeding. Plant Breeding 118: 369 — 390.
- Han T. H., van Eck H. J., De Jen M. J., Jacobsen E. 1999. Optimization of AFLP fingerprinting of organisms with a large — sized genome: a study of *Alstroemeria* ssp. Theor. Appl. Genet. 98: 465 — 471.
- Hayes A. J., Shaghai Maroof M. A. 2000. Targeted resistance gene mapping in soybean using modified AFLPs. Theor. Appl. Genet. 100: 1279 — 1283.
- Jeuken M., Wijk R van, Peleman J, Lindhout P. 2001. An integrated interspecific AFLP map of lettuce (*Lactuca*) based on two *L. sativa* × *L. sativa* F₂ populations. Theor. Appl. Genet., 103: 638 — 647.
- Kubicka H., Bednarek P. T., Lewandowska R. 2001. Searching potential molecular AFLP markers of the recessive gene (*ds1*) of dwarfness in winter rye (*Secale cereale* L.). Obieg pierwiastków w przyrodzie. Monografia t. 1: 387 — 392.
- Michelmore R. W., Paran I., Kesseli R. V. 1991. Identification of markers linked to disease — resistance genes by bulk segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 9828 — 9832.
- Ouedraogo J. T., Maheshwari V., Berner D. K., St-Pierre C. A., Belzile F., Timko M. P. 2001. Identification of AFLP markers linked to resistance of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) to parasitism by *Striga gesnerioides*. Theor. Appl. Genet., 102: 1029 — 1036.
- Schwarz G., Herz M., Huang X. Q., Michałek W., Jahoor A., Wenzel G., Mohler V. 2000. Application of fluorescence-based semi-automated AFLP analysis in barley and wheat. Theor. Appl. Genet., 100: 545 — 551.
- Wolko B., Irzykowska I., Świącicki W.K. 1999. AFLP i SSR — systemy markerowe przydatne w hodowli roślin. Post. Nauk. Rol. 2: 59 — 71.
- Vos O., Hogers R., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kupier M., Zabeau M. 1995. AFLP a new technique for DNA fingerprinting. Nucl. Acids Res., 23: 4407 — 4414.

ANETTA KUCZYŃSKA¹JAN BOCIANOWSKI*¹PIOTR MASOJC²MARIA SURMA¹TADEUSZ ADAMSKI¹¹Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu²Akademia Rolnicza, Szczecin

Zastosowanie markerów RAPD do określenia podobieństwa genetycznego odmian jęczmienia ozimego (*Hordeum vulgare* L.)

Genetic similarity among cultivars of winter barley (*Hordeum vulgare* L.) revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD)

Celem pracy było zbadanie zróżnicowania odmian jęczmienia ozimego na poziomie molekularnym. Materiał do badań stanowiło osiem odmian: Marinka, Gil, Tramp, Kroton, Tiffany, Horus, Kos oraz Siga. Realizując cel pracy przeprowadzono reakcje RAPD-PCR dla 24 10-nukleotydowych starterów, wybranych wcześniej spośród 300 o losowej sekwencji. W wyniku reakcji otrzymano 172 zamplifikowane fragmenty DNA, z których 115 wykazywało polimorfizm. Obliczono współczynniki podobieństwa genetycznego według Nei'a, które posłużyły do hierarchicznego pogrupowania odmian. Wyniki grupowania przedstawiono w postaci dendrogramu. Największe podobieństwo wykazały pary Tiffany i Horus oraz Marinka i Kos, natomiast najmniej podobne okazały się Kroton i Tiffany oraz Kroton i Siga.

Słowa kluczowe: hierarchiczne grupowanie, jęczmień, podobieństwo genetyczne, RAPD

The aim of this study was to detect genetic similarity among cultivars of winter barley using RAPD (random amplified polymorphic DNA) method. RAPD polymorphism was studied in eight winter barley cultivars: Marinka, Gil, Tramp, Kroton, Tiffany, Horus, Kos and Siga. Twenty-four 10-mer primers were tested in each cultivar. 172 amplification products were observed, from which 115 were polymorphic. Genetic similarity was estimated according to the formula given by Nei and then these results were used for the hierarchical grouping of cultivars. Results of hierarchical grouping were presented on the dendrogram. The highest genetic similarity was revealed between the cultivars Tiffany and Horus, and Marinka and Kos, whereas the lowest genetic similarity was found for Kroton and Tiffany, and Kroton and Siga.

Key words: barley, genetic similarity, hierarchical grouping, RAPD

* Stypendysta Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP) na rok 2002

WSTĘP

Najprostszą w wykonaniu techniką pozwalającą na szybkie wykrycie różnic w sekwencji DNA na obszarze całego genomu jest metoda wykorzystująca polimorfizm losowo amplifikowanych fragmentów DNA. Ze względu na bardzo dużą liczbę (4^{10}) różnych sekwencji dziesięcionukleotydowych starterów, metoda RAPD stała się szczególnie przydatna do poszukiwania markerów ważnych cech użytkowych, w konstrukcji map genetycznych, jak i w ocenie podobieństwa genetycznego odmian (Barua i in., 1993; Bustos i in., 1998; Hang i in., 2000; Kuczyńska i in., 2001). Ważnym nurtem współczesnych badań genetycznych roślin jest poszukiwanie związku między markerem a określoną cechą użytkową. Podłożem stwierdzanej zależności jest silne sprzężenie markera z genem głównym danej cechy, umożliwiające przeprowadzenie selekcji na podstawie analizy polimorfizmu DNA.

Podstawowymi zaletami techniki RAPD jest brak wymogów związanych z wstępną informacją o sekwencji analizowanego DNA oraz mniejsza pracochłonność i zdecydowana szybkość realizacji w porównaniu chociażby z techniką RFLP (polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych). Wadą techniki jest dominujący charakter markerów. Oznacza to, że nie można ustalić, czy amplifikowany fragment DNA występuje w obu allelach, czy tylko w jednym allelu (Marczewski, 1995).

W niniejszej pracy zastosowano markery RAPD do oceny podobieństwa genetycznego ośmiu odmian jęczmienia ozimego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań obejmował osiem odmian jęczmienia ozimego (*Hordeum vulgare* L.): Marinka (NL), Gil (PL), Tramp (PL), Kroton (PL), Tiffany (DE), Horus (PL), Kos (PL) oraz Sibra (DE). Reprezentują one zarówno formy dwu- jak i sześciorzędowe. Nasiona badanych odmian uzyskano z Centralnego Ośrodka Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej. DNA analizowanych odmian ekstrahowano z liści 3-tygodniowych siewek przez 15 minut w temperaturze 95°C z wyciętych korkoborem krążków liści o powierzchni 2 mm², umieszczonych w buforze TPS. Następnie przeprowadzono reakcję RAPD-PCR dla 24 10-nukleotydowych starterów, wybranych wcześniej spośród 300 o losowej sekwencji. Przebieg przeprowadzonej reakcji odbywał się według następującego protokołu: 5 min w 95°C, 45 cykli — 1 min w 94°C, 2 min w 36°C, 2 min w 72°C, 10 min w 72°C (Kuczyńska i in., 2001). Każdą reakcję przeprowadzono oddzielnie dla czterech losowo wybranych siewek danej odmiany jęczmienia ozimego.

Elektroforezę fragmentów DNA prowadzono przez 2,5 h pod napięciem 100 V w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny w stężeniu 0,5 mg/L.

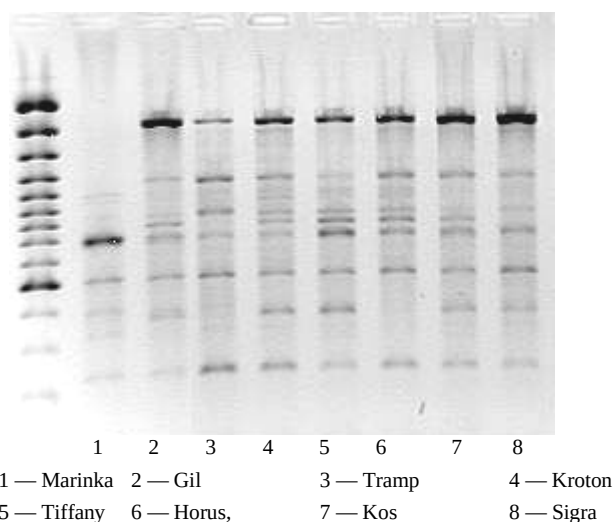
Współczynniki podobieństwa genetycznego (GS) badanych odmian obliczono korzystając ze wzoru (Nei i Li, 1979):

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

gdzie N_{ij} oznacza liczbę alleli obecnych zarówno u odmiany i , jak i u odmiany j , N_i — liczbę alleli obecnych u odmiany i , N_j — liczbę alleli obecnych u odmiany j ; $i, j = 1, 2, \dots, 8$. Współczynniki te posłużyły do hierarchicznego grupowania odmian metodą średnich połączeń. Wyniki przeprowadzonego grupowania przedstawiono w formie dendrogramu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Liczba i lokalizacja miejsc komplementarnych dla przypadkowych starterów jest odmienna u różnych organizmów, co może być podstawą różnicowania nawet blisko ze sobą spokrewnionych gatunków oraz odmian w obrębie gatunku (Bustos i in., 1998; Hang i in., 2000). W wyniku reakcji RAPD-PCR przeprowadzonych na badanych odmianach jęczmienia ozimego przy zastosowaniu 24 starterów otrzymano 172 zamplifikowane fragmenty DNA, z których 115 wykazywało polimorfizm. Średnia liczba zamplifikowanych fragmentów wyniosła więc 7,2, natomiast średnio 4,8 fragmentów dla użytego startera wykazywało polimorfizm. Dla porównania można przytoczyć prace prowadzone nad łubinem, gdzie przy zastosowaniu 30 primerów otrzymano 146 zamplifikowanych fragmentów DNA, z których jedynie 58 wykazywało polimorfizm (Przyborowski i Weeden, 2001).



Rys. 1. Wyniki rozdziału fragmentów RAPD dla analizowanych odmian jęczmienia ozimego uzyskanych z zastosowaniem startera 18 (5'-TGCTGCAGGT-3')

Fig. 1. Results of RAPD analysis for the studied barley cultivars with the primer 18 (TGCTGCAGGT)

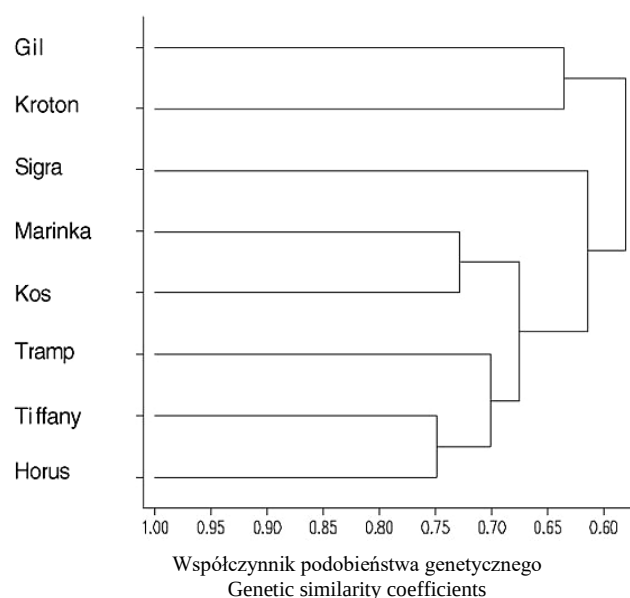
Wynika stąd, że otrzymana w doświadczeniu liczba fragmentów polimorficznych, stanowiąca 66,86% wszystkich zamplifikowanych fragmentów, była znaczna. Tak wysoki polimorfizm wynikać może z doboru — na podstawie wcześniej przeprowadzonych badań — markerów dających największe zróżnicowanie (Kuczyńska i in., 2001). Na rysunku 1 przedstawiono przykładowy foliogram obrazujący rozdział zamplifikowanych fragmentów

DNA badanych odmian, otrzymanych w wyniku zastosowania startera 18 (5'-TGCTGCAGGT-3'). Należy zaznaczyć, że wyniki reakcji RAPD-PCR dla każdego z czterech powtórzeń danej odmiany były identyczne dla każdego z użytych starterów.

Tabela 1

Współczynniki podobieństwa genetycznego odmian jęczmienia ozimego
Genetic similarity coefficients of winter barley cultivars

	Marinka	Gil	Tramp	Kroton	Tiffany	Horus	Kos
Gil	0,6364						
Tramp	0,6867	0,6234					
Kroton	0,5957	0,6357	0,5532				
Tiffany	0,6509	0,5605	0,6627	0,5278			
Horus	0,6591	0,6098	0,7386	0,5563	0,7486		
Kos	0,7284	0,6133	0,6914	0,5693	0,6788	0,6860	
Sigra	0,5921	0,5857	0,6842	0,5354	0,5677	0,5802	0,6486



Rys. 2. Hierarchiczne grupowanie odmian na podstawie podobieństwa genetycznego

Fig. 2. Hierarchical grouping of cultivars on the basis of genetic similarity

Współczynniki podobieństwa genetycznego według Nei'a dla analizowanych odmian przedstawiono w tabeli 1. Wynika z nich, że największe podobieństwo pod względem genetycznym wykazywały pary Tiffany i Horus (0,75) oraz Marinka i Kos (0,73). Najmniej podobne okazały się natomiast odmiany Kroton i Tiffany (0,53) oraz Kroton i Sigra (0,54). Różnica pomiędzy największym a najmniejszym współczynnikiem podobieństwa genetycznego nie jest więc znaczna. Przeprowadzone, na podstawie współczynników podobieństwa genetycznego, grupowanie hierarchiczne odmian metodą średnich połączeń

przedstawiono w formie dendrogramu (rys. 2). Grupowanie to nie pozwoliło na wyróżnienie zdecydowanych skupień odmian. Może to wskazywać na stosunkowo niewielkie zróżnicowanie puli genowej w badanym zestawie odmian jęczmienia ozimego. Nie można jednak wykluczyć, że otrzymana liczba polimorficznych fragmentów DNA (115) okazała się niewystarczająca do wykazania różnic występujących między badanymi odmianami na poziomie molekularnym.

WNIOSKI

1. Zastosowana w badaniach metoda wykorzystująca losowo amplifikowany, polimorficzny DNA okazała się bardzo wydajna. Przy zastosowaniu 24 starterów otrzymano 172 zamplifikowane fragmenty DNA, z których 115 (66,86%) wykazało polimorfizm.
2. Uzyskany polimorfizm fragmentów DNA nie pozwolił na wyodrębnienie zdecydowanych grup odmian jęczmienia ozimego różniących się znacząco na poziomie molekularnym; zróżnicowanie współczynników podobieństwa między parami odmian było niewielkie: od 0,53 dla odmian Kroton-Tiffany do 0,75 dla pary Tiffany-Horus.

LITERATURA

- Barua U. M., Chalmers K. J., Hackett C. A., Thomas W. T. B., Powell W., Waugh R. 1993. Identification of RAPD markers linked to a *Rhynchosporium secalis* resistance locus in barley using near-isogenic lines and bulked segregant analysis. *Heredity* 71: 177 — 184.
- Bustos De A., Casanova C., Soler C., Jouve N. 1998. RAPD variation in wild populations of four species of the genus *Hordeum* (*Poaceae*). *Theor. Appl. Genet.* 96: 101 — 111.
- Hang A., Burton C. S., Hoffman D. L., Jones B. L. 2000. Random amplified polymorphic primer-generated embryo DNA polymorphisms among 16 North American malting barley cultivars. *J. Am. Soc. Brew. Chem.* 58 (4): 147 — 151.
- Kuczyńska A., Milczarski P., Surma M., Masojć P., Adamski T. 2001. Genetic diversity among cultivars of spring barley revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD). *J. Appl. Genet.* 42 (1): 43 — 48.
- Marczewski W. 1995. Markery molekularne w genetyce i hodowli roślin. *Postępy Biochemii* 41 (4): 237 — 243.
- Nei M., Li W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction. *Proceedings of the Academy of Sciences of the USA* 76: 5269 — 5273.
- Przyborowski J. A., Weeden N. F. 2001. RAPD-based assessment of genetic similarity and distance between *Lupinus* in section *Albus*. *J. Appl. Genet.* 42 (4): 55 — 61.

PETR MARTINEK ¹
 LUDMILA OHNOUTKOVÁ ²
 TOMÁŠ VYHNÁNEK ³
 JAN BEDNÁŘ ³

¹ Agricultural Research Institute Kroměříž, Czech Republic

² Academy of Sciences of the Czech Republic, Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic

³ Mendel University of Agriculture and Forestry Brno, Dept. of Botany and Physiology, Faculty of Agronomy, Brno, Czech Republic

Characteristics of wheat-barley hybrids (*X Tritordeum* Ascherson et Graebner) under Central-European climatic conditions

Charakterystyka mieszańców pszenicy z jęczmieniem (*X Tritordeum* Ascherson et Graebner) w warunkach klimatycznych Europy Środkowej

Thirteen genotypes of hexaploid ($2n = 6x = 42$; AABBH^{ch}H^{ch}) tritordeum and two genotypes of octoploid ($2n = 8x = 56$; AABBDDH^{ch}H^{ch}) tritordeum were analysed. These genotypes were sown in 1999, 2000 and 2001 in spring with check varieties of spring wheat Sandra and Saxana. They were sown also as winter forms in 1999/00 and 2001/02 with check varieties of winter wheat Astella and Brea, and winter donors of high protein content, Nap Hal, Atlas 66 and Lancota. Tritordeum stands were not damaged due to mild winter. Spring crops produced average yields as follows: 6x tritordeum 1.99 t·ha⁻¹, 8x tritordeum 0.98 t·ha⁻¹, Sandra 6.75 t·ha⁻¹, and Saxana 6.85 t·ha⁻¹. Tritordeum sown in spring matured late and non-uniformly because of a perennial character of original *H. chilense*. There was a natural occurrence of ergot (*Claviceps purpurea*) in most tested genotypes of tritordeum sown in spring, which evidences a higher percentage of open flowering. Winter crops produced average yields as follows: 6x tritordeum 2.97 t·ha⁻¹, 8x tritordeum 1.88 t·ha⁻¹, Astella 8.78 t·ha⁻¹, and Brea 7.45 t·ha⁻¹. A mild course of the winter did not damage tritordeum stands sown in autumn, vernalisation effect limited problems with late maturing. Higher yields produced by tritordeum sown in autumn suggest that it would be useful to develop winter forms for Central-European conditions. Higher field resistance to leaf rust and leaf blotches was found in tritordeum vs. check varieties. Protein content in tritordeum sown in spring was on average in 6x forms 19.6%, in 8x 19.0%, in the varieties Sandra and Saxana 14.1%; in tritordeum sown in autumn in 6x forms 19.2%, 8x forms 18.9%, in the wheat varieties Astella 10.2% and Brea 11.9%. It was also higher than in known donors of high protein content (Nap Hal — 17.5%, Atlas 66 — 17.0%, Lancota — 16.3%). A slightly higher content of essential amino acids (Lys, Phe, Val, Leu, Ile, Met and Thr) was assessed in grain dry weight of tritordeum. It is interesting that highly significantly higher content of cystine (Cys-Cys) amino acid was found in both spring and autumn sown crops. A lower loaf volume in hexaploid tritordeum in comparison with bread wheat suggests that this crop will be used rather for feeding purposes. A high content of carotenoides in

tritordeum caused yellow coloration of flour and bread-crumbs. Wider use of winter forms of tritordeum, if they were developed, is assumed. Potential use of tritordeum under conditions of Central Europe is discussed.

Key words: amino acid, quality, tritordeum, yield

Analizowano trzynaście genotypów tritordeum heksaploidalnego ($2n = 4x = 42$; AABBH^{ch}H^{ch}) i dwa genotypy oktoploidalnego ($2n = 4x = 56$; AABBDDH^{ch}H^{ch}). Genotypy te wysiewano wiosną w latach 1999–2001 razem z wzorcowymi odmianami pszenicy jarej Sandra i Saxana. W latach 1999 i 2000 wysiano je również jako zboże ozime wraz ze wzorcami pszenicy ozimej Astella i Brea oraz źródłami wysokiej zawartości białka — pszenicami Nap Hal, Atlas 66 i Lancota. Średnie plony z upraw jarych wyniosły: 1,99 t·ha⁻¹ dla tritordeum 6x, 0,98 t/ha dla tritordeum 8x oraz 6,75 t·ha⁻¹ i 6,85 t·ha⁻¹ dla pszenic Sandra i Saxana. Tritordeum w siewie jarym dojrzewało późno i nierównomiernie ze względu na bylinowy charakter *Hordeum chilense*, z którego udziałem powstało. Większość badanych genotypów uległa też naturalnej infekcji sporyszem (*Claviceps purpurea*), co wskazuje na wyższy procent otwartego kwitnienia. Łagodne zimy 1999/2000 i 2000/2001 nie uszkodziły zasiewów tritordeum. Uprawy ozime plonowały następująco: tritordeum 6x — 2,97 t·ha⁻¹, tritordeum 8x — 1,88 t·ha⁻¹, Astella — 8,78 t/ha, Brea — 7,45 t·ha⁻¹. Jaryzacja ozimin ograniczyła znaczenie opóźnionego dojrzewania. Wyższe plony tritordeum z siewu jesiennego sugerują możliwość wytworzenia form ozimych dla warunków Europy Środkowej. U mieszańców tych stwierdzono również, w warunkach polowych, wyższą odporność na rdzę liściową i septoriozę niż u wzorcowych odmian pszenicy. Zawartość białka u tritordeum z upraw jarych wyniosła średnio 19,6% u form 6x, 19,0% u form 8x, a u pszenic Sandra i Saxana po 14,1%. W ziarnie zebranym z upraw ozimych wartości te wyniosły odpowiednio dla form 6x i 8x 19,2% i 18,8%, a dla wzorcowych pszenic Astella i Brea 10,2% i 11,9%. Było to również więcej, niż w pszenicach Nap Hal, Atlas 66 i Lancota (odpowiednio 17,5%, 17,0% i 16,3%) uznanych za źródła wysokiej zawartości białka. Zawartość niezbędnych aminokwasów (Liz, Fen, Wal, Leu, Ileu, Met, i Tre) w ziarnie tritordeum też była nieco wyższa. Interesująca była wysoce istotna wyższa zawartość cystyny (Cys-S-S-Cys) w plonach z zasiewów zarówno jarych jak i ozimych. Mniejsza objętość bochenków chleba z tritordeum (heksaploidalnego) w porównaniu do uzyskanych z mąki pszennej sugeruje, że roślina ta będzie nadawała się raczej do wykorzystania na pasze. Wysoka zawartość karotenoidów u tritordeum powoduje żółte zabarwienie mąki i miąższu chleba. Dyskutowana jest możliwość wytworzenia i szerszego wykorzystania form ozimych tritordeum w Europie Środkowej.

Słowa kluczowe: jakość, aminokwas, tritordeum, plon

INTRODUCTION

Tritordeum (X *Tritordeum* Ascherson et Graebner) is an amphiploid species derived from crosses of wheat (*Triticum* spp.) and wild perennial barley (*Hordeum chilense* Roemer et Schultese; $2n = 2x = 14$, HchHch) that was developed in Spain (Cubero *et al.*, 1986; Martin *et al.*, 1999). Some hexaploid ($2n = 6x = 42$; AABBHchHch) and octoploid ($2n = 8x = 56$; AABBDDHchHch) forms have been obtained for research purposes in the Czech Republic (CR). Since tritordeum was derived from crosses of perennial form *H. chilense* and spring forms of wheat, the resulting lines are considered as spring forms. This paper presents mostly results of field experiments and data on grain quality.

MATERIAL AND METHODS

Thirteen genotypes of hexaploid (6x) tritordeum (HT31-1, HT31-2, HT31-3, HT31-4, HT31-5) / = lines derived from HT31/, HT115, HT119, HT129, HT135, HTC1323,

HTC1324, HTC1331, HTC1380) and two genotypes of octoploid (8x) tritordeum (HT108 and HT219) were analysed at the Agricultural Research Institute Kroměříž, Ltd. Depending on a sowing date, they were compared with spring wheat varieties: Sandra (bread quality — B), Saxana (baking quality — A) and winter wheat varieties: Astella (bread quality — B), Brea (elite baking quality — E) registered in the Czech Republic and winter wheat donors of high protein content - Nap Hal, Atlas 66 and Lancota. Hexaploid and octoploid tritordeum was sown a) in spring and b) in autumn.

- a) Tritordeum genotypes were sown in spring 1999, 2000 and 2001 together with the check varieties Sandra and Saxana after the forecrop sugar beet. They were sown in plots of 2.5 m² in size (without replicates) in 1999, in plots of 10 m² (1 to 4 replicates depending on seed amount available) in 2000, and in plots of 10 m² in 4 replicates in 2001. The seeding rates of 5.0 and 4.5 mio germinable seeds per hectare were used for tritordeum and spring wheat (Sandra and Saxana), respectively. A total nitrogen rate of 70 kg·ha⁻¹ (nitrate fertiliser in split application) was applied after emergence and at tillering.
- b) In the growing seasons 1999–2000 and 2000–2001, tritordeum was sown also in autumn together with check varieties Astella and Brea and donors of high protein content (Nap Hal, Atlas 66, Lancota). In the both years, they were sown in plots of 10 m² in size without replicates after the forecrop oilseed rape. The seeding rates of 4.5 and 4.0 mio germinable seeds per hectare were used for tritordeum and winter wheat, respectively. Nitrogen rates of 33 kg·ha⁻¹ were applied prior to sowing and 33 kg·ha⁻¹ in spring in the form of nitrate fertiliser. 36 kg·ha⁻¹ P₂O₅ and 36 kg·ha⁻¹ K₂O were applied to both spring and autumn sown cereals. After harvest, characteristics of grain quality were evaluated. Crude protein content (Kjeldahl's method), content of individual amino acids using an amino acid analyser AAA 331, wet gluten content using a washing instrument according to Špidla and Hýža, falling number on the Falling Number 1600 instrument, SDS-sedimentation value according to the methodology of Axford, gluten index on Glutomatic 2200, and farinographic values (water absorption, dough development, stability and softening) were analysed. Alveographic evaluation was performed for some samples only. A baking test was carried out based on 100 g flour.

RESULTS

Field experiments

In all field experiments, tritordeum was rather late in emergence (by about 5 days) in comparison with wheat. The most important results are in Table 1.

Table 1

Characters of hexaploid tritordeum and wheat sown in spring and autumn
Cechy tritordeum heksaploidnego i pszenicy wysiewanych wiosną i jesienią

Character Cechy	Harvest Zbiór	Sown in spring — Siew jary			Sown in autumn — siew ozimy		
		tritordeum	wheat — pszenica		tritordeum	wheat — pszenica	
			Sandra	Saxana		Astella	Brea
Powdery mildew (9-1)	1999	6.7±0.9	6	8		6	7
Mączniak (9-1)	2000	7.9±1.0	8	8	7.6±1.3	6	7
	2001	6.8±0.9	7	8	8.1±0.5	6	7
Leaf rust (9-1)	1999	9	7	6		8	9
Rdza liściowa (9-1)	2000	9	7	6	7.9±0.4	7	7
	2001	8 (7 - 9)	7	6	7.6±0.6	5	5
Septoria — spike (9-1)	1999	5.1±1.2	7	7		8	7
Septoria kłosa (9-1)	2000	7.2±1.0	7	7	7.2±0.4	7	8
Septoria — leaf (9-1)	1999	6.4±0.8	6	7		6	7
septoria liści (9-1)	2000	6.8±1.2	7	7	6.8±0.3	7	6
	2001	7.2±0.4	7	7	6.2±0.4	6	7
Stem length (m)	1999	0.95±0.14	0.94	0.90		0.83	0.89
Wysokość (m)	2000	0.73±0.11	0.70	0.68	0.82±0.04	0.84	0.92
	2001	0.71±0.06	0.86	0.75	1.05±0.07	0.80	0.85
Date of heading	1999	03.-07.06.	03.06.	02.06.		24.05.	26.05.
Data kłoszenia	2000	05.-11.06.	02.06.	01.06.	08.-10.05.	11.05.	15.05.
	2001	11.-18.06.	12.06.	12.06.	21.-25.05.	21.05.	27.05.
Date of maturing	1999	?	24.07.	24.07.		18.07.	20.07.
Data dojrzewania	2000	(very late)	16.07.	16.07.	10.-16.07.	13.07.	15.07.
	2001	(very late)			13.-18.07.	16.07.	20.07.
1000-kernel weight (g)	1999	37.6±2.1	43.2	42.7		45.1	43.0
Masa 1000 nasion	2000	28.7±2.6	30.7	32.7	33.1±5.0	40.1	43.4
	2001	38.8±3.8	45.7	44.8	40.3±4.3	41.4	44.6
Yield (t.ha ⁻¹)	2000	1.48±0.31	6.25	6.41	2.04±0.46	9.27	7.45
Plon	2001	2.44±0.33	6.89	7.02	3.92±0.84	8.26	6.74
Protein content (%)	1999	17.6±0.7	13.4	13.8		9.5	12.5
Zawartość białka	2000	21.2±1.8	15.7	14.6	19.8±1.8	10.8	12.0
	2001	17.7±1.1	13.2	13.0	18.6±1.5	9.7	11.8
Lysine content in grain DM (mg.g ⁻¹)	1999	5.4±0.8	6.0	6.2		5.47	5.64
Zawartość lizyny w suchej masie ziarna	2000	5.7±0.5	4.0	3.9		3.71	3.68
Cystine content in grain DM (mg.g ⁻¹)	1999	5.8±0.9	2.3	2.3	6.2±0.5	3.27	1.54
Zawartość cysteiny w suchej masie ziarna	2000	6.8±0.7	3.4	3.3	5.4±0.5	3.31	3.22
Falling number (sec)	2000	118±61	88	122	214±26	166	148
Liczba opadania (sek.)	2001	185±82	192	215	225±32	245	261
SDS — sedimentation value (ml)	2000	54.5±6.7	82	87	57.3±8.8	42	61
Liczba sedymentacji — SDS (ml)	2001	44.3±5.5	55	64	55.2±7.2	40	57
Wet gluten content (%)	2000	43±4	31	27	41.5±1.6	23.6	28.0
Zawartość glutenu mokrego (%)	2001	38±6	25	24	37.3±1.4	21.2	24.2
Gluten index							
Indeks glutenu	2000	46±29	96	99	46±24	86	90
Water absorption (ml)							
Wodochłonność (ml)	2000	56.8±1.1	56.2	59	57.7±2.2	50.6	56.0
Peak of development time (min)							
Szczyt czasu rozwoju (min)	2000	2.3±0.8	2.5	2.0	2.7±0.2	1.0	1.0
Dough stability (min)							
Stabilność ciasta (min)	2000	2.7±1.3	9.6	9.0	1.7±0.2	1.5	4.5
Degrees of softening (BU)							
Rozmiękczenie (BU)	2000	107±30	60	50	103±21	100	90
Loaf volume (cm ³)							
Objętość chleba (cm ³)	2000	260±60	350	443			

Spring sowing (1999–2001)

In 1999–2001, yields of hexaploid ($1.99 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$) and octoploid ($0.98 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$) tritordeum were on average much lower than those of check varieties of spring wheat, Sandra ($6.75 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$) and Saxana ($6.85 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$). Yields of tritordeum were significantly lower than those of wheat at $P \geq 1\%$. Severe drought during the second half of April and early May in 2000 resulted in considerable yield loss, decrease in stem length, reduction of average grain weight and increase in grain protein content. That year, yields of tritordeum ranged from 0.64 to $2.20 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, which was about a quarter of yields produced by the check varieties (Sandra $6.25 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, Saxana $6.41 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$). Yields of hexaploid tritordeum from $2.05 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ (HT119) to $3.12 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ (HTC1380) were obtained in 2001 when weather conditions were more favourable. A disadvantage of tritordeum sown in spring was its lateness in comparison with spring wheat. It was hardly possible to predict a date of maturation because of continuous growth of late tillers. So, besides mature spikes there was about a third of immature spikes at the milk to waxy stage during the harvest. The harvested grain was necessary to dry. The spring sown tritordeum had a date of heading approximately comparable with check varieties of spring wheat but markedly late maturation. It is probably caused by effects of the genome of wild perennial species *H. chilense*. It also induces a high level of rejuvenation of tillers in tritordeum, which results in large non-uniformity in spike maturation on different stems of one plant. Considerably late maturation of tritordeum probably led to delayed incidence of fungal diseases in comparison with wheat. All genotypes of hexaploid tritordeum in both spring plantings demonstrated high field resistance to leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) (9) vs. varieties Sandra (7) and Saxana (6). Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis*) in tritordeum ranged on the level of checks from 6 to 8 in 1999. Infection pressure of powdery mildew in 2000 was lower than in 1999 and 2001. Field resistance to Septoria leaf blotch (*Septoria tritici*) was somewhat higher than in check wheat varieties. There were big differences in resistance to Septoria glume blotch (*St. nodorum*) in 1999 and 2000 among individual genotypes. More susceptible genotypes were HTC1323 and HTC1324 (3) and more resistant HTC1331 (7); check varieties Saxana and Sandra were scored with 7. This disease did not occur in 2001. It is interesting that most tested genotypes of tritordeum were naturally infected by ergot (*Claviceps purpurea*). In both years, extreme infection was found in HT135 and increased infection in HT119.

Autumn sowing (2000–2001)

Considering this fact, we tested a possibility of eliminating the late maturation by autumn sowing and vernalisation during winter. Tritordeum was sown in autumn 1999 and 2000. In the both years, yields of hexaploid tritordeum averaged $2.98 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, octoploid tritordeum $1.88 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ and check varieties Astella $8.77 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, Brea $7.10 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, Nap Hal $4.53 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, Atlas 66 $4.33 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, and Lancota $5.61 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$. Yields of tritordeum were significantly lower than those of wheat at $P \geq 1\%$.

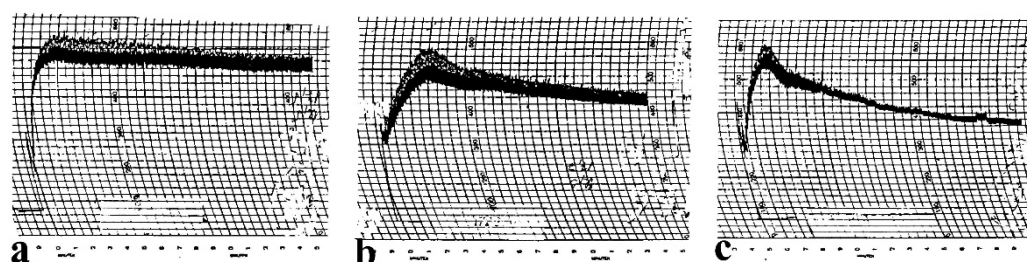
In 2000, yields of tritordeum were very low and ranged from $1.62 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ (HT119) to $2.98 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ (HTC1380), whereas yields of check varieties Astella and Brea were 9.27 and $7.45 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$, respectively. Higher yields were obtained in 2001 ranging from $3.86 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ (HT31-1)

to 5.01 t.ha⁻¹ (HTC1380); yields of check varieties Astella and Brea were 8.26 and 6.74 t.ha⁻¹, respectively.

The stands were not damaged by frost during the mild winter in 1999/00 and 2000/01. There was a very similar course of growth and development in tritordeum and wheat plants. This is confirmed by the approximately identical date of heading and maturing. Occurrence of powdery mildew found on tritordeum sown in autumn was comparable with check wheat varieties Astella and Brea. In both years, infection of wheat by leaf rust was scored with 7–9 in tritordeum and 6–7 in wheat. So, absolute resistance of tritordeum sown in autumn to this pathogen was not confirmed as it was assessed in tritordeum sown in spring.

Quality tests

All genotypes of tritordeum were characteristic of very high crude protein content (spring sowing (1999–2001) — tritordeum: 6x — 19.6%; 8x — 19.0%; Sandra — 14.1%; Saxana — 14.1%. Autumn sowing (2000–2001) — tritordeum: 6x — 19.2%; 8x — 18.9%; Astella — 10.2%; Brea — 11.9%; Nap Hal — 17.5%; Atlas 66 — 17.0%; Lancota — 16.3%). In hexaploid tritordeum sown in spring 1999, protein content ranged from 16.3% (HTC1331) to 18.7% (HT31-3), in 2000 from 18.8% (HTC1331) to 23.8% (HT129) and in 2001 from 16.1% (HTC1380) to 18.5% (HT31-1). These results are in contrast to protein content assessed in check wheat varieties that is considerably lower. Hexaploid tritordeum exceeds well-known wheat donors Atlas 66 (17.1%), Nap Hal (16.7%) and Lancota (15.7%) that were evaluated in 2000. High protein content in tritordeum also expressed in very high values of wet gluten.



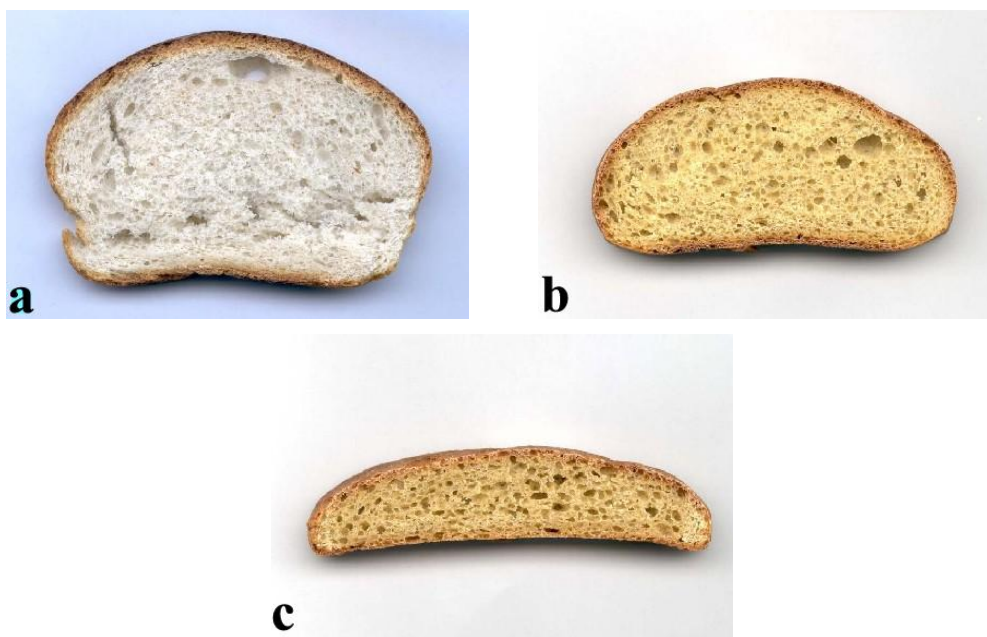
a — Saxana (50 BU — degrees of softening); b — HT31-2 (80 BU); c — HTC1380 (190 BU)
a — Saxana (50 BU — stopni rozmiękczenia; b — HT31-2 (80 BU); c — HTC1380 (190 BU)

Fig. 1. Farinograms

Rys. 1. Farinogramy

Results of technological analyses suggest that tritordeum grain is less acceptable for baking as compared with wheat (Table 1). In the experiment with tritordeum sown in spring 2000, a SDS-sedimentation value ranged from 40 ml (HT135) to 63 ml (HT31-4) and on average it was lower vs. checks (Saxana 82 ml and Sandra 87 ml). In addition, values of gluten index indicate worse breadmaking properties of gluten protein of tritordeum vs. wheat. It was confirmed by dough evaluation using a farinograph. Alveograms show relatively low values of energy W and relatively low values of P. The dough of tritordeum

was mostly very extensible (Figure 1). Some samples could not be evaluated by alveograph due to extreme dough extensibility and stickiness. Results of the baking test also confirmed unsuitability of tritordeum for breadmaking purposes even though there were considerable differences in loaf volume among individual tritordeum samples (Figure 2). It documents lower loaf volume vs. check varieties. Tritordeum is characteristic of carotenoides in grain endosperm, which results in yellowish colour of flour and bread-crumbs. The obtained results show that tritordeum is less suitable for baking purposes, however the extremely high protein content could be useful for feeding.



a — Saxana (14.6% protein); b — HT31-2 (21.6% protein); c — HTC1380 (19.9% protein)
a — Saxana (14,6% białka); b — HT31-2 (21,6% białka); c — HTC1380 (19,9% białka)

Fig. 2. Baking test
Rys. 2. Test wypieku

Interesting results were obtained by comparing the content of individual amino acids in tritordeum and wheat assessed from the harvest of spring planting in 1999 and 2000. There was no considerable difference in content of amino acid lysine in wholemeal DM in tritordeum vs. check wheat varieties. In the content of some other amino acids there were differences in their proportions in sample DM. Slightly higher content of essential amino acids (lysine, phenylalanine, valine, leucine, isoleucine, methionine and threonine) was found in grain dry weight. Statistical assessment for spring sowing showed effects of the genotype in the amino acids such as phenylalanine, valine and cysteine. The most marked difference was assessed in cystine (Cys-Cys) that contains sulphur. In 1999, average content of cystine in hexaploid tritordeum was 5.8 mg.g^{-1} and in 2000 6.8 mg.g^{-1} , whereas

in check wheat it was 2.3 and 3.3 mg.g⁻¹, respectively. However, these differences must be confirmed by further analyses.

DISCUSSION

The tested genotypes of hexaploid and octoploid tritordeum are considered as spring forms. It is due to the fact that they were developed from Spain spring forms of wheat (*Triticum* spp.) that were used for crosses with perennial *Hordeum chilense*. Though a spring character of hexaploid tritordeum is apparent, the presence of a perennial character transferred from *H. chilense* causes considerable lateness and problems with non-uniform maturation during the harvest. These problems were successfully avoided by autumn sowing. Tritordeum sown in autumn demonstrated higher yields than tritordeum sown in spring. These results show that a period of vernalisation and probably better use of soil sources positively affect yields. This fact indicates that winter forms of tritordeum would be more suitable for conditions of Central Europe, however, they would have to be derived from winter forms of wheat. Present forms of tritordeum cannot be used as winter cereals due to their low freezing tolerance. In the growing season 2002/03, they were entirely damaged by black frost.

Among individual tritordeum genotypes, forms with increased resistance to powdery mildew and leaf rust can be found. Even though *Hordeum chilense* is considered to be a potential source of non-host resistance to a number of fungal diseases (Rubiales *et al.*, 1991), this type of absolute resistance does not express in tritordeum. In addition, results of laboratory tests of tritordeum samples to selected isolates of leaf rust that are not presented here did not indicate complex resistance to this disease in evaluated samples.

The data on grain quality correspond with published data and confirm that tritordeum can be an important source of protein (Alvarez *et al.*, 1995; Alvarez and Martin, 1996). It will be useful to study the importance of high cystine content in relation to grain breadmaking quality. This sulfur-containing amino acid is of critical significance for formation of intra- and inter-disulfide S-S bonds among individual groups of prolamin polypeptides (HMW and LMW subunits). Thus, it participates in the synthesis of HMW protein aggregates (of tertiary and quaternary structure) that condition a final structure and behaviour of gluten viscoelastic complex. Therefore, a higher amount of this amino acid should positively affect breadmaking characteristics (elasticity and extensibility). However, tritordeum features worse breadmaking characteristics of dough than wheat. It can be assumed that higher cystine content could be present rather in proteins that do not participate in high-polymer protein structures. In addition, worse breadmaking quality of tritordeum could be influenced by a high alpha-amylase activity, which can be concluded from low values of falling number.

Future research would be useful to focus on testing potential use of tritordeum for feeding purposes and specific food technologies.

CONCLUSIONS

1. Due to low yields and problems with late maturing, it is not supposed to use tritordeum spring forms in agriculture under Central-European conditions,
2. Based on higher yields in tritordeum sown in autumn, winter forms are more promising for their practical use; there are no problems with late and non-uniform maturing. Under Central-European conditions, tritordeum appears to be an intermediate form. It would be useful to select or develop new perspective amphiploid forms with good winter-hardiness. It would be also possible to develop winter amphiploid forms of tritordeum with good frost-hardiness using crosses of winter hexaploid and tetraploid wheat varieties with *Hordeum chilense*,
3. Extremely high protein content suggests potential use of tritordeum for feeding. Its breadmaking quality is lower in comparison with wheat — possibilities of alternative use of tritordeum for human nutrition cannot be excluded either.

REFERENCES

- Alvarez, J. B., Ballesteros, J., Arriaga, H. O., Martin, L. M. 1995. The rheological properties and baking performances of flours from hexaploid tritordeums. *J. Cereal Sci.* 21, 3: 291 — 299.
- Alvarez, J. B., Martin, L. M. 1996. Breadmaking quality in tritordeum: the use-possibilities of a new cereal. *Triticale: today and tomorrow* (ed. Guedes-Pinto, H.; Darvey, N.; Camide, V. P.). Vol. 5 (Developments in Plant Breeding): 799 — 805.
- Cubero, J. I., Martin, A., Millan, T., Gomez-Cabrera, A., de-Haro, A. 1986. Tritordeum: a new allopolyploid of potential importance as a protein source crop. *Crop Sci.* 26, 6: 1186 — 1190.
- Martin, A., Alvarez, J. B., Martin, L. M., Barro, F., Ballesteros, J. 1999. The development of tritordeum: a novel cereal for food processing. *Journal of Cereal Science* 30, 2: 85 — 95.
- Rubiales, D., Ballesteros, J., Martin, A. 1991. The reaction of X *Tritordeum* and its *Triticum* spp. and *Hordeum chilense* parents to rust diseases. *Euphytica*. 54, 1: 75 — 81.

ACKNOWLEDGEMENT

We thank Prof. Antonio Martin for providing seeds of hexaploid and octoploid tritordeum. The study was supported by the Ministry of Education of the Czech Republic (project no. MSM432100001) and the Grant Agency of the Czech Republic (project no. 521/03/0113).

TADEUSZ DRZAZGA¹**PAWEŁ KRAJEWSKI**²

Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Charakterystyka roli środowisk w seriach doświadczeń przedwstępnych z pszenicą ozimą w latach 1999–2001*

Characteristic of experimental locations in the series of pre-registration trials with winter wheat in 1999–2001

W pracy przeanalizowano wskaźniki charakteryzujące rolę środowisk biorących udział w seriach doświadczeń przedwstępnych z pszenicą ozimą w latach 1999–2001. Pod uwagę wzięto średni plon obiektów, współczynnik zmienności obiektów, współczynnik korelacji pomiędzy średnimi dla obiektów w danym środowisku a średnimi ogólnymi oraz współczynnik określający udział środowiska w ogólnej interakcji genotypowo-środowiskowej. Wymienione współczynniki charakteryzują różne aspekty środowisk i prowadzonych doświadczeń. Podjęto próbę wyróżnienia środowisk korzystnych dla testowania genotypów. Zwrócono uwagę na znaczną zmienność charakterystyk obliczonych dla niektórych środowisk poprzez lata i serie doświadczeń. Zmienność ta utrudnia jednoznaczną klasyfikację środowisk pod względem przydatności dla testowania genotypów.

Słowa kluczowe: doświadczenia przedwstępne, interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima, wybór miejscowości

The paper attempts to characterize locations taking part in the pre-registration trials with winter wheat in the years 1999–2001. The following parameters were taken into account: average yield of genotypes, coefficient of variation of genotypic means, correlation coefficient of genotypic means with the marginal means from all experiments and the contribution of the environment to the total interaction. Large variability of the computed characteristics over different series of experiments (years) is shown. This variability causes difficulties in a simple classification of locations with respect to their value for genotype testing.

Key words: genotype-environment interaction, location choice, pre-registration experiments, winter wheat

* Praca wykonana w ramach grantu KBN 5P06A 01019

WSTĘP

Środowiska są wybierane do selekcji i testowania genotypów roślinnych na podstawie kryteriów ekonomicznych i organizacyjnych decydujących o celowości użycia danego środowiska w określonej serii doświadczeń. Wybór ten może być wspomagany poprzez modele i charakterystyki statystyczne opisujących wyniki doświadczalne uzyskiwane w poszczególnych środowiskach w kolejnych latach (Cecarelli i in., 1998; Węgrzyn, 1999; Śmiałowski i Węgrzyn, 2001; Drzazga i Krajewski, 2001; van Eeuwijk i in., 2001).

Celem niniejszej pracy jest analiza poziomu i zmienności wskaźników opisujących produktywność, zdolność do różnicowania genotypów i udział w interakcji środowisk wykorzystywanych jako testowe w seriach doświadczeń przedwstępnych z pszenicą ozimą w latach 1999–2001.

MATERIAŁ I METODY

Podstawę do opracowania stanowiły obserwacje plonu pszenicy ozimej z pięciu serii doświadczeń przedwstępnych przeprowadzonych w latach 1999–2001 w ośmiu stacjach doświadczalnych: DAD — Dańków, DED — Dębina, KOC — Pustków, MIB — Mikulice, NAD — Nagradowice, POB — Polanowice, SZD — Szelejewo, LAD — Laski. Liczba obiektów testowanych w tych seriach doświadczeń wynosiła od 49 do 64.

Wykorzystując obserwacje plonu z poletek doświadczalnych, wykonano dla każdego doświadczenia analizę wariancji, oszacowano plony genotypów w poszczególnych doświadczeniach, a następnie wyznaczono dla każdego środowiska, następujące charakterystyki statystyczne:

- średni plon genotypów,
- współczynnik zmienności średnich obiektowych,
- współczynnik korelacji pomiędzy średnimi obiektowymi dla danego środowiska a średnimi dla obiektów w całej serii doświadczeń,
- udział w interakcji genotypowo-środowiskowej, zgodnie z metodą opisaną przez Calińskiego i wsp. (1998).

Wykonano ranking (uporządkowanie) środowisk na podstawie każdej z wyliczonych charakterystyk, w ramach każdej serii doświadczeń (tab. 1).

Tabela 1

Ranking stacji doświadczalnych na podstawie średniego plonu pszenicy ozimej
Ranks of the locations according to the mean yield of winter wheat

Stacja Station	Seria doświadczeń — Series of experiments				
	1999	2000/1	2000/2	2001/1	2001/2
DAD	1	*	*	*	*
DED	3	6	6	4	5
KOC	7	5	4	6	6
MIB	6	2	2	2	3
NAD	4	4	3	3	2
POB	2	3	*	7	7
SZD	5	1	1	1	1
LAD	*	7	5	5	4

* Brak doświadczenia

*Lack of experiment

WYNIKI

Tabele 1–4 podają ranking środowisk na podstawie kolejnych wyznaczonych charakterystyk statystycznych. Zgodnie z przyjętymi oznaczeniami, we wszystkich tabelach liczba 1 oznacza najmniejszą wartość wskaźnika, zaś liczba niecałkowita oznacza istnienie takich samych wartości. Tabele pozwalają ocenić kształtowanie się poszczególnych charakterystyk środowisk w analizowanym okresie czasu.

Tabela 2

Ranking stacji doświadczalnych ze względu na współczynnik zmienności średnich obiektowych
Ranks of the locations according to the coefficient of variation of genotype means

Stacja Station	Seria doświadczeń — Series of experiments				
	1999	2000/1	2000/2	2001/1	2001/2
DAD	5,5	*	*	*	*
DED	4	1	1	1	1
KOC	2	5	5	6	5
MIB	1	7	6	7	4
NAD	5,5	4	4	3,5	6
POB	7	6	*	2	2
SZD	3	3	3	5	7
LAD	*	2	2	3,5	3

* Brak doświadczenia

* Lack of experiment

Tabela 3

Ranking stacji doświadczalnych ze względu na współczynnik korelacji pomiędzy plonem obiektów w danej stacji a średnim plonem obiektów w serii doświadczeń
Ranks of the locations according to the coefficient of correlation of genotype means with the general means from all experiments

Stacja Station	Seria doświadczeń — Series of experiments				
	1999	2000/1	2000/2	2001/1	2001/2
DAD	7	*	*	*	*
DED	2	3	2	1	2
KOC	1	4	5	5	1
MIB	3,5	1	1	4	6
NAD	5	6	4	3	4
POB	6	5	*	7	3
SZD	3,5	2	3	2	5
LAD	*	7	6	6	7

* Brak doświadczenia

* Lack of experiment

Szczegółowa analiza wszystkich charakterystyk wskazuje, że w ramach poszczególnych serii doświadczeń rankingi stacji ze względu na różne charakterystyki są ze sobą związane, choć nie całkiem ściśle. Na przykład, w serii 1999 środowiska o najmniejszym współczynniku korelacji, DED i KOC, mają duże, lecz nie największe, oceny udziału w interakcji. Pomijając jednak te niekonsekwencje oraz analizując wyniki dla wszystkich serii, można uzyskać następujące wnioski szczegółowe odnoszące się do poszczególnych środowisk:

- DED — środowisko wysoko produktywne, o małej zdolności do różnicowania badanych genotypów; plonowanie genotypów w tej miejscowości było nisko skorelowane

z przeciętnym plonowaniem w różnych środowiskach, w związku z tym stacja wykazała dość duży udział w interakcji środowiskowej.

- LAD — podobnie jak DED, charakteryzowało się wysoką produktywnością, lecz nieco większą zdolnością do różnicowania genotypów; zachowanie obiektów w tej miejscowości było bardziej zbieżne z reakcją w różnych środowiskach, co oznacza jego mały udział w interakcji GE.
- KOC — środowisko wykazało dużą zdolność do różnicowania genotypów, powiązaną z dużą zmiennością współczynnika korelacji plonów w tej miejscowości z plonowaniem średnim oraz wysokim udziałem w interakcji GE.
- MIB — środowisko mniej produktywne, posiadające bardzo korzystne warunki do testowania rodów hodowlanych ze względu na wysoki współczynnik zmienności dla plonowania genotypów; o dużej zmienności współczynnika związku plonów rodów w tej stacji ze średnimi plonami i wysokim udziale w interakcji środowiskowej.
- SZD — środowisko o zmiennym w latach poziomie plonowania i zmiennej zdolności do różnicowania genotypów; o niskim powiązaniu plonowania obiektów w tym środowisku z plonowaniem średnim oraz o dużej zmienności udziału tej miejscowości w interakcji GE.

Tabela 4

Ranking stacji doświadczalnych ze względu na udział w interakcji genotypowo-środowiskowej obserwowanej w serii doświadczeń
Ranks of the locations according to the contribution to the total interaction observed in the series of experiments

Stacja Station	Seria doświadczeń — Series of experiments				
	1999	2000/1	2000/2	2001/1	2001/2
DAD	2	*	*	*	*
DED	5	4	3	4	1
KOC	4	5,5	5	7	6
MIB	1	7	6	5	5
NAD	6	3	4	2	4
POB	7	5,5	*	3	3
SZD	3	2	1	6	7
LAD	*	1	2	1	2

* Brak doświadczenia

* Lack of experiment

DYSKUSJA

Przedstawione wyniki oparto na czterech charakterystykach statystycznych środowisk. Pierwsza z nich, średnia dla wszystkich testowanych genotypów, opisuje produktywność środowiska. Przyjmuje się na ogół, że oceny genotypów nie można ograniczyć tylko do środowisk wybitnie sprzyjających wysokim plonom, tak więc średnia ogólna nie może być przesłanką do pominięcia wyników z danej stacji w syntezie serii doświadczeń. Jest ona natomiast niezbędna dla oceny stabilności bądź charakteru niestabilności genotypów. Pozostałe trzy charakterystyki mają bezpośredni związek ze zdolnością środowiska do różnicowania genotypów i są ze sobą do pewnego stopnia zależne. Mały współczynnik korelacji średnich obiektowych z danego środowiska ze średnimi ogólnymi idzie w parze

z dużym udziałem środowiska w interakcji genotypowo-środowiskowej i na ogół odpowiada to dużemu współczynnikowi zmienności średnich obiektowych. Nie są to jednak zależności ściśle, jak pokazują przedstawione wyniki. Tak więc środowisko charakteryzujące się skrajną wartością jednego z parametrów w danej serii doświadczeń nie musi odznaczać się skrajnymi wartościami pozostałych.

W świetle takiego wniosku oraz ze względu na pokazaną zmienność charakterystyk środowisk w kolejnych latach, niezbędne wydaje się kompleksowe interpretowanie współczynników opisujących własności poszczególnych miejsc doświadczalnych. Na podstawie danych wykorzystanych w tej pracy stwierdzono małą zmienność analizowanych wskaźników dla DED i LAD, a wysoką dla KOC i MIB. Środowiska DED i LAD, o wysokiej produktywności, wykazały niską zdolność do różnicowania genotypów oraz mały udział w interakcji GE. KOC — środowisko wysoko produktywne i MIB — nisko produktywne, wykazały się dużą zdolnością różnicowania genotypów i wysokim udziałem w interakcji, czyli ujawniły wysoką przydatność hodowlaną pod kątem testowania badanych obiektów.

Wykonana analiza wskazuje na konieczność wielostronnej oceny środowisk pod kątem przydatności do testowania genotypów pod względem produktywności i stopnia interakcji genotypowo-środowiskowej. Wydaje się, że pełen obraz własności środowisk uzyskać można poprzez analizę różnych charakterystyk statystycznych, wyliczanych w kolejnych latach. Cel taki jest trudno osiągnąć wyliczając funkcje tych charakterystyk, dodatkowo uśrednionych po latach.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 3. IGR PAN, Poznań.
- Cecarelli S., Grando S., Impiglia A. 1998. Choice of selection strategy in breeding barley for stress environments. *Euphytica* 103: 307 — 318.
- Drzazga T., Krajewski P. 2001. Zróżnicowanie środowisk pod względem stopnia interakcji w seriach doświadczeń z pszenicą ozimą. *Biul. IHAR* 218/219: 111 — 115.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Przydatność punktów doświadczalnych do oceny materiałów hodowlanych żyta ozimego. *Biul. IHAR* 218/219: 409 — 417.
- Węgrzyn S. 1999. Wybór miejscowości do oceny plonowania rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 211: 5 — 12.
- Eeuwijk van F. A., Cooper M., DeLacy I. H., Cecarelli S., Grando S. 2001. Some vocabulary and grammar for the analysis of multi-environment trials, as applied to the analysis of FPB and PPB trials. *Euphytica* 122: 477 — 490.

DARIUSZ ZALEWSKI**RAFAŁ KURIATA**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław

Analiza dziedziczenia cech ilościowych pszenicy ozimej

Diallel analysis of quantitative traits of winter wheat

Materiał do badań stanowiły mieszańce F₂ uzyskane w wyniku krzyżowania półdialelicznego 7 zróżnicowanych linii wyprowadzonych z odmian pszenicy ozimej: Oregon, Jawa, CWW-3547/56, Longbow, Regina, Hana, Norman. W pracy przeprowadzono ocenę sposobów działania genów warunkujących 10 cech ilościowych w wyniku zastosowania graficznej analizy diallelicznej opracowanej przez Haymana (1954) i Jinka (1954). Użycie do krzyżowań linii Longbow powoduje u mieszańców epistatyczne dziedziczenie wysokości roślin. Linia Oregon warunkuje epistazę krzewistości produktywnej, linia CWW liczby ziaren z kłosa i masy tysiąca ziaren. W dziedziczeniu masy ziaren z kłosa stwierdza się również epistazę, która wynika z użycia do krzyżowań linii Norman. Wyeliminowanie tych linii z udziału w tworzeniu mieszańców pozwala na stwierdzenie adekwatności addytywno-dominującego modelu dziedziczenia. Wysokość roślin, krzewistość produktywną, długość kłosa, liczbę kłosków w kłosie, zbitość kłosa, masę ziaren z kłosa, masę ziaren z rośliny i masę tysiąca ziaren warunkuje częściowe dominowanie genów. Masę średniego kłosa określa naddominowanie genów, a liczbę ziaren z kłosa nieznaczne naddominowanie.

Słowa kluczowe: analiza dialleliczna, pszenica ozima

Seven different lines derived from the following cultivars of winter wheat: Oregon, Jawa, CWW-3547/56, Longbow, Regina, Hana, Norman were crossed in half-diallel design. Gene action for 10 quantitative characters was determined by the analyses of Hayman and Jinks. Line Longbow caused epistatic gene action in inheritance of plant height, Oregon of productive tillering, CWW of grain number per spike and 1000 grain weight, Norman of grain weight per ear. When the above lines were removed, the additive-dominance model was adequate. Partial dominance was involved in the inheritance of plant height, productive tillering, ear length, number of grains per spike, ear density, grain weight per spike, grain weight per plant and 1000 grain weight. Over-dominance of genes increased grain weight per mean spike and grain number per spike.

Key words: diallel analysis, winter wheat

WSTĘP

Wyhodowanie odmiany na drodze krzyżowania jest procesem długotrwałym i kosztownym. Osiągnięcie zamierzonego celu zależy przede wszystkim od wybranego do krzy-

zowań materiału wyjściowego i zastosowanej metody hodowli. Poznanie sposobu działania genów określających cechy użytkowe form rodzicielskich pozwala na wybór bardziej wartościowych spośród nich, a także przyjęcie odpowiedniej metody selekcji. Spośród wielu metod statystycznych określających sposób działania genów bardzo przydatna jest analiza dialleliczna Haymana (1954) i Jinksa (1954).

Celem badań było poznanie sposobu działania genów warunkujących cechy ilościowe mieszańców F₂ pszenicy ozimej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 21 mieszańców F₂ uzyskanych w wyniku krzyżowania półdialleliczne siedmiu zróżnicowanych linii, reprezentatywnych dla odmian pszenicy ozimej, z których zostały wyprowadzone: Oregon (USA), Jawa (Polska), CWW-3547/56 (Anglia), Longbow (Anglia), Regina (Czechy), Hana (Czechy), Norman (Anglia). Eksperyment polowy założono w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym Swojec należącym do Akademii Rolniczej we Wrocławiu.

Tabela 1

Średnie arytmetyczne cech użytkowych linii rodzicielskich i mieszańców F₂
Arithmetic means for traits of parental lines and F₂ hybrids of winter wheat

Linie i mieszańce F ₂ Line and hybrids F ₂	Wysokość roślin Plant height (cm)	Krzewistość produktywna Productive tillering	Długość kłosa Ear length (mm)	Liczba kłosków w kłosie No. of spikelets per ear	Zbitość kłosa Density of ear
Oregon	94	18,6	98	20,4	20,9
Jawa	87	16,5	88	18,6	21,2
CWW-3547/46	89	15,8	100	19,8	19,8
Longbow	80	16,4	105	21,1	20,2
Regina	102	19,3	95	21,3	22,4
Hana	95	16,0	110	20,7	18,8
Norman	78	14,0	105	20,8	19,8
Oregon × Jawa	95	17,4	94	19,7	20,9
Oregon × CWW	94	19,1	101	20,3	20,0
Oregon × Longbow	90	18,4	104	21,0	20,2
Oregon × Regina	98	21,2	95	20,8	21,8
Oregon × Hana	97	17,5	102	20,2	19,8
Oregon × Norman	89	16,6	100	20,3	20,4
Jawa × CWW	91	16,8	97	20,3	21,0
Jawa × Longbow	90	16,1	96	19,6	20,3
Jawa × Regina	98	19,7	91	20,0	22,1
Jawa × Hana	89	16,1	95	19,1	20,2
Jawa × Norman	86	15,4	98	19,5	19,9
CWW × Longbow	90	15,2	104	20,1	19,4
CWW × Regina	97	17,2	94	20,2	21,5
CWW × Hana	89	15,7	100	20,0	20,0
CWW × Norman	86	15,6	104	20,0	19,3
Longbow × Regina	93	18,1	102	21,4	20,9
Longbow × Hana	90	16,7	109	21,0	19,4
Longbow × Norman	86	15,9	104	20,7	19,9
Regina × Hana	99	18,6	105	21,2	20,2
Regina × Norman	91	19,1	96	20,8	21,6
Hana × Norman	90	15,3	107	20,4	19,1

c. d. Tabela 1

Linie i mieszańce F ₂ Line and hybrids F ₂	Liczba ziaren w kłosie No. of grains per ear	Masa ziaren z kłosa Grain yield per ear (g)	Średnia masa ziaren z kłosa Means grain yield per ear (g)	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)	Masa ziaren z rośliny Grain yield per plant (g)
Oregon	56	2,4	1,5	42,6	27,4
Jawa	49	1,7	1,2	35,1	19,1
CWW-3547/46	51	2,0	1,4	39,1	22,0
Longbow	59	2,1	1,3	33,9	21,9
Regina	51	2,0	1,3	37,5	25,2
Hana	56	1,9	1,4	40,1	21,9
Norman	57	2,2	1,4	37,4	19,5
Oregon × Jawa	48	1,9	1,3	40,6	22,8
Oregon × CWW	55	2,0	1,4	37,6	26,4
Oregon × Longbow	58	2,4	1,4	41,3	25,9
Oregon × Regina	53	2,1	1,3	38,8	26,7
Oregon × Hana	51	2,1	1,4	41,5	24,0
Oregon × Norman	54	2,2	1,5	39,8	25,7
Jawa × CWW	52	1,8	1,3	35,0	21,8
Jawa × Longbow	51	2,0	1,4	40,2	22,6
Jawa × Regina	49	1,9	1,2	38,1	22,9
Jawa × Hana	47	1,8	1,3	38,3	20,8
Jawa × Norman	52	1,9	1,2	36,6	18,3
CWW × Longbow	55	2,1	1,5	37,4	23,3
CWW × Regina	52	1,9	1,2	35,7	21,5
CWW × Hana	52	1,9	1,3	37,4	19,8
CWW × Norman	57	2,1	1,5	36,6	23,0
Longbow × Regina	57	2,2	1,4	40,2	24,9
Longbow × Hana	54	2,2	1,4	41,1	23,4
Longbow × Norman	52	1,9	1,2	37,6	19,2
Regina × Hana	55	2,2	1,4	40,7	26,9
Regina × Norman	53	2,0	1,3	37,6	25,2
Hana × Norman	54	2,1	1,5	40,0	17,4

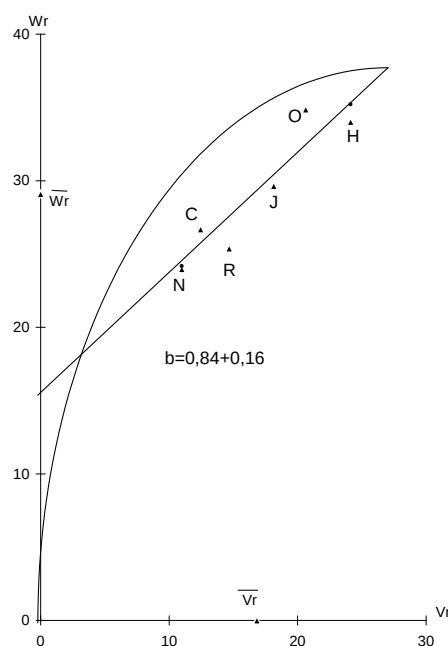
Ziarno mieszańców F₂ wraz z liniami rodzicielskimi wysiano w 1991 roku, punktowo w rozstawie 20 x 20 cm w doświadczeniu polowym założonym metodą losowanych bloków w czterech powtórzeniach. Nawożenie oraz technika uprawy nie odbiegała od powszechnie przyjętych norm. W celu określenia sposobu działania genów zastosowano analizę graficzną Haymana i Jinksa, po stwierdzeniu istotności różnicowania obiektów (linii i mieszańców F₂) testem F na podstawie obliczeń analizy wariancji. Takie stwierdzenie otrzymano dla wszystkich ocenianych cech.

Zamieszczone w tabeli 1 średnie arytmetyczne obliczono dla linii rodzicielskich i mieszańców F₂.

WYNIKI

Addytywno-dominujący model dziedziczenia wysokości roślin uzyskano po wyeliminowaniu z obliczeń linii Longbow, która wnosi epistazę. O wysokości roślin decyduje częściowe dominowanie genów o czym mówi prosta regresji przecinająca oś Wz powyżej punktu zero (rys. 1). Linie Oregon i Hana mają większość genów recesywnych, linia Jawa

charakteryzuje się zbliżoną liczbą genów recesywnych i dominujących, zaś linie Regina Norman i CWW mają przewagę genów dominujących.



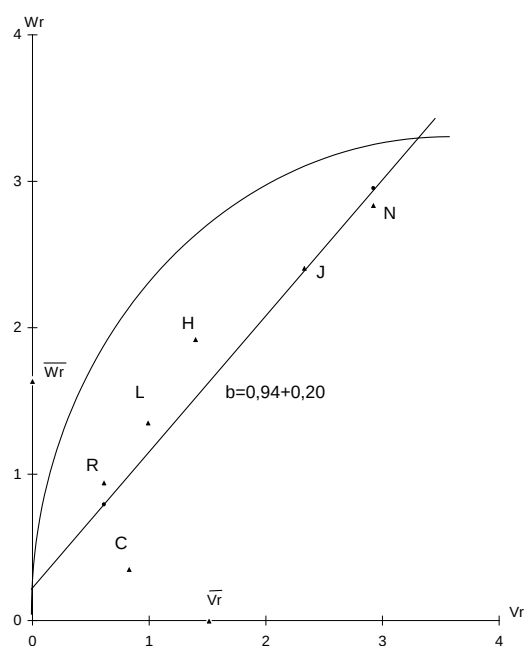
Rys. 1. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (Wr) względem wariancji rodzin (Vr) dla wysokości roślin. Legenda: CWW (C), Hana (H), Jawa (J), Longbow (L), Norman (N), Oregon (O), Regina (R).

Dotyczy rysunków 1–10

Fig. 1. Regression of progeny-parents covariance (Wr) on family variance (Vr) for plant height Legend for lines: CWW (C), Hana (H), Jawa (J), Longbow (L), Norman (N), Oregon (O), Regina (R). Concerns figures 1–10

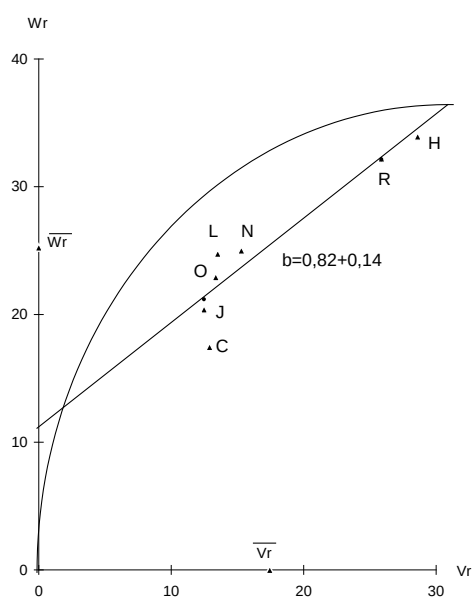
Po wyeliminowaniu linii Oregon przyjęto dla krzewistości produktywnej działanie addytywno-dominujące genów. Prosta regresji przecina oś Wr nieznacznie powyżej początku układu współrzędnych, co świadczy o prawie dominowaniu genów warunkujących tę cechę (rys. 2). Linie Norman i Jawa charakteryzują się genami recesywnymi, zaś linie Regina i CWW genami dominującymi, a linia Longbow ich przewagą. Linia Hana ma zbliżoną liczbę obu rodzajów genów.

Długość kłosa określa częściowe dominowanie genów (rys. 3). Linie Hana i Regina mają przewagę alleli recesywnych. Linie CWW i Jawa charakteryzuje nieznaczna przewaga genów dominujących. Pozostałe linie są bardzo podobne do siebie genetycznie i charakteryzuje je zbliżona ilość obu rodzajów alleli. Przeprowadzona analiza wszystkich linii pozwoliła przyjąć model addytywno-dominujący dla liczby kłosków w kłosie, cechę tę warunkuje częściowe dominowanie genów (rys. 4).



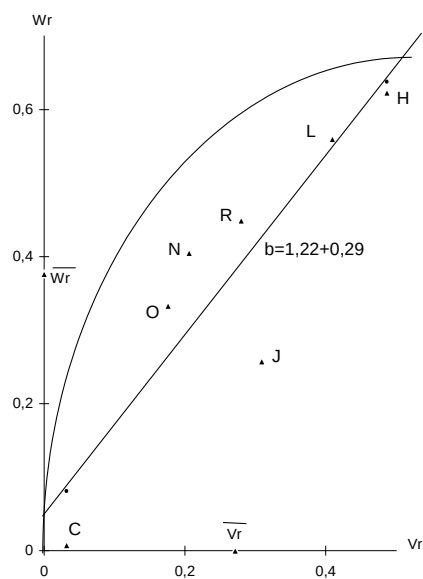
Rys. 2. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla krzewistości produktywnej

Fig. 2. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for productive tillering

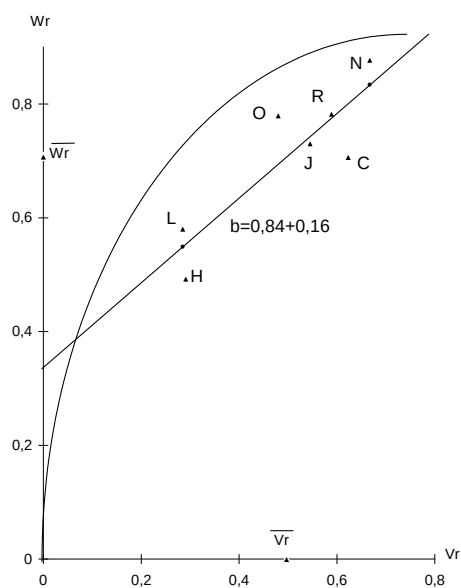


Rys. 3. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla długości kłosa

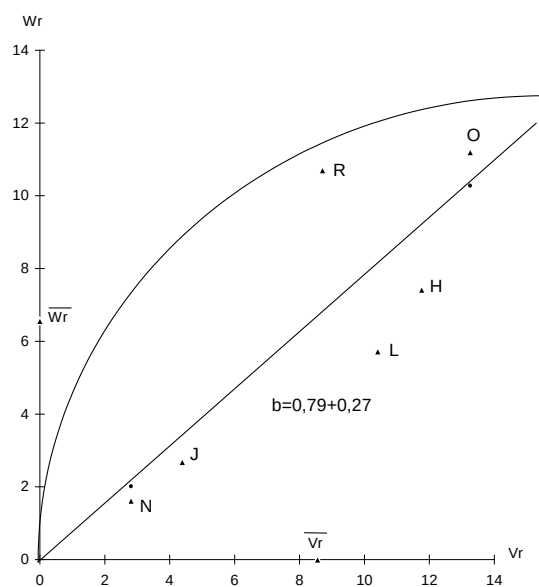
Fig. 3. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for ear length



Rys. 4. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (Wr) względem wariancji rodzin (Vr) dla liczby kłosek w kłosie
Fig. 4. Regression of progeny-parents covariance (Wr) on family variance (Vr) for spikelets number per spike

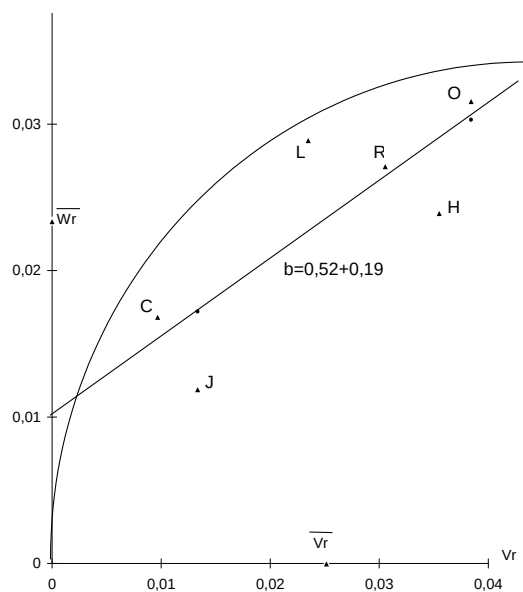


Rys. 5. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (Wr) względem wariancji rodzin (Vr) dla zbitości kłosa
Fig. 5. Regression of progeny-parents covariance (Wr) on family variance (Vr) for spike density



Rys. 6. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla liczby ziaren z kłosa

Fig. 6. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for grain number per spike



Rys. 7. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla masy ziaren z kłosa

Fig. 7. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for grain weight per spike

Linie Hana i Longbow mają głównie geny recesywne, zaś linia CWW geny dominujące. Linia Regina ma nieznaczną przewagę genów recesywnych nad dominującymi, linie Norman i Jawa mają zbliżoną ilość obu rodzajów zaś linia Oregon niewielką przewagę dominujących. Zbitość kłosa jest warunkowana genami o częściowym dominowaniu (rys. 5). Linie Norman określają geny recesywne, linie Hana i Longbow charakteryzują się przewagą genów dominujących nad recesywnymi. Pozostałe linie posiadają oba rodzaje alleli w równowadze.

Model addytywno-dominujący dla liczby ziaren z kłosa przyjęto po wyeliminowaniu z obliczeń linii CWW, która wnosi epistazę (rys. 6). Cechę tę warunkują geny o częściowym dominowaniu. Linie Oregon i Regina charakteryzują geny recesywne, natomiast linie Norman i Jawa geny dominujące. Pozostałe linie odznaczają się nieznaczną przewagą alleli recesywnych nad dominującymi.

Po usunięciu z obliczeń linii Norman, która wnosi działanie epistatyczne przyjęto dla masy ziarna z kłosa model addytywno-dominujący. Cechę tę warunkuje częściowe dominowanie (rys. 7). Linia Oregon charakteryzuje się genami recesywnymi, linie CWW i Jawa przewagą genów dominujących nad recesywnymi, pozostałe linie przewagą genów recesywnych nad dominującymi.

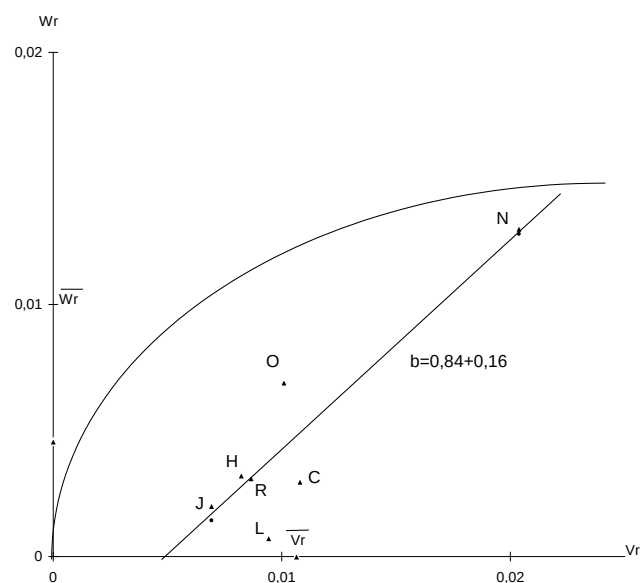
Dla średniej masy ziaren z kłosa prosta regresji przecinająca oś W_r poniżej punktu zero wskazuje na naddominację (rys. 8). Linia Norman posiada głównie geny recesywne, linia Oregon ma zbliżoną ilość genów obu rodzajów. Pozostałe linie są mało zróżnicowane i charakteryzują się przewagą genów dominujących.

Wyeliminowanie z obliczeń linii CWW w przypadku masy 1000 ziaren pozwoliło przyjąć model addytywno-dominujący, prosta regresji przecinająca oś W_r powyżej początku układu współrzędnych wskazuje na częściowe dominowanie genów (rys. 9). Linia Longbow posiada głównie geny recesywne, zaś linia Regina głównie geny dominujące. Linie Norman i Jawa charakteryzuje przewaga genów recesywnych, pozostałe linie przewaga dominujących.

Masę ziarna z rośliny warunkuje częściowe dominowanie o czym mówi prosta regresji przecinająca oś W_r powyżej początku układu współrzędnych (rys. 10). Linia Norman charakteryzuje się genami recesywnymi. Pozostałe linie są mało zróżnicowane. Niewielką przewagę alleli recesywnych nad dominującymi można zauważyć u linii Longbow i Hana, linie Jawa i CWW mają oba typy alleli w równowadze, pozostałe zaś niewielką przewagę dominujących.

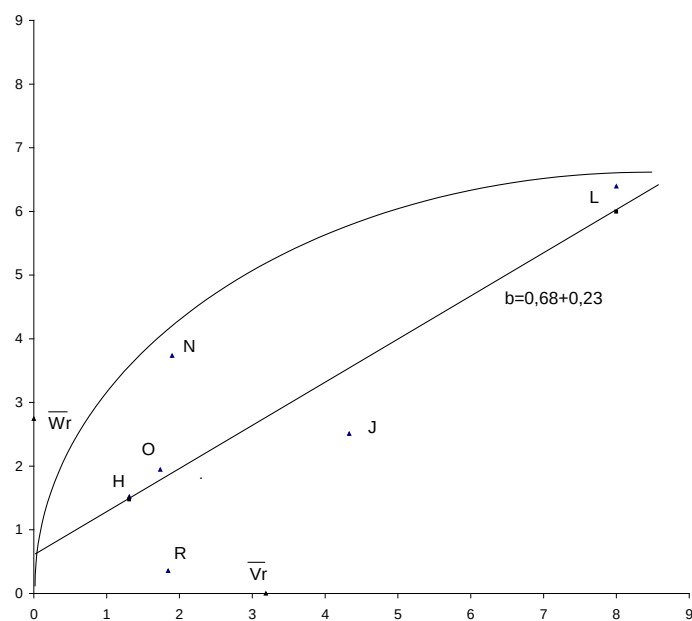
Nieistotne współczynniki korelacji między sumą $W_r + V_r$ a wartościami rodziców nie pozwoliły stwierdzić zależności badanych cech od rodzaju genów.

Informacje o sposobach działania genów w dziedziczeniu cech struktury plonu są stosunkowo liczne i autorzy podobnie częściej wykazują częściowe dominowanie genów (Bebjakin i Korobova, 1989; Dobrotvorskaja i Martynow, 1990; Jedyński i in., 1988; 1989; Kondratenko i Dragavcev, 1990; Lonc, 1985; Lonc i Zalewski, 1991, 1996; Silis i in., 1989; Singh i in., 1986, 1988; Weber, 1991; Węgrzyn i Pochaba, 1981).



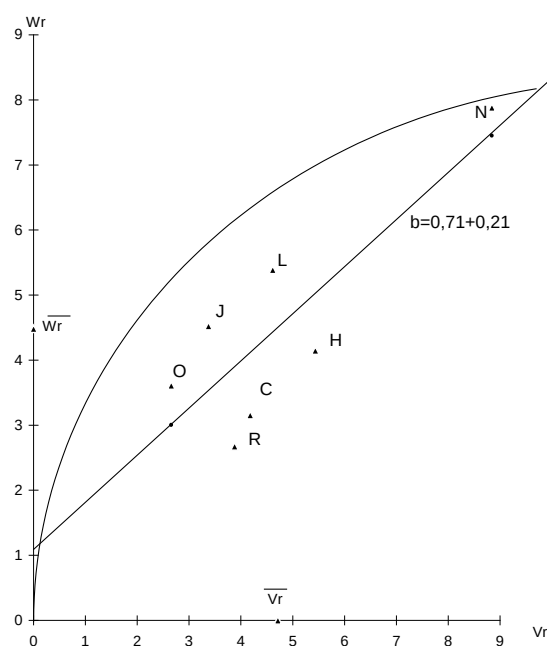
Rys. 8. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla średniej masy ziaren z kłosa

Fig. 8. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for grain weight per mean spike



Rys. 9. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (W_r) względem wariancji rodzin (V_r) dla masy 1000 ziaren

Fig. 9. Regression of progeny-parents covariance (W_r) on family variance (V_r) for 1000 grain weight



Rys. 10. Regresja kowariancji potomstwo-rodzice (Wr) względem wariancji rodzin (Vr) dla masy ziaren z rośliny

Fig. 10. Regression of progeny-parents covariance (Wr) on family variance (Vr) for grain weight per plant

WNIOSKI

1. Użycie do krzyżowań linii CWW powoduje u mieszańców epistatyczne dziedziczenie liczby ziaren z kłosa i masy tysiąca ziaren, natomiast linii Norman masy ziaren z kłosa. Linia Longbow warunkuje epistazę wysokości roślin, a Oregon krzewistości produktywnej.
2. Wysokość roślin, krzewistość ogólną i produktywną, długość kłosa, liczbę kłosków w kłosie, zbitość kłosa, masę ziaren z kłosa, masę ziaren z rośliny i masę tysiąca ziaren warunkuje częściowe dominowanie genów co pozwala oczekiwać efektywnej selekcji we wczesnych pokoleniach mieszańcowych.
3. Selekcja, we wczesnych etapach hodowli, w kierunku poprawy średniej masy ziaren i liczby ziaren z kłosa może być nieskuteczna, ponieważ stwierdzono w dziedziczeniu tych cech naddominowanie.
4. Nieistotne wartości współczynników korelacji między sumą $Wr + Vr$ a wartościami rodziców nie pozwalają stwierdzić zależności badanych cech od rodzajów genów.

LITERATURA

- Bebjakina V. M., Korobova N. I. 1989. Gene interactions and combining ability effects of winter wheat for yield components. *Cytologija i Genetika* 23: 23 — 26.
- Dobrotvorskaja T. V., Martynov S. P. 1990. Genetyčeskij analiz v trojnom testkrosse F₂ ozimój pszenicy. *Genetika* 26: 563 — 566.
- Hayman B. J. 1954. The theory and analysis of diallel cross. *Genetics* 39: 789 — 809.
- Jedyński S., Kadłubiec W., Lonc W., Strugała J. 1988. Diallel analysis of some agronomic characters in winter wheat. *Biometricko-genetické metody ve slechtění rostlin. Sborník referátu w IV Mezinárodního vědeckého symposia Lednice, 1988.*
- Jedyński S., Kadłubiec W., Lonc W., Strugała J. 1989. Analiza dialleliczna cech użytkowych mieszańców F₁ pszenicy ozimej. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 382: 95 — 107.
- Jinks J. L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics* 39: 767 — 788.
- Kondratenko E. J., Dragavcev V. A. 1990. Genetyčeskij analiz goemostaza količestviennych priznakow rastenij v populjacjach pri izmenii lslowij rosta. *Genetika* 26: 679 — 685.
- Lonc W. 1985. Sposoby działania genów warunkujących cechy ilościowe pszenicy ozimej. *Hod. Rośl. Aklim.* 29: 1 — 11.
- Lonc W., Zalewski D. 1991. Analiza dialleliczna cech użytkowych mieszańców F₁ pszenicy ozimej. *Hod. Rośl. Aklim.* 35: 101 — 113.
- Lonc W., Zalewski D. 1996. Analiza dialleliczna cech użytkowych mieszańców F₂ pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 200: 267 — 275.
- Silis D. J., Kanaevskaja T. V., Szmakova T. V., Mironov E. N. 1989. Vlijanie ekologičeskich faktorov na genetičeskij kontrol'mass 1000 zeren m'agkoj pszenicy. *Genetika* 25: 861 — 870.
- Singh G., Bhullar G. S., Gill K. S. 1986. Detection of additive, dominance and epistatic components of genetic variation for some metric traits in wheat. *Genet. Agr.* 42: 371 — 378.
- Weber R. 1991. Analiza dialleliczna kilku cech użytkowych pszenicy ozimej. *Zesz. Nauk. AR Wrocław, Rolnictwo LV*, 207: 199 — 378.
- Węgrzyn S., Pochaba L. 1981. Sposoby działania genów i odziedziczalność niektórych cech pszenicy ozimej. *Hod. Rośl. Aklim.* 25: 110 — 120.

RYSZARD WEBER¹**DARIUSZ ZALEWSKI**²**LUDWIK KOTOWICZ**³¹ IUNG, Zakład Technik Uprawy Roli i Nawożenia, Jelcz-Laskowice² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław³ Stacja Doświadczalna Oceny Odmian Tomaszów Bolesławicki (COBORU)

Stabilność plonowania odmian pszenicy ozimej na Dolnym Śląsku*

Stability of winter wheat yields in Lower Silesia

Badano stabilność plonowania 9 odmian pszenicy ozimej na Dolnym Śląsku w latach 1999–2001. Plony odmian z sześciu zróżnicowanych pod względem glebowym środowisk Polski południowo zachodniej porównywano w standardowym i intensywnym wariancie uprawy. Poziom intensywny różnił się od standardowego wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, pełną ochroną chemiczną przed chorobami grzybowymi, stosowaniem antywylegacza oraz dolistnym dokarmianiem roślin preparatem wieloskładnikowym. Zarówno w wariancie intensywnym, jak i standardowym odmiany Kobra i Jawa odznaczały się wyższym plonowaniem w porównaniu do pozostałych obiektów. Wysoka stabilność odmiany Jawa w wariancie intensywnym wskazuje, że ten genotyp powinien być zalecany do uprawy na Dolnym Śląsku. Wariancie intensywny sprzyja wysokiemu plonowaniu odmian szczególnie na glebach kompleksu pszennego bardzo dobrego i dobrego. W wariancie ekstensywnym plony odmian w badanych środowiskach były mniej zróżnicowane niż w intensywnym systemie uprawy roli. Znaczne różnice w plonach genotypów w niektórych miejscowościach wskazują na konieczność badania nowych odmian w wielu środowiskach ze względu na istotną interakcję genotypowo-środowiskową.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima, stabilność

The stability of 9 winter wheat varieties was investigated in the region of Lower Silesia (Poland) in the years 1999–2001. The yields of six environments, diverse in regard to soil conditions, were compared in the standard and intensive variants of cultivation. The intensive variant, in comparison with the standard one, differed by a 40 kg/ha higher level of nitrogen fertilisation, a complete chemical protection against fungal diseases, application of anti-lodging agents, and foliar feeding of plants with a multi-component preparation. In both the intensive and standard variants, the varieties Kobra and Jawa showed higher yields than the remaining ones. The high stability of Jawa in the intensive variant indicates that this genotype should be recommended for cultivation in Lower Silesia. The intensive variant promotes high yields in the varieties, particularly on soils of very good and good wheat complexes. In the standard variant the yields of varieties in the analysed environments were less diverse

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

than in the intensive variant of cultivation. The considerable differences in yields in some of the localities suggest the need of testing new varieties in many environments, because of the significant genotype $\times$ environment interaction.

Key words: genotype $\times$ environment interaction, stability, winter wheat

WSTĘP

Potencjał plonotwórczy odmian pszenicy ozimej jest znacznie wyższy niż obecnie uzyskiwane średnie plony na Dolnym Śląsku. Wysokie plonowanie tego gatunku uzależnione jest w głównej mierze od wyboru określonej odmiany w powiązaniu z optymalnymi zabiegami agrotechnicznymi, warunkami klimatycznymi i glebowymi występującymi na danym obszarze. W ostatnich latach na terenie Polski i Europy nastąpił znaczny wzrost areалу uprawy pszenicy. Często na stanowiskach typowych dla żyta uprawia się pszenicę, która przy optymalnej agrotechnice może osiągać wysokie i opłacalne plony (Ellmer i in., 2000; Mittler, 2000). Wzrastające koszty produkcji spowodowały, że obecnie poszukuje się odmian odznaczających się małym spadkiem plonowania przy minimalizacji nakładów na uprawę roli, nawożenie i chemiczną ochronę zasiewów (Varga i in., 2000, 2001). Wyniki badań wskazują, że istniejące w doborze odmiany odznaczają się zmienną reakcją na nawożenie azotowe (Mazurek i Sułek, 1995). Część genotypów reaguje znacznie wyższym plonowaniem w warunkach podwyższonego nawożenia, inne przy niższych dawkach azotu osiągają maksimum plonów. Efektywność wprowadzanego do gleby azotu zależy nie tylko od wysokości dawki ale również od zasobności gleby oraz warunków atmosferycznych w okresie wegetacji i fazy rozwojowej roślin (Gawrońska-Kulesza i in., 1997; Sowers i in., 1994). Na glebach słabszych dawki do 60 kg N/ha warunkują najwyższe przyrosty plonów, chociaż nawożenie w ilości 100 kg N/ha powoduje nieznaczny wzrost plonowania (Runge, 1995). Natomiast nawożenie powyżej 160 kg N/ha nawet na glebach bardzo dobrych nie wpływa już istotnie na podwyższenie plonu (Sieling i in., 1998). Badania nad plonowaniem pszenicy w zróżnicowanych środowiskach wykazały jednak że, wyższa dawka azotu nie wyrównuje negatywnego wpływu złych warunków glebowych lub klimatycznych (Mittler, 2000). Badania wpływu środowiska na zmienność plonowania niemieckich odmian pszenicy ujawniły duże zróżnicowanie genotypów w zależności od nawożenia N i stopnia intensywności uprawy (Bundessortenamt, 1998). Postęp hodowlany powoduje coraz bardziej zróżnicowaną reakcję odmian na składniki pokarmowe oraz stosowane środki chemiczne. W warunkach Polski południowo-wschodniej kombinacja czynników odznaczająca się pełną ochroną przed chorobami, stosowaniem antywylegacza i nawożeniem N w dawce 80 kg/ha spowodowała najwyższe plony odmian Parada i Rada (Jończyk, 1997). Stabilność plonowania odmian w zależności od środowiska jest w ostatnich latach rozpatrywana w wielu opracowaniach (Cox, 1991; Cox, Shelton, 1992). Stwierdzono, że niektóre odmiany odznaczające się wysokim plonowaniem w sprzyjających środowiskach plonowały również dobrze w warunkach siewu bezpośredniego (Weisz i Bowman, 1999). Domitruk i wsp. (2001) wykazali, że zróżnicowane warunki atmosferyczne miały większy wpływ na plonowanie odmian pszenicy niż środowisko glebowe. Makrorejonizacja odmian określana jako dopasowanie

cech i wymagań określonych genotypów do środowiska przyrodniczo-rolniczego pozwala uniknąć strat nawet do kilkudziesięciu procent. Mikrorejonizacja eliminuje dalsze straty rzędu kilku procent. Stąd bardzo ważne jest poszerzenie informacji o wartość gospodarczą odmian z uwzględnieniem ich reakcji na warunki siedliskowe i elementy agrotechniki, które może przyczynić się do maksymalizacji plonowania na obszarze gminy lub określonego gospodarstwa.

Celem badań było ułatwienie rekomendacji najbardziej stabilnych i wysoko plonujących odmian w warunkach standardowej i intensywnej uprawy z uwzględnieniem lat i miejscowości jako wielu środowisk.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach stabilności wykorzystano plony 9 odmian (tab. 1) uzyskane z doświadczeń Porejstrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) na Dolnym Śląsku. Spośród doświadczeń PDO wytypowano 6 miejscowości odznaczających się zróżnicowanymi warunkami glebowymi i klimatycznymi:

Tabela 1

Wartości średnie plonów w dt/ha poszczególnych genotypów w doświadczeniach
Mean yield values of the analysed genotypes (in dt/ha)

Genotypy Genotypes	Środowiska — Wariant standardowy Environment — Standard cultivation variant					
	Tarnów	Kobierzyce	Oleśnica	Tomaszów	Krościna	Jelenia Góra
	Tar 1999, 2000, 2001	Kob 1999, 2000, 2001	Ol 1999, 2000, 2001	To 1999, 2000, 2001	Kro 1999, 2000, 2001	JG 1999, 2000, 2001
Kobra	70,5	93,7	71,3	55,9	71,7	57,8
Korweta	70,9	79,5	60,6	48,2	61,5	53,1
Wanda	72,9	86,5	61,1	51,0	69,1	60,0
Elena	76,4	73,6	55,0	51,4	62,6	61,1
Jawa	72,6	83,6	66,7	58,6	77,9	60,2
Almari	65	82,6	61,1	50,6	67,2	57,5
Roma	68,3	75,4	53,0	49,5	67,2	55,5
Mikon	73,1	76,8	59,8	48,9	58,5	57,4
Sakwa	74,5	87,3	65,4	55,0	68,4	57,8
wariant intensywny intensive cultivation variant						
Kobra	89,6	107,4	95,9	69,2	92,7	74,1
Korweta	84,6	88,5	75,2	53,4	83,3	65,1
Wanda	83,8	108,5	86,7	58,4	92,2	77,5
Elena	88,7	102,3	84,2	59,8	85,9	78,4
Jawa	89,1	108,8	90,0	72,1	94,4	78,6
Almari	85,8	96,9	82,2	60,6	79,5	72,2
Roma	84,3	98,8	79,4	62,6	80,2	66,1
Mikon	89,6	101,1	88,4	62,9	82,5	73,2
Sakwa	88,9	98,6	88,1	63,7	88,6	74,1

- 1. Tarnów — kompleks pszenney dobry, Tar 1999 rok; Tar 2000 rok; Tar 2001 rok,
- 2. Kobierzyce — kompleks pszenney bardzo dobry, Kob 1999 rok; Kob 2000 rok; Kob 2001 rok,
- 3. Oleśnica — kompleks pszenney dobry, Ol 1999 rok; Ol 2000 rok; Ol 2001 rok,
- 4. Tomaszów — kompleks żytni dobry, To 1999 rok; To 2000 rok; To 2001 rok,
- 5. Krościna — kompleks żytni bardzo dobry, Kro 1999 rok; Kro 2000 rok; Kro 2001 rok,
- 6. Jelenia Góra — kompleks zbożowo-górski, JG 1999 rok; JG 2000 rok; JG 2001 rok.

Doświadczenia te założono w dwóch powtórzeniach metodą pasów prostopadłych porównując wariant standardowy z intensywnym sposobem uprawy roli. Poziom intensywny różnił się od standardowego wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, pełną ochroną chemiczną przed chorobami grzybowymi, stosowaniem antywylegacza oraz dolistnym dokarmianiem roślin preparatem wieloskładnikowym. Nawożenie pozostałymi makroelementami oraz inne zabiegi agrotechniczne wykonywano w jednakowym zakresie na wszystkich poletkach analizowanych doświadczeń. Wymienione odmiany badano w dwu powtórzeniach rozważając oddzielnie wariant intensywny lub podstawowy. Analizowano 3-letni okres uprawy odmian pszenicy w latach 1999-2001. Powierzchnia poletka w każdym doświadczeniu wynosiła 15 m². Stabilność plonowania odmian oceniano przy pomocy programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998). Obliczenia przeprowadzono biorąc za podstawę plon uzyskany z każdego poletka w 6 miejscowościach przez okres 3 lat.

WYNIKI

Wstępna analiza wariancji dla każdego środowiska (miejscowości) wykazała istotne zróżnicowanie plonów odmian zarówno w wariancie intensywnym jak i standardowym.

Następny etap badań obejmował analizę wariancji (tab. 2), która umożliwiła weryfikację następujących hipotez:

- O równości wszystkich efektów głównych dla lat,
- O równości wszystkich efektów głównych dla odmian,
- O równości wszystkich efektów głównych dla miejscowości,
- O braku interakcji odmian z miejscowościami,
- O braku współdziałania odmian z latami,
- O braku interakcji odmian ze środowiskami.

W rozważanych wariantach standardowym i intensywnym hipotezy o równości efektów głównych dla odmian i środowisk oraz o braku interakcji genotypów ze środowiskami ($G \times E$) zostały odrzucone na poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Zróżnicowaną reakcję odmian na zmiany warunków środowiska można by tłumaczyć ich regresją liniową względem efektów środowiskowych. Jednak wyniki analizy wariancji wskazują, że hipotezę o braku regresji efektów interakcji względem środowiska należy przyjąć gdyż F obliczone zarówno w wariancie intensywnym jak i standardowym jest niższe od odpowiedniej wartości krytycznej. Istotne odchylenia od regresji w obu rozważanych

wariantach wskazują, że interakcja genotypów z badanymi środowiskami podlega innym układom niż prosta zależność regresyjna.

Tabela 2

Średnie kwadraty zmienności w ogólnej analizie wariancji
Mean squares of variation in the overall analysis of variances

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Number degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	
		wariant standardowy standrad cultivation variant	wariant intensywny intensive cultivation variant
Lata Year	2	3,26	2,40
Miejscowości Station	5	69,01	104,68*
Środowiska Environments	10	20,85*	23,89*
Regresja wzg. interakcji Regression on interaktion	8	24,94	23,30
Odchyl. od regresji Regression deviation	2	4,45	14,26
Genotypy Genotypes	8	4,61*	9,02*
Genotypy × lata Genotypes × year	16	0,49	1,33*
Genotypy × miejscowości Genotypes × station	40	0,93	0,65
Genotypy × środowiska Genotypes × environments	80	0,71*	0,51*
Regresja względem środowisk Regression on explanatory variable	8	0,53	1,24
Odchyl. od regresji Regression deviation	72	0,73*	0,43*
Błąd doświadczeń Experimental error	114	0,24	0,21

* Istotne na poziomie istotności $\alpha = 0,05$

* Significant at the level $\alpha = 0.05$

Tabela 3 przedstawia wyniki analizy szczegółowej badanych genotypów ze względu na ich plon oraz interakcję ze środowiskiem. W wariancie standardowym uprawy Kobra, Jawa i Sakwa odznaczają się dodatnimi efektami głównymi. Odmiany te w analizowanych środowiskach plonują istotnie wyżej w porównaniu do średniej ogólnej wszystkich badanych obiektów. Niższymi plonami w 6 analizowanych miejscowościach charakteryzowały się Korweta i Roma. Pozostałe genotypy nie wykazywały istotnych odchyleń plonów od średniej generalnej. Prawie wszystkie odmiany odznaczały się istotną interakcją ze środowiskami. Jedynie Sakwa i Almari reagowały stabilnym plonowaniem na zmiany środowiska związane z kompleksem glebowym i warunkami klimatycznymi. Również w wariancie intensywnym Kobra i Jawa plonowały istotnie wyżej w porównaniu do pozostałych odmian. Korweta, Roma i Almari w warunkach zróżnicowanych kompleksów przydatności rolniczej gleb wykazywały znacznie niższe plonowanie niż pozostałe badane obiekty. Natomiast Wanda, Elena, Mikon i Sakwa nie odznaczały się

istotnymi odchyleniami plonów od średniej generalnej. Wyższą stabilność plonowania w intensywnym wariacie uprawy wykazywały Jawa, Roma, Mikon i Almari.

Tabela 3

Testowanie poszczególnych genotypów i ich interakcji
Testing of the genotypes and their interactions with environments

Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard cultivation variant			Wariant intensywny Intensive cultivation variant		
	ocena efektu głównego estimate of main effect	stat. F dla efektu głównego F-stat. for main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F-stat. for interactions with environments	ocena efektu głównego estimate of main effect	stat. F dla efektu głównego F-stat. for main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F-stat. for interactions with environments
Kobra	0,70	10,57	4,02	0,81	13,63	4,57
Korweta	-0,46	8,59	2,14	-1,25	61,52	2,41
Wanda	0,21	1,38	2,65	0,36	4,77	2,63
Elena	-0,30	1,26	6,31	0,08	0,17	3,33
Jawa	0,68	14,48	2,78	0,95	46,55	1,81
Almari	-0,21	2,02	1,83	-0,52	13,35	1,88
Roma	-0,58	6,95	4,20	-0,67	34,24	1,23
Mikon	-0,44	7,56	2,23	0,08	0,44	1,48
Sakwa	0,41	15,31	0,92	0,16	1,05	2,17
Wartości krytyczne 0,05		4,96	1,90	4,96		1,90
Critical values $\alpha = 0.05$		4,96	1,90	4,96		1,90

Tabela 4

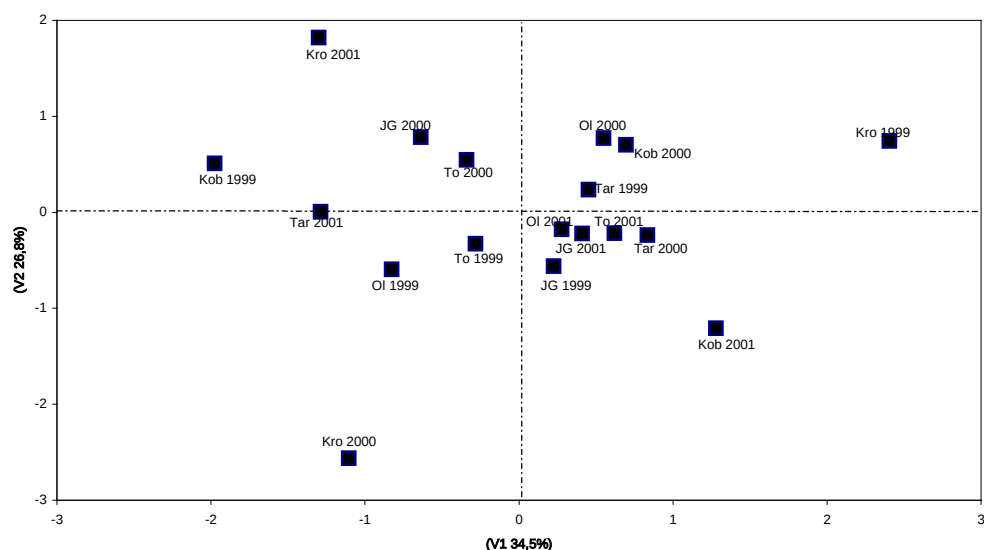
Testowanie regresji interakcji poszczególnych genotypów
Regression coefficients and F statistics for genotype interaction

Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard cultivation variant				Wariant intensywny Intensive cultivation variant			
	współczynnik coefficient of		stat. F dla stat F		współczynnik coefficient of		stat. F dla stat F	
	regresji regression	determinacji determination %	regresji of regression	odchylen for deviations	regresji regression	determinacji determination %	regresji of regression	odchylen for deviations
Kobra	-0,19	10,35	1,04	4,00	-0,24	18,19	2,00	4,15
Korweta	-0,20	20,66	2,34	1,89	-0,27	40,95	6,24	1,58
Wanda	0,24	24,67	2,95	2,22	0,18	17,80	1,95	2,41
Elena	0,11	2,13	0,20	6,86	0,35	50,48	9,17	1,83
Jawa	-0,005	0,01	0,00	3,09	-0,10	7,15	0,69	1,87
Almari	-0,04	1,11	0,10	2,01	-0,03	0,55	0,05	2,08
Roma	-0,09	2,01	0,18	4,57	-0,19	40,58	6,15	0,81
Mikon	0,02	0,24	0,02	2,47	0,12	14,56	1,53	1,41
Sakwa	0,15	28,37	3,56	0,73	0,17	18,09	1,99	1,97
Wartości krytyczne $\alpha = 0,05$			5,12	1,95	5,12			1,95
Critical values $\alpha = 0.05$			5,12	1,95	5,12			1,95

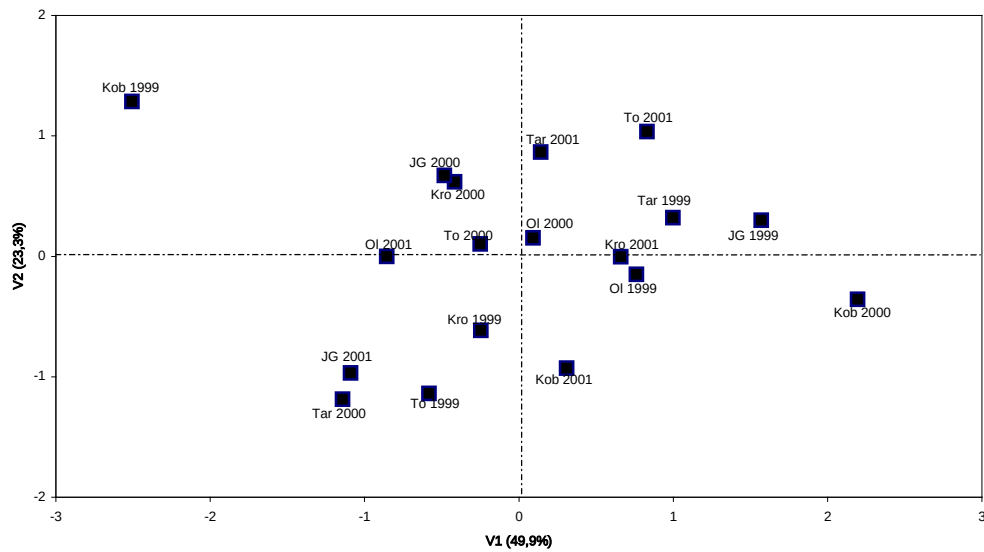
W tabeli 4 przedstawiono testowanie regresji interakcji poszczególnych genotypów względem środowiska. Niskie i w większości przypadków nieistotne współczynniki regresji zarówno w wariacie intensywnym jak i standardowym potwierdzają brak zależności regresyjnej pomiędzy plonami analizowanych odmian i środowiskami co

świadczy o istotnym zróżnicowaniu plonów w zależności od warunków klimatycznych panujących w poszczególnych latach. Rozważając kryterium stabilności plonowania genotypów, wyższe efekty tego parametru w intensywnym wariancie uprawy stwierdzono u odmian Jawa, Roma, Mikon i Almari. Na uwagę zasługuje nie istotne odchylenie od regresji statystyki F odmiany Sakwa, które potwierdza wyższą stabilność tej odmiany w warunkach ekstensywnych uprawy roli. Niskie lecz istotne współczynniki regresji w wariancie intensywnym stwierdzono u odmian Korweta, Elena i Roma. Nie istotne odchylenie od regresji w przypadku genotypu Jawa oraz wysoka wartość oceny efektu głównego tego obiektu wskazuje, że odmiana ta odznacza się lepszym przystosowaniem do zmiennych warunków klimatycznych i glebowych na obszarze Dolnego Śląska.

Ocenę analizowanych środowisk i genotypów pod względem interakcji $G \times E$ dokonano poprzez podział statystyki F tej interakcji na składniki odpowiadające poszczególnym kontrastom między genotypami. Odpowiednia statystyka F wyrażona w procentach statystyki F dla interakcji $G \times E$ z ogólnej analizy wariancji pokazuje jaką część tej interakcji pochłania dany kontrast. W celu graficznego przedstawienia środowisk na płaszczyźnie wykorzystano dwie pierwsze składowe główne, które stanowią oceny kontrastów pomiędzy genotypami wyliczone dla poszczególnych miejscowości. Rysunek 1 przedstawia rozmieszczenie środowisk na płaszczyźnie w układzie składowych głównych.



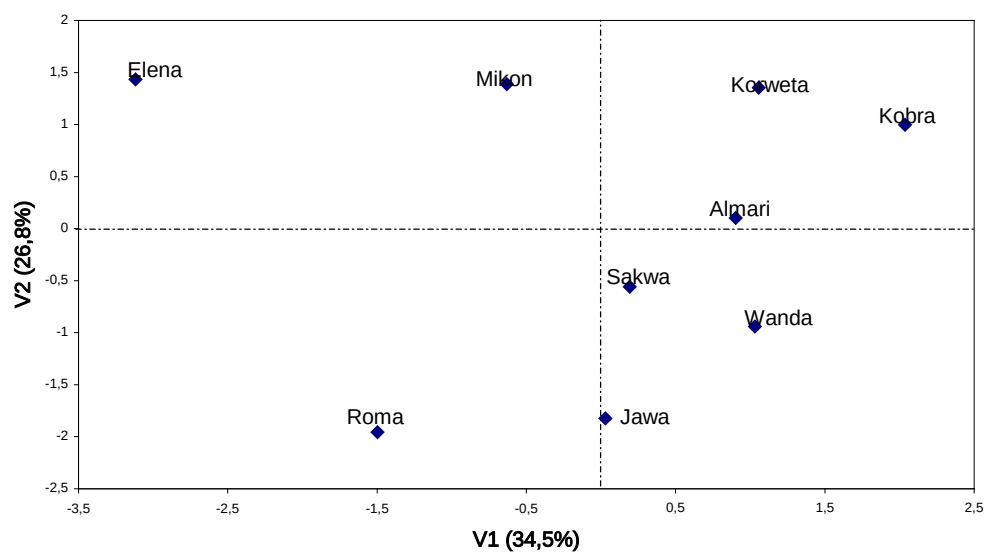
Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant standardowy
Fig. 1. Distribution of environments in the system of principal components — standard version of cultivation



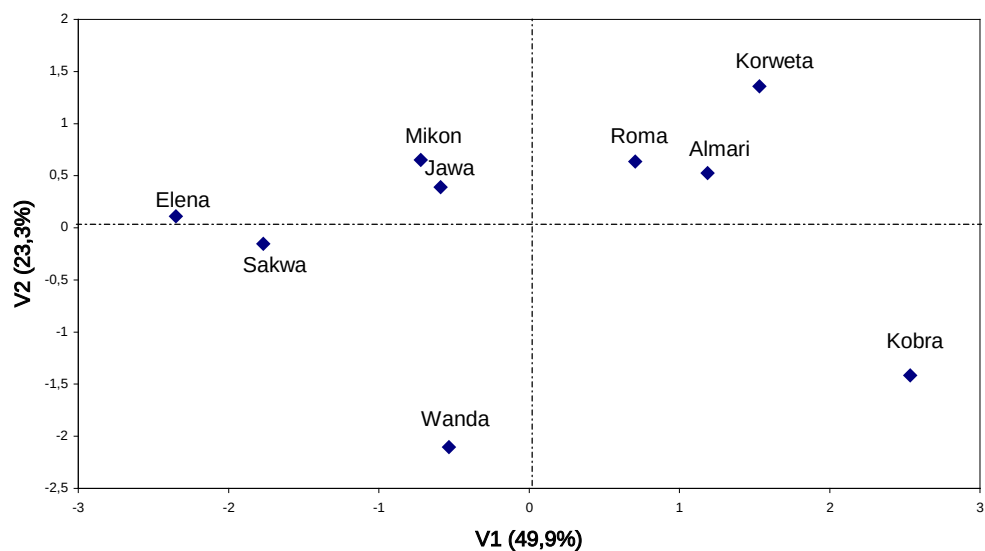
Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant intensywny
Fig. 2. Distribution of environments in the system of principal components — intensive version of cultivation

Środowisko o wysokim udziale w interakcji $G \times E$ odznacza się dużą odległością od początku układu współrzędnych. Analizując wariant standardowy można stwierdzić, że najbardziej oddalone od początku układu są środowiska Kro 1999; Kro 2000 i Kro 2001 oznaczające miejscowość Krościn. Środowisko to charakteryzuje się średnim plonem odmian znacznie odbiegającym od plonów genotypów w innych miejscowościach. Znaczne różnice w plonowaniu odmian w Krościnie w porównaniu do pozostałych środowisk wynikają ze zmiennych warunków klimatycznych panujących w tej miejscowości w okresie badanego trzylecia. Świadczą o tym duże odległości pomiędzy środowiskami Kro 1999; Kro 2000 i Kro 2001. Rysunek 2 przedstawia środowiska w układzie dwu pierwszych składowych głównych dla wariantu intensywnego. Porównując rysunek 1 z rozmieszczeniem środowisk w wariantcie intensywnym można stwierdzić większe rozproszenie punktów określających poszczególne miejscowości przy tym systemie uprawy. Wariant intensywny zróżnicował znacznie środowiska charakteryzujące się kompleksem pszennym dobrym w porównaniu do miejscowości o gorszych warunkach glebowych. Jednak duże oddalenie środowisk Kob 1999, Kob 2000 i Kob 2001 (Kobierzyce) oraz Tar 2000 i Tar 2001 (Tarnów) wskazuje, że plony odmian w dużym stopniu uzależnione były od temperatury i opadów w okresie badanych trzech lat.

Posługując się analizą składowych dualnych można analizować strukturę interakcji $G \times E$ ze względu na genotypy. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych dla wariantu standardowy przedstawiono na rysunku 3.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant standardowy
Fig. 3. Vectors of genotypes in the system of principal components — Standard version of cultivation



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant intensywny
Fig. 4. Vectors of genotypes in the system of principal components — intensive version of cultivation

Wielkość interakcji genotypów ze środowiskami obrazuje odcinek (wektor) wartości statystyki F wyprowadzony od każdego punktu do początku układu. Największy udział w sumie kwadratów odchyleń dla interakcji $G \times E$ wykazują odmiany Elena i Roma. Genotypy te odznaczają się bardziej zmiennym plonowaniem w badanych środowiskach niż pozostałe obiekty. Natomiast wyższą stabilnością plonowania charakteryzują się Sakwa, Almari i Wanda. W wariancie intensywnym (rys. 4) Kobra i Wanda odznaczały się znaczną zmiennością plonowania w badanych środowiskach. Natomiast Jawa, Mikon, Roma i Almari cechowały się bardziej stabilnym plonowaniem. Porównując odległości poszczególnych genotypów od siebie w wariancie intensywnym i standardowym można zauważyć również duże różnice. Wskazuje to na zróżnicowaną reakcję odmian na dawki nawożenia azotowego, stosowane środki ochrony roślin i warunki atmosferyczne.

WNIOSKI

1. Przeprowadzone badania pozwoliły na wyróżnienie dwu odmian Jawy i Kobry najwyżej plonujących (w obu wariantach) w analizowanych środowiskach. Niższą stabilnością plonowania charakteryzowała się Kobra, ponieważ stwierdzono u niej istotne statystyki F dla interakcji ze środowiskami i dla odchyleń od regresji.
2. Wysoka stabilność odmiany Jawa w wariancie intensywnym wskazuje, że ten genotyp powinien być zalecany do uprawy na terenie Dolnego Śląska.
3. Wariant intensywny sprzyja wysokiemu plonowaniu odmian szczególnie na glebach kompleksu pszennego bardzo dobrego i dobrego.
4. W wariancie standardowym plony odmian w badanych środowiskach były mniej zróżnicowane niż w intensywnym systemie uprawy roli. Rekomendacja odmian nabiera więc większego znaczenia w warunkach intensywnej uprawy pszenicy.
5. Znaczne różnice w plonach genotypów w niektórych miejscowościach wskazują na konieczność badania nowych odmian w wielu środowiskach ze względu na interakcję genotypowo-środowiskową.

LITERATURA

- Bundessortenamt (HRSG). 1998. Beschreibende Sortenliste Getreide, Mais, Ölfruchte, Leguminosen (grobkörnig, Hackfrüchte). Hannover. 13f.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. Poznań 1998: 5 — 59.
- Cox D. J. 1991. Breeding for hard red winter wheat cultivars adapted to conventional-till and no-till systems in northern latitudes. *Euphytica* 58, 1: 57 — 63.
- Cox D. J., Shelton D. R. 1992. Genotype-by-tillage interactions in hard red winter wheat quality evaluation. *Agron. J.* 84: 627 — 630.
- Domitruk D. R., Duggan B. L., Fowel D. B. 2001. Genotype-environment interaction of no-till winter wheat in Western Canada. *Can. J. Plant Sci.* 81: 7 — 16.
- Ellmer F., Peschke H., Köhn W., Chmielewski F. M., Baumecker M. 2000. Tillage and fertilizing effects on sandy soils. Review and selected results of long-term experiments at Humboldt University Berlin *J. Plant Soil Sci.* 163: 267 — 272.

- Gawrońska-Kulesza, A. Suwara I., Kaczmarska M. 1997. Rola przedplonu i poziomu nawożenia azotem w kształtowaniu łanu i plonu pszenicy ozimej. Ogól. Konf. Nauk. 15.IX.1997 — Rzeszów — Optymalizacja produkcji roślinnej w zmiennych warunkach ekologicznych.: 36 — 37.
- Jończyk K. 1997. Plonowanie pszenicy ozimej w zależności od wybranych elementów agrotechniki. Biul. IHAR 204: 173 — 180.
- Mazurek J., Sułek A. 1995. Wpływ nawożenia azotem na plonowanie i strukturę plonu nowych odmian pszenicy ozimej. Biul. IHAR 194: 77 — 80.
- Mittler S. 2000. Ökoviabilität von Winterweizen unter Standortbedingungen Nordostdeutschlands Dissertation Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt-Universität Berlin: 1 — 155.
- Runge M. 1995. Wirkung unterschiedlicher N-Düngungsregime und Fungizidmassnahmen auf den Ertrag. Lehr- und Versuchsanstalt für integrierten Pflanzenbau e. V. Jahresbericht 25f.
- Sieling K. Schroder H., Finck M., Hanus H. 1998. Yield, N uptake and apparent N-use efficiency of winter wheat and winter barley grown in different cropping systems. J. of Agricul. Sci. Cambridge 131: 375 — 387.
- Sowers K. E., Pan W. L., Miller B. C., Smith J. L. 1994. Nitrogen use efficiency of split nitrogen applications in soft white winter wheat. Agron. J. 86: 942 — 948.
- Varga B., Svecnjak Z., Pospisil A. 2000. Grain yield and yield components of winter wheat grown in two management systems. Bodenkultur 3: 145 — 150.
- Varga B., Svecnjak Z., Pospisil A. 2001. Winter wheat cultivars performance as affected by production systems in Croatia. Agron. J. 93: 961 — 966.
- Weisz R. Bowman D. T. 1999. Influence of tillage system on soft red winter wheat cultivars selection. J. of Production-agriculture 12 (3): 415 — 418.

STANISŁAW JEDYŃSKIKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Analiza dialleliczna cech ilościowych mieszańców F_1 pszenicy jarej

Diallel cross analysis of several quantitative characters in spring wheat

W pracy przedstawiono wyniki analizy diallelicznej dla wysokości roślin, liczby kłosów z rośliny, liczby ziaren z kłosa, masy 1000 ziaren i masy ziarna z rośliny. Interakcję niealleliczną i naddominowanie stwierdzono w przypadku liczby kłosów z rośliny, masy 1000 ziaren i masy ziarna z rośliny. Wysokość roślin i liczba ziaren z kłosa były determinowane częściowym dominowaniem. Geny recesywne powodowały zwiększenie masy ziarna z rośliny i liczby ziaren z kłosa, natomiast wysokość roślin była związana z genami dominującymi.

Słowa kluczowe: analiza dialleliczna, cechy ilościowe, epistaza, pszenica jara

Diallel analysis was applied for plant height, no. of ears/plant, no. of grains/ear, 1000 grain weight and grain yield/plant. Graphical analysis revealed non-allelic interaction and overdominance in the inheritance of no. ears/plant, 1000 grain weight and grain yield/plant. Plant height and no. of grains/ear were determined by partial dominance. Recessive genes were associated with high expression of grain yield/plant and no. of grains/ear, whereas plant height appeared to be inherited as a dominant character.

Key words: diallel analysis, epistasis, quantitative characters, spring wheat

WSTĘP

Informacje o sposobach działania genów mogą ułatwić wybór skutecznych metod selekcji. Szybki postęp genetyczny można uzyskać w przypadku addytywnego działania genów, natomiast znaczny udział dominowania będzie obniżał skuteczność selekcji w trakcie hodowli rodowodowej.

Spośród metod genetyki cech ilościowych najbardziej przydatna w pracy hodowlanej wydaje się być analiza genetyczna Haymana (1954) i Jinksa (1954). Uzyskana na podstawie analizy diallelicznej ocena genetyczna wielu form rodzicielskich może ułatwić wybór najlepszych kombinacji mieszańcowych o dużym potencjale selekcyjnym. W literaturze można spotkać wiele przykładów analizy diallelicznej dla 5–7 form rodzicielskich. Hayman jednakże wielokrotnie podkreślał konieczność używania przynajmniej

10 linii w krzyżowaniu diallelicznym, jeśli się chce uzyskać w miarę dokładne oszacowania komponentów zmienności (Hayman, 1960, 1963).

Celem pracy było poznanie sposobów działania genów określających kilka cech użytkowych mieszańców F_1 uzyskanych z przekrzyżowania diallelicznego 10 linii pszenicy jarej.

MATERIAŁ I METODY

Wykonano krzyżowanie półdialleliczne dziesięciu morfologicznie zróżnicowanych linii pszenicy jarej. Linie wyprowadzono z następujących odmian i rodów: Eta, Jota, Sigma, KOC 985, KOC 1086, KOC 1186, Alkora, KOC 1688, Hera i Omega. Doświadczenie z liniami i 45 mieszańcami F_1 założono metodą losowanych bloków w dwóch powtórzeniach w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym Swojec AR we Wrocławiu w 1990 roku. Nasiona wysiano punktowo w rozstawie 20 x 10 cm. Pomiary wykonano na pojedynczych roślinach oceniając wysokość roślin, liczbę kłosów produktywnych z rośliny, liczbę ziaren z kłosa, masę 1000 ziaren i masę ziarna z rośliny. Średnie wartości przedstawiono w tabeli 1. Analizę genetyczną przeprowadzono według metody Haymana (1954) i Jinksa (1954). Adekwatność modelu addytywno-dominującego testowano za pomocą współczynnika regresji b i wartości t^2 . Analizę genetyczną dla masy 1000 ziaren i masy ziarna z rośliny wykonano bez linii KOC 1186, ponieważ w okresie kwitnienia liście flagowe roślin mieszańcowych przedwcześnie żółkły i szybko zamierały, prawdopodobnie z powodu współdziałania genów nekrozy Ne1 i Ne2.

Tabela 1

Średnie wartości cech ilościowych linii i mieszańców F_1
Mean values of parental lines and F_1 hybrids for several agronomic characters

Cecha Character Genotyp Genotype	Wysokość roślin Plant height	Liczba kłosów z rośliny No. of ears per plant	Liczba ziaren z kłosa No. of grains per ear	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	Masa ziarna z rośliny Grain yield per plant
1	2	3	4	5	6
Sigma (S)	77,7	6,5	62,4	36,1	8,2
Jota (J)	87,0	7,2	61,0	38,3	11,8
Eta (E)	86,9	7,2	68,6	36,0	12,3
KOC 985 (985)	84,1	7,6	71,5	33,5	11,3
KOC 1086 (1086)	78,9	6,9	47,6	34,2	9,0
KOC 1186 (1186)	84,6	7,9	43,4	44,1	10,2
Alkora (A)	90,5	5,2	49,9	39,9	9,1
KOC 1688 (1688)	86,6	6,1	55,1	35,2	9,2
Hera (H)	78,8	6,7	61,0	35,4	11,8
Omega (O)	87,9	6,2	55,6	38,9	9,7
S × J	85,1	7,1	61,4	38,6	12,8
S × E	81,2	5,6	64,8	38,6	10,3
S × 985	81,7	6,0	61,1	36,6	8,9
S × 1086	79,3	7,1	58,3	38,6	11,2
S × 1186	80,5	6,5	56,4	42,0	8,5
S × A	84,9	6,4	58,2	35,7	9,5
S × 1688	83,0	6,5	57,4	36,2	9,8

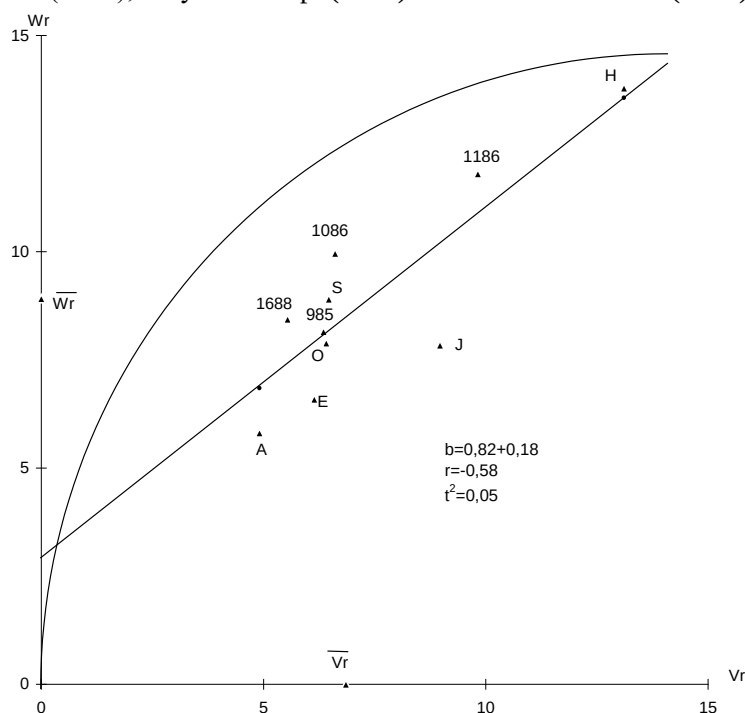
c.d. Tabela 1

1	2	3	4	5	6
S × H	78,5	5,7	63,9	31,8	8,9
S × O	79,7	5,9	54,1	39,8	9,0
J × E	82,8	6,4	59,9	37,1	12,2
J × 985	82,1	7,6	56,9	33,7	11,3
J × 1086	82,3	6,8	53,5	34,9	9,6
J × 1186	85,5	7,8	45,9	36,2	9,5
J × A	91,2	6,5	57,7	40,1	11,3
J × 1688	89,2	8,0	60,6	37,4	13,5
J × H	85,1	6,8	58,0	34,7	11,9
J × O	87,4	8,0	55,5	40,7	13,6
E × 985	85,4	7,5	67,3	35,0	12,2
E × 1086	85,1	6,5	59,1	34,3	10,1
E × 1186	86,5	6,5	47,2	38,5	9,2
E × A	89,0	5,7	65,2	41,3	11,4
E × 1688	89,2	6,7	53,8	39,7	10,3
E × H	84,9	7,3	65,5	36,1	12,1
E × O	85,1	5,9	51,2	41,0	8,8
985 × 1086	79,8	7,2	58,1	35,5	11,0
985 × 1186	80,5	6,7	47,6	29,6	6,9
985 × A	85,9	5,8	55,1	38,2	10,1
985 × 1688	83,4	7,8	59,4	37,5	10,6
985 × H	77,8	7,4	61,5	36,8	11,0
985 × O	82,2	5,8	55,2	37,1	8,7
1086 × 1186	81,5	8,6	52,0	39,5	11,5
1086 × A	85,9	6,4	50,0	36,6	9,6
1086 × 1688	84,2	8,3	53,2	37,3	11,2
1086 × H	80,6	7,7	50,1	35,4	9,0
1086 × O	84,5	7,4	56,2	37,7	11,1
1186 × A	90,3	7,2	55,1	37,7	9,3
1186 × 1688	86,3	6,9	47,3	37,6	8,1
1186 × H	83,0	7,5	43,9	33,8	7,3
1186 × O	86,3	7,1	49,0	40,1	10,0
A × 1688	88,9	7,1	53,2	38,0	10,7
A × H	88,8	8,4	57,4	39,1	12,7
A × O	86,6	5,9	55,6	39,9	10,4
1688 × H	84,8	6,9	53,7	39,2	10,3
1688 × O	86,8	7,3	52,7	38,5	9,6
H × O	84,8	7,2	49,6	40,5	10,2

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizę graficzną dla wysokości roślin przedstawiono na rysunku 1. Prosta regresji przechodzi powyżej punktu zero, co świadczy o częściowym dominowaniu genów w dziedziczeniu tej cechy. Linia Hera zawiera przede wszystkim geny recesywne, natomiast Alkora ma przewagę genów dominujących. Pozostałe linie, z wyjątkiem KOC 1186, mają zbliżoną liczbę genów recesywnych i dominujących. Współczynnik korelacji między wartościami Y_r (średnie wartości rodziców), a $W_r + V_r$ wynosi -0,58 i choć jest nieistotny, wskazuje jednak na związek między genami dominującymi a wysokimi wartościami tej cechy. Częściowe dominowanie i wpływ genów dominujących na

zwiększenie wartości tej cechy stwierdzili również Halloran (1975 b), Węgrzyn i Pochaba (1980), Jedyński (1987), Jedyński i wsp. (1989) oraz Lonc i Zalewski (1991).



W_r — kowariancja potomstwo-rodzice; progeny-parents covariance

V_r — wariancja; variance

Legenda dla linii na wszystkich rysunkach:

Notation for lines in all figures:

985 — KOC 985; 1086 — KOC 1086; 1186 — KOC 1186; 1688 — KOC 1688

A — Alkora; E — Eta; H — Hera; J — Jota; O — Omega; S — Sigma

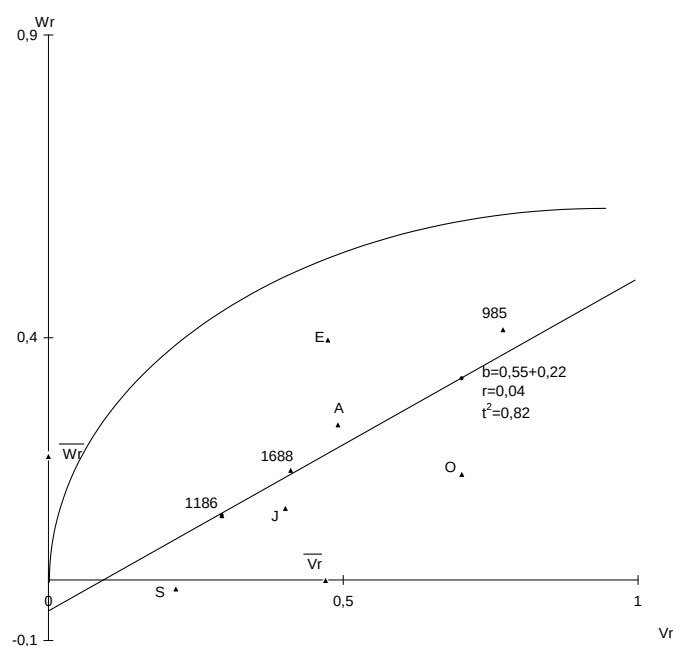
Rys. 1. Regresja W_r względem V_r dla wysokości roślin

Fig. 1. The W_r/V_r regression graph for plant height

Wyeliminowanie z analizy mieszańców linii KOC 1086 i Hera pozwoliło na uzyskanie modelu addytywno-dominującego dla liczby kłosów z rośliny (rys. 2). Położenie prostej regresji wskazuje na naddominowanie genów warunkujących tę cechę. Rozmieszczenie punktów na wykresie świadczy o dość znacznym zróżnicowaniu genetycznym badanych linii. KOC 985 ma najwięcej genów recesywnych, natomiast Sigma zawiera przewagę genów dominujących. Nie można określić zależności liczby kłosów od rodzaju genów ($r = 0,04$). Naddominowanie, pełne dominowanie i epistazę w dziedziczeniu liczby kłosów z rośliny stwierdzono w wielu badaniach (Halloran, 1975a; Jedyński, 1987; Jedyński i in., 1987; Lonc i Zalewski, 1991).

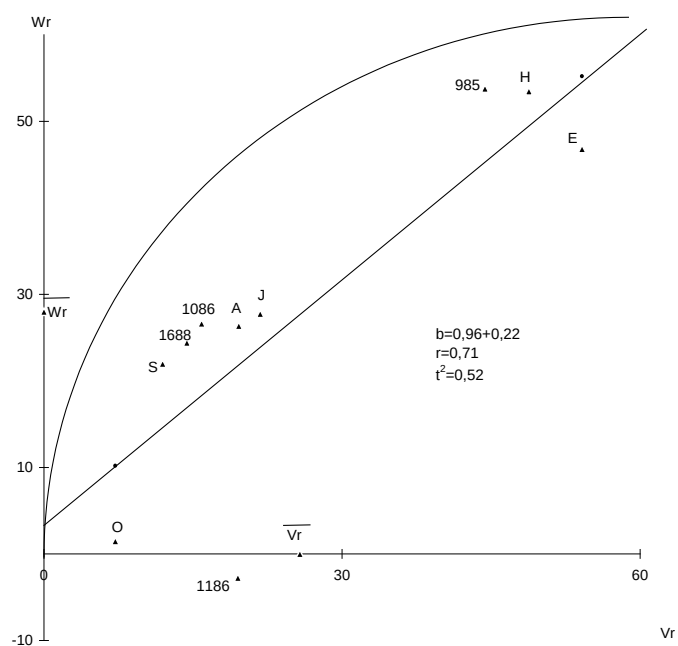
Położenie prostej regresji na rys. 3 wskazuje na częściowe dominowanie genów warunkujących dziedziczenie liczby ziaren z kłosa. Linie tworzą trzy zróżnicowane genetycznie grupy. KOC 985, Hera i Eta mają przewagę genów recesywnych, natomiast

geny dominujące występują w liniach Omega i KOC 1186. Pozostałe linie mają w przybliżeniu jednakową liczbę genów dominujących i recesywnych. Istotny współczynnik korelacji ($r = 0,71$) wskazuje, że geny recesywne działają w kierunku zwiększenia liczby ziaren z kłosa. Częściowe dominowanie i epistazę dla tej cechy stwierdzili Virk i wsp. (1975) oraz Jedyński i wsp. (1989), natomiast w badaniach Lonca i Zalewskiego (1991) wykazano naddominowanie i związek genów dominujących z wysokimi wartościami liczby ziaren z kłosa.

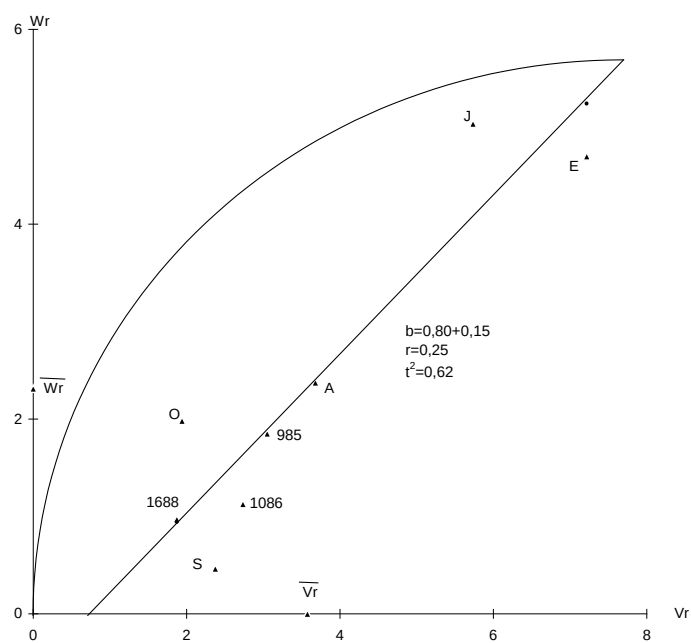


Rys. 2. Regresja W_r względem V_r dla liczby kłosów z rośliny
Fig. 2. The W_r/V_r regression graph for no. of ears per plant

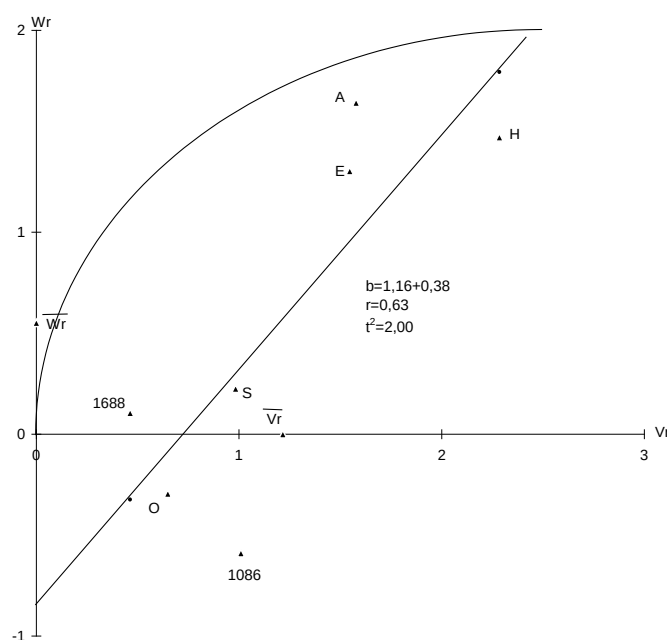
Dla masy 1000 ziaren uzyskano zestaw linii spełniających założenia metody Haymana po usunięciu z analizy linii Hera. Rysunek 4 świadczy o naddominowaniu genów determinujących tę cechę i dość znacznym zróżnicowaniu genetycznym badanych linii. Jota i Eta zawierają geny recesywne, Alkora ma równą liczbę genów recesywnych i dominujących natomiast u pozostałych linii zaznacza się przewaga genów dominujących. Na podstawie współczynnika korelacji można sądzić, że zarówno geny recesywne jak i dominujące wpływają na masę 1000 ziaren. W badaniach Hallorana (1975 a), Lonca i Zalewskiego (1991), Sameeny i wsp. (2000) stwierdzono częściowe dominowanie i związek między genami dominującymi a wysoką ekspresją tej cechy. Z kolei Whitehouse i wsp. (1958) oraz Węgrzyn i Pochaba (1980) wykazali determinowanie wysokiej masy 1000 ziaren przez geny recesywne.



Rys. 3. Regresja W_r względem V_r dla liczby ziaren
Fig. 3. The W_r/V_r regression graph for number of grains per ear



Rys. 4. Regresja W_r względem V_r dla masy 1000 ziaren
Fig. 4. The W_r/V_r regression graph for 1000 grain weight



Rys. 5. Regresja W_r względem V_r dla masy ziarna z rośliny
Fig. 5. The W_r/V_r regression graph for grain weight per plant

W celu otrzymania addytywno-dominującego modelu dziedziczenia masy ziarna z rośliny trzeba było wyłączyć z analizy genetycznej linie Jota i KOC 985 (rys. 5). Masa ziarna z rośliny jest warunkowana naddominowaniem genów. Linie Alkora, Eta i Hera mają przewagę genów recesywnych. Pozostałe linie mają więcej genów dominujących. Nieistotna, ale dość wysoka ($r = 0,63$) wartość współczynnika korelacji świadczy o tym, że geny recesywne są w znacznym stopniu związane z wysoką masą ziarna z rośliny. Naddominowanie i epistazę w dziedziczeniu masy ziarna z rośliny wykazali również Halloran (1975 a), Jedyński i wsp. (1989), Lonc i Zalewski (1991) oraz Sameena i wsp. (2000). Według Waltona (1969) cecha ta była warunkowana częściowym dominowaniem.

WNIOSKI

1. Na podstawie przeprowadzonych analiz genetycznych można przypuszczać, że we wczesnych pokoleniach mieszańcowych selekcja będzie mało skuteczna w przypadku liczby kłosów z rośliny, masy 1000 ziaren i masy ziarna z rośliny. Szybki postęp genetyczny będzie można natomiast uzyskać prowadząc selekcję w kierunku wysokiej liczby ziaren z kłosa, utrzymując masę 1000 ziaren na stałym poziomie.
2. Biorąc pod uwagę zróżnicowanie genetyczne linii i średnie wartości cech, zwłaszcza liczbę ziaren z kłosa, można wyróżnić następujące kombinacje mieszańcowe: Sigma $\times$ Eta, Sigma $\times$ Jota i Eta $\times$ Alkora, które rokuje uzyskanie wielu pożądaných segregantów transgresywnych.

LITERATURA

- Halloran G. M. 1975 a. Genetic analysis of yield in wheat. *Z. Pflanzenzüchtung* 74: 298 — 321.
- Halloran G. M. 1975 b. Genetic analysis of plant height in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 45: 368—375.
- Hayman B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789 — 809.
- Hayman B. I. 1960. The theory and analysis of diallel crosses. III *Genetics* 45: 155 — 172.
- Hayman B. I. 1963. Notes on diallel cross theory: Statistical genetics and plant breeding „NAS-NRC 982: 571 — 578.
- Jinks J. L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. *Genetics* 39: 767 — 788.
- Jedyński S., 1987. Zmienność i odziedziczalność cech użytkowych mieszańców pszenicy ozimej. *Zesz. Nauk. AR Wroc.* 47: 27 — 43.
- Jedyński S., Lonc W., Kadłubiec W., Strugała J. 1989. Analiza dialleliczna cech użytkowych mieszańców F₁ pszenicy ozimej. *Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol.* 382: 95 — 107.
- Lonc W., Zalewski D. 1991. Analiza dialleliczna cech ilościowych mieszańców F₁ pszenicy ozimej. *Hod. Rośl. Aklim.* 35, z. 3/4: 101 — 113.
- Lupton F. G. H. 1961. Studies in the breeding of self — pollinating cereals. 3. Further studies in cross prediction. *Euphytica* 10: 209 — 224.
- Sameena-Sheikh, Labal-Singh, Jaivir-Singh Sheikh S., Singh I, Singh J. 2000. Inheritance of some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Annals of Agric. Res.* 21:1, 51 — 54.
- Virk D., S., Aulakh M. S. 1975. The diallel cross analysis of grain yield and its components in bread wheat. *Cereal Res. Commun.* 3: 305 — 315.
- Walton P. D. 1969. Inheritance of morphological characters associated with yield in spring wheat. *Can. J. Plant Sci.* 49: 587 — 596.
- Węgrzyn S., Pochaba L. 1980. Wartość kombinacyjna i sposoby działania genów dla kilku cech odmian i mieszańców pszenicy ozimej. *Hod. Rośl. Aklim.* 24: 211 — 223.
- Whitehouse R. N. H., Thompson J. B., De Valle Ribeiro M. A. M. 1958. Studies in the breeding of self-pollinating cereals. 2. The use of a diallel cross analysis in yield prediction. *Euphytica* 7: 147 — 169.

MAGDALENA GUT**STANISŁAW WĘGRZYN**

Zakład Roślin Zbożowych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

Genetyczne uwarunkowania mrozoodporności pszenicy i jej współdziałanie z wybranymi cechami użytkowymi

Genetic determination of frost resistance and its relationships with other agronomic traits in winter wheat

Celem przeprowadzonych badań było określenie genetycznych uwarunkowań mrozoodporności oraz związku odporności na mróz z takimi cechami użytkowymi jak: plon, liczba dni od 1.05. do kłoszenia, liczba dni od 1.05. do dojrzałości, odporność na mączniak, rdzę brunatną oraz choroby liści. Oceniono zmienność analizowanych cech oraz obliczono współczynniki korelacji fenotypowych i genotypowych między mrozoodpornością i pozostałymi cechami a także stopień genetycznego uwarunkowania mrozoodporności (H). Największe zróżnicowanie badanych obiektów zaobserwowano w przypadku mrozoodporności oraz plonu, najmniejsze zaś, w odniesieniu do wczesności mierzonej zarówno liczbą dni od 1.05 do kłoszenia, jak i liczbą dni od 1.05 do dojrzałości. Współczynnik odziedziczalności (H) kształtował się na poziomie średnim ($H = 0,48$). Współczynniki korelacji zarówno fenotypowej, jak i genotypowej okazały się nieistotne, z wyjątkiem odporności na mączniaka. Brak zależności między mrozoodpornością a pozostałymi cechami sprawia, że selekcja w kierunku tych cech winna być prowadzona niezależnie.

Słowa kluczowe: korelacje, mrozoodporność, pszenica, uwarunkowania genetyczne

The studies on variability, heritability and relationships between frost resistance and some traits in winter wheat (yield, days to heading and to maturity, resistance to powdery mildew, leaf rust and other leaf diseases) were carried out in the years 1997–1998. The variation coefficient, heritability (H) as well as phenotypic and genotypic correlation coefficients between the studied traits were computed. The heritability coefficient of frost resistance was intermediate ($H = 0.48$). The correlation coefficients, both genotypic and phenotypic ones between the analyzed traits were in general non-significant, except for resistance to powdery mildew. Because of the lack of relationship between frost resistance and the remaining traits, the selection for the trait should be conducted independently.

Key words: correlation, frost resistance, heritability, wheat

WSTĘP

Badania nad dziedziczeniem mrozoodporności prowadzone są niemal od początku stulecia, (Nilsson-Ehle, 1912; Hayes i Aamodt, 1927, cyt. za Sutka i in., 1997), ale mimo szerokiego zakresu i zróżnicowanej tematyki (obszerny przegląd literatury z tej dziedziny podaje Gut, 2001) prace określające stopień genetycznego uwarunkowania mrozoodporności są dość rzadkie. Przyczyną tego stanu rzeczy jest zapewne fakt, że cecha ta jest kontrolowana przez system poligeniczny. Liczba czynników odpowiedzialnych za tę cechę nadal jest jednak nieznana, a jeśli chodzi o sposoby działania genów opinie są różnorodne.

Brakuje również badań dotyczących relacji między mrozoodpornością a innymi cechami użytkowymi. Prace tego typu byłyby interesujące z punktu widzenia poznawczego i w sposób istotny mogłyby wspomóc hodowców w selekcji ulepszonych form pszenicy.

Celem niniejszego opracowania było określenie genetycznych uwarunkowań mrozoodporności oraz związku odporności na mróz z plonem, wczesnością — oznaczaną jako liczba dni od 1.05. do kłoszenia i do dojrzałości oraz odpornością na rdzę brunatną, choroby liści i mączniak.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 33 rody hodowlane pszenicy ozimej w pokoleniach F₅–F₇ oceniane pod względem mrozoodporności w latach 1998–1999.

Mrozoodporność oceniano zmodyfikowaną metodą Kocha i Lehmana (1969). Jesienią nasiona wysiewano w rzędkach do skrzynek o wymiarach 30cm x 38cm x 9cm napełnionych ziemią ogrodniczą. W jednej skrzynce wysiewano 12 obiektów w rzędkach po 15 nasion. Wzrost jesienny i hartowanie odbywały się w warunkach hali wegetacyjnej, natomiast przemrażanie prowadzono w warunkach kontrolowanych. Jako temperaturę krytyczną przyjęto -16° do -18°C, przy czym wartość ta zależała od przebiegu aklimatyzacji i była wyznaczana na podstawie próbnego przemrażania. Temperaturę krytyczną utrzymywano przez dobę, po czym po stopniowym rozmrożeniu skrzynki z roślinami przenoszono do chłodnej szklarni (ok. +15°C). Rośliny przycinano do wysokości 1,5–2,0 cm nad powierzchnią gleby i po upływie około 3 tygodni liczono rośliny żywe (odrastające). Miarą mrozoodporności był procent roślin żywych po przemrożeniu w odniesieniu do początkowej liczby siewek.

Współczynniki korelacji fenotypowej obliczono dla każdego roku osobno oraz na wartościach średnich. Dwuletnie wyniki stanowiły również podstawę do obliczenia korelacji genotypowych.

Współczynnik genetycznego uwarunkowania (H) obliczono według Becker (1984), a współczynniki korelacji fenotypowej i genotypowej według Hallauer i Miranda (1988).

WYNIKI I DYSKUSJA

Zakresy i współczynniki zmienności oraz średnie wszystkich badanych cech zestawione w tabeli 1 wykazały, że badane rody były najsilniej zróżnicowane pod względem mrozoodporności.

Tabela 1

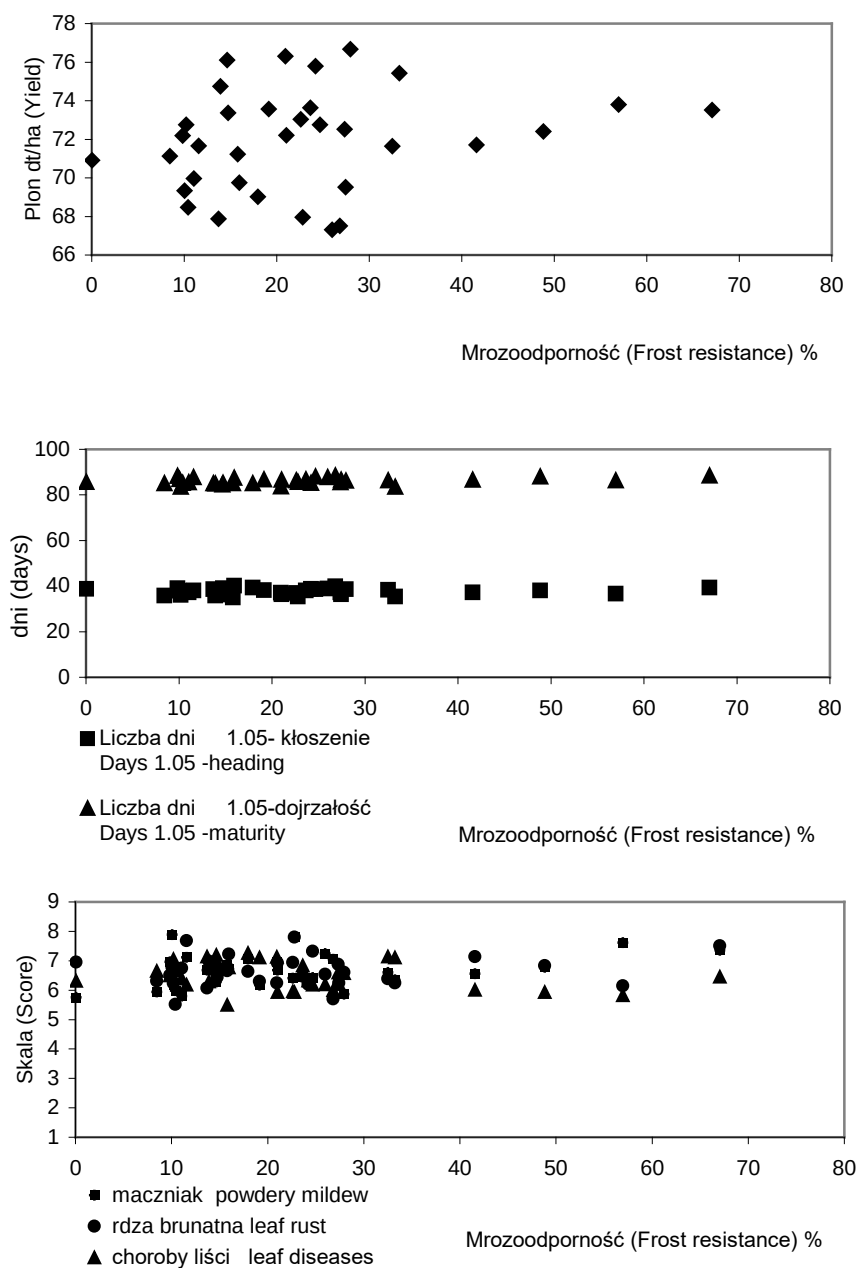
Średnie oraz zakresy zmienności badanych cech rodów pszenicy
Means and ranges of variability for the investigated traits of winter wheat strains

Cecha Trait		Rok Year		Łącznie Total
		1997	1998	
Mrozoodporność Frostresistance (%)	średnia — mean	15,80	46,08	30,94
	minimum	0,00	0,00	0,00
	maksimum	84,00	76,33	80,17
	CV%	82,36	49,83	66,09
Plon (dt/ha) Yield	średnia — mean	63,76	78,38	71,07
	minimum	54,22	68,94	61,58
	maksimum	73,10	89,17	81,13
	CV%	6,44	7,04	6,74
Liczba dni .05 — kłoszenie Days 1.05 — heading	średnia — mean	42,98	32,79	37,89
	minimum	40,14	29,36	34,75
	maksimum	46,14	35,82	40,98
	CV%	3,40	4,41	3,90
Liczba dni 1.05 — dojrzałość Days 1.05 — maturity	średnia	89,38	81,31	85,34
	minimum	85,00	73,50	79,25
	maksimum	92,75	85,40	89,08
	CV%	2,40	3,78	3,09
Odporność na rdzę brunatną Resistance to leaf rust	średnia — mean	6,74	8,47	7,61
	minimum	5,88	5,04	5,46
	maksimum	7,94	98,00	52,97
	CV%	8,09	148,10	78,10
Odporność na choroby liści Resistance to leaf diseases	średnia — mean	6,31	6,77	6,54
	minimum	5,14	5,66	5,40
	maksimum	7,25	7,53	7,39
	CV%	7,82	7,09	7,45
Odporność na mączniaka Resistance to powdery mildew	średnia — mean	6,43	7,16	6,79
	minimum	5,21	6,07	5,64
	maksimum	7,94	8,14	8,04
	CV%	10,01	7,71	8,86

Odporność na choroby — bonitacja w skali 9–1; 9 — odporne, 1 — wrażliwe

Resistance to diseases — score 9–1; 9 — resistant, 1 — susceptible

Duży zakres zmienności obserwowano także w przypadku plonu. Obie te cechy wykazywały również wyraźne zróżnicowanie w latach. Najmniejsze różnice, tak w obrębie lat, jak i pomiędzy nimi obserwowano w przypadku wczesności mierzonej zarówno liczbą dni od 1 maja do kłoszenia, jak i liczbą dni od 1 maja do dojrzałości. Średnia odporność na choroby grzybowe była porównywalna dla wszystkich branych pod uwagę patogenów, wyraźniejsze różnice w latach obserwowano jedynie w przypadku odporności na mączniaka.



Rys. 1. Zależności pomiędzy mrozoodpornością a plonem, wczesnością i odpornością na choroby
Fig. 1. Relationships between frost resistance and yield, earliness and resistance to plant diseases

Zależności między badanymi cechami przedstawiono po uśrednieniu wyników z obu lat badań (rys. 1 a, b, c.). Na podstawie zamieszczonych na rysunkach danych można było spodziewać się istotnych korelacji między mrozoodpornością a wczesnością oraz odpornością na choroby, ale współczynniki korelacji (tab. 2) oczekiwań tych nie potwierdziły.

Tabela 2

Korelacje fenotypowe i genotypowe między mrozoodpornością a badanymi cechami oraz ich współczynniki genetycznego uwarunkowania (H)
Genotypic and phenotypic correlations between frost resistance and the investigated traits and their heritability coefficients (H)

Cecha Trait	Plon Yield	Liczba dni Days		Odporność na choroby Resistance to diseases			
		1.05. kłoszenie 1.05. heading	1.05. dojrzałość 1.05. maturity	rdza brunatna leaf rust	choroby liści leaf diseases	mączniak powdery mildew	
Korelacje fenotypowe Phenotypic correlation	1997	0,31	0,09	0,34*	0,31	-0,24	0,26
	1998	-0,60**	0,36	-0,77**	0,32	0,24	0,52**
	średnia mean	0,22	0,06	0,33	0,15	-0,27	0,39*
Korelacja genotypowa Genotypic correlation		0,28	0,01	0,34	0,36	-0,52	0,61*
Uwarunkowanie genetyczne (H) Heritability		0,10	0,93	0,47	0,70	0,83	0,86

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

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

Z danych przedstawionych w tabeli wynika, że korelacje fenotypowe między porównywanymi cechami zmieniały się w latach — w przypadku plonu i liczby dni do dojrzałości w roku 1998 były nawet wysoce istotne. Zależność ta spowodowana była jednak prawdopodobnie wpływami środowiska, gdyż po uśrednieniu wyników współczynniki te były nieistotne. Podobnie drastyczne różnice korelacji fenotypowych między mrozoodpornością i plonem obserwowano we wcześniejszych badaniach (Gut, 2003). Nie stwierdzono istotnej korelacji genotypowej między mrozoodpornością a liczbą dni do kłoszenia i dojrzałości, mimo iż z pracy Snape i wsp. (2001) wynika, że geny warunkujące odporność na mróz i czas kwitnienia zlokalizowane są na tych samych chromosomach, a zatem można było oczekiwać takiej zależności. Istotny, chociaż niezbyt wysoki (0,61) współczynnik korelacji genotypowej oraz istotne współczynniki korelacji fenotypowych (w roku 1998 i po uśrednieniu dwuletnich wyników) między mrozoodpornością a odpornością na mączniak wydaje się potwierdzać sugerowane przez niektórych autorów wspólne podłoże reakcji roślin na stresy abiotyczne i biotyczne (Kacperska, 1997; Veisz Szunics, 2000). Wydaje się zatem, że podjęcie bardziej szczegółowych badań nad określeniem relacji między tymi cechami mogłoby okazać się interesujące i przydatne w hodowli.

Wśród porównywanych cech liczba dni od 1.05 do kłoszenia oraz odporność na rdzę brunatną i choroby liści odznaczały się wprawdzie wysokim stopniem uwarunkowania genetycznego (tab. 2), ale wobec nieistotnych genotypowych korelacji z mrozoodpornością selekcja na te cechy powinna być prowadzona niezależnie.

W przypadku mrozoodporności współczynnik genetycznego uwarunkowania (H) był niezbyt wysoki i wynosił 0,48. W badaniach Limin i Fowler (1993) odziedziczalność mrozoodporności wynosiła 0,63–0,70, a w pracach Sutki (1994) współczynniki odziedziczalności w wąskim i szerokim sensie były znacznie wyższe i wynosiły odpowiednio 0,81 i 0,97. Natomiast wartości współczynnika h^2 (odziedziczalność zrealizowana) uzyskane w badaniach prowadzonych w latach 1986–1995 zmieniała się w dość szerokim zakresie od 0,08 do 1,00 (Gut, 2003). Można zatem przypuszczać że cecha ta dziedziczy się w zależności od pochodzenia badanych form, a zatem skuteczność selekcji na mrozoodporność również będzie zależała od tego czynnika.

WNIOSKI

1. Wśród porównywanych cech liczba dni od 1.05 do kłoszenia oraz odporność na rdzę brunatną i choroby liści odznaczały się wysokim stopniem uwarunkowania genetycznego, ale wobec nieistotnych genotypowych korelacji z mrozoodpornością selekcja na te cechy winna być prowadzona niezależnie.
2. Istotne współczynniki korelacji fenotypowych i genotypowych między mrozoodpornością a odpornością na mączniak wydają się potwierdzać sugerowane przez niektórych autorów wspólne podłoże reakcji roślin na stresy abiotyczne i biotyczne. Podjęcie bardziej szczegółowych badań nad określeniem relacji między tymi cechami mogłoby okazać się interesujące i przydatne w hodowli.

LITERATURA

- Becker W. A. 1984. Manual of quantitative genetics, ed. 4, Pullman USA.
- Gut M. 2001. Mrozoodporność i zimotrwałość w hodowli zbóż ozimych II. Genetyka i hodowla. Biul. IHAR 217: 29 — 38.
- Gut M. 2003. Mrozoodporność rodów hodowlanych pszenicy (*Triticum aestivum* L.) — Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR, Nr 20, IHAR, Radzików.
- Hallauer A. R., Miranda J. B. 1995. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State Univ., Ames.
- Kacperska A. 1997. Plant response to low temperature stress: signaling pathways involved. In: Crop development for the cool and wet regions of Europe. Research progress COST 814-II. IHAR, Radzików: 133 — 146.
- Koch M. D., Lehman E. O. 1969. Resistenzeigenschaften im Gersten und Weizensortiment Gatersleben, 7 Prüfung der Frostresistenzpflanze D.A.I. XIV: 263 — 282.
- Limin A. E., Fowler D. B. 1993. Inheritance of cold hardiness in *Triticum aestivum* × synthetic hexaploid wheat crosses. Plant Breeding — Zeitschrift für Pflanzenzüchtung 110 (2): 103 — 108.
- Sutka J., Galiba G., Veisz O., Snape J. W. 1997. Genetic analysis of frost resistance and its contribution to development of frost resistant cereal varieties — a review. Plant Breeding and Seed Sci. 41(2): 39 — 50.
- Snape J. W., Sarma R., Quarrie S. A. Fish L., Galiba G., Sutka J. 2001. Mapping genes for flowering time and frost tolerance in cereals using precise genetic stocks. Euphytica 120: 309 — 315.
- Sutka J. 1994. Genetic control of frost tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica 77: 277 — 282.
- Veisz O., Szunics L. 2000. Effect of common bunt on the frost resistance and winter hardiness of wheat (*Triticum aestivum* L.) lines containing *Bt* genes. Euphytica. 114 (2): 159 — 164.

STANISŁAW JEDYŃSKI**JAN KACZMAREK****RYSZARD WEBER¹****DARIUSZ ZALEWSKI**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław

¹ IUNG, Zakład Techniki Uprawy Roli i Nawożenia, Jelcz-Laskowice

Plonowanie odmian pszenicy jarej w warunkach Dolnego Śląska*

Yields of spring wheat cultivars in Lower Silesia

Badano plonowanie siedmiu odmian pszenicy jarej (Eta, Jasna, Torka, Helia, Hezja, Nawra i Opatka) w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego na Dolnym Śląsku. Badania wykonano w latach 1999–2001 w czterech punktach doświadczalnych (Głubczyce, Kobierzyce, Tarnów i Tomaszów Bolesławiecki). Doświadczenia założono na dwóch poziomach intensywności. Poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy gleby. Natomiast na poziomie a2 zastosowano wyższe o 40 kg/ha nawożenie azotowe, dolistne dokarmianie preparatem wieloskładnikowym oraz pełną chemiczną ochronę przed chorobami i wyleganiem. Obliczenia statystyczne wykonano stosując program Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych. Na podstawie przeprowadzonych analiz statystyczno-genetycznych stwierdzono, że do najwyższej plonujących na poziomie standardowym i intensywnym należą odmiany Jasna i Nawra, przy czym bardziej stabilną w plonowaniu okazała się odmiana Jasna. Niestety Torka zaliczana do grupy odmian elitarnych odznaczała się najniższym plonem i małą stabilnością w obu wariantach uprawy.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica jara, stabilność plonowania

Seven cultivars of spring wheat were evaluated in post-registration trials in Lower Silesia. The trials were conducted at four sites (Głubczyce, Kobierzyce, Tarnów and Tomaszów Bolesławiecki). The recently registered cultivars: Eta, Jasna, Torka, Helia, Hezja, Nawra and Opatka were grown at two variants of cultivation: standard and intensive. The intensive variant, in comparison with the standard one, differed by a 40 kg/ha higher level of nitrogen fertilisation, application of anti-lodging chemicals, foliar feeding of plants with microelements and complete control of fungal diseases. Statistical analysis was carried out according to computer program Sergen 3. Three-year investigations have shown that the cultivars Jasna and Nawra were the best yielders Jasna being more stable than Nawra. Torka, a cultivar of excellent baking quality was the poorest yielder of low stability.

Key words: genotype-environment interaction, spring wheat, yield stability

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

WSTĘP

W 2002 roku w rejestrze figurują 24 odmiany pszenicy jarej, w tym pięć nowo zarejestrowanych pochodzi z 2002 i cztery z 2001 roku. W latach 90. w Rejestrze były tylko odmiany krajowe. W 2000 i 2001 roku zarejestrowano 2 szwedzkie, a w 2002 jedną odmianę niemiecką. Szeroki zestaw odmian zalecanych do uprawy, różniących się wieloma cechami użytkowymi daje producentowi możliwość wyboru odmiany najbardziej przydatnej w danym gospodarstwie. Wyniki wieloletnich doświadczeń odmianowych realizowanych przez COBORU (Kaczyński i in., 1999) wykazały, że odmiany pszenicy jarej istotnie reagują na wiele czynników środowiska.

Pszenica jara wykazuje znaczną wrażliwość na czynniki środowiskowe i agrotechniczne (Halvorson i in., 2001; McGuire i in., 1998; Olness i in., 1998; Podolska, 1997; Foulkes i in., 1998). Ujawnienie reakcji odmian na czynniki środowiskowe jest możliwe tylko w doświadczeniach ścisłych prowadzonych w różnych lokalizacjach i ciągłości badań w kolejnych sezonach. Powtarzanie się określonej reakcji odmian w latach pozwala na ich ocenę i ewentualną rekomendację. Szeroki zestaw odmian zalecanych do uprawy, różniących się wieloma cechami rolniczo użytkowymi daje duże możliwości wyboru odmiany najbardziej przydatnej w określonym gospodarstwie. Będzie to miało konkretny wymiar ekonomiczny. Respektowanie makro i mikroekologicznej reakcji odmian pozwala uniknąć ryzyka znacznych strat plonu, nawet do kilkudziesięciu procent.

W doświadczeniach PDO na Dolnym Śląsku uczestniczyło 18 odmian pszenicy jarej w tym 7 przez trzy kolejne lata 1999–2001 w 4 miejscowościach. Te siedem odmian było przedmiotem analiz.

Za cel niniejszej pracy przyjęto zbadanie stabilności plonowania 7 odmian w doświadczeniach PDO na Dolnym Śląsku, a szczególnie poznanie genotypów stabilnych najkorzystniej reagujących na intensywne warunki uprawy, oraz odmian, które można zarekomendować do mniej korzystnych warunków środowiska.

MATERIAŁ I METODY

Badano plonowanie siedmiu odmian pszenicy jarej (tab. 1) w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego na Dolnym Śląsku przy uwzględnieniu reakcji odmian na dwa poziomy agrotechniki. Badania wykonano w latach 1999–2001 w czterech punktach doświadczalnych różniących się warunkami glebowymi i klimatycznymi:

- Kobierzyce — kompleks pszeniczny bardzo dobry AB1-1999; AB5-2000; AB9-2001
- Głubczyce — kompleks pszeniczny bardzo dobry AB2-1999; AB6-2000; AB10-2001
- Tarnów — kompleks żytni dobry AB3-1999 rok; AB7-2000 rok; AB11-2001 rok
- Tomaszów Bol. — kompleks żytni dobry AB4-1999 rok; AB8-2000 rok; AB12-2001 rok

Materiałem badawczym były aktualnie zarejestrowane odmiany pszenicy jarej: Eta, Jasna, Torka, Helia, Hezja, Nawra i Opatka. Doświadczenia założono na dwóch poziomach intensywności (a1, a2) metodą pasów prostopadłych w dwóch powtórzeniach. Poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy

gleby. Poziom a2 różnił się od poziomu a1 wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, dolistnym dokarmianiem preparatem wieloskładnikowym oraz pełną chemiczną ochroną przed chorobami i wyleganiem. Wielkość poletek do zbioru wynosiła 15 m². Otrzymane wyniki w poszczególnych latach i miejscowościach poddano obliczeniom statystycznym według programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych.

Tabela 1

Wartości średnie plonów poszczególnych genotypów w doświadczeniach (dt/ha)
Mean yields of the tested genotypes (dt/ha)

Genotyp Geenotype	Wariant standardowy Standard cultivation variant			
	Kobierzycy	Głubczyce	Tarnów	Tomaszów
	AB -1;5;9	AB-2;6;10	AB-3;7;11	AB-4;8;12
Eta	53,9	42,7	55,3	46,4
Jasna	63,9	48,8	60,5	47,6
Torka	51,5	40,5	54,7	44,8
Helia	53,1	44,4	60,3	45,1
Hezja	54,2	44,1	54,9	44,7
Nawra	61,4	52,1	62,9	49,9
Opatka	55,3	44,3	57,9	47,1
wariant intensywny intensive cultivation variant				
Eta	67,8	56,8	61,9	61,5
Jasna	75,7	62,8	63,9	57,5
Torka	64,7	56,5	63,9	54,9
Helia	71,3	60,9	67,6	59,3
Hezja	69,3	61,2	68,3	56,5
Nawra	73,1	67,1	68,7	60,5
Opatka	65,0	57,5	66,4	56,8

WYNIKI

Wstępna analiza wariancji dla każdego środowiska (miejscowości) wykazała istotne zróżnicowanie plonów odmian zarówno w wariancie intensywnym jak i standardowym. Średnie wartości plonów w standardowym i intensywnym wariancie uprawy przedstawia tabela 1. Spośród 4 miejscowości najwyższe plony uzyskano w Kobierzycach na kompleksie pszennym bardzo dobrym i Tarnowie na glebie żytniej dobrej. Nieco niższe wydajności uzyskano w Tomaszowie Bolesławieckim i Głubczycach. Najwyższy średni plon na obydwu poziomach intensywności dała odmiana Nawra. Najślabiej plonowała Torka zaliczana do grupy odmian elitarnych.

Istotna zmienność plonów odmian w każdym doświadczeniu umożliwiła przeprowadzenie syntezy w postaci łącznej analizy wariancji (tab. 2). Wyniki tej analizy pozwoliły na weryfikację hipotez ogólnych dotyczących zróżnicowania środowisk oraz istotności interakcji $G \times E$. Obie hipotezy zostały odrzucone na poziomie istotności $\alpha = 0,01$ zarówno dla wariantu intensywnego jak i standardowego systemu uprawy roślin. Na podstawie przybliżonego testu opartego na ilorazie odpowiednich średnich kwadratów dla genotypów

i interakcji ($G \times E$) odrzucono hipotezę o braku różnic między plonami odmian. Istotna wartość odchyleń od regresji w wariantach intensywnym i standardowym wskazuje na małą zależność regresyjną efektów interakcji ($G \times E$) względem efektu środowiska.

Tabela 2

Średnie kwadraty zmienności w ogólnej analizie wariancji
Mean square variation in the overall analysis of variances

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Number of degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	
		wariant standardowy standard cultivation variant	wariant intensywny intensive cultivation variant
Lata Years	2	56,05*	62,01
Miejscowości Stations	3	20,27	12,30
Środowiska Environments	6	8,77	16,09**
Genotypy Genotypes	6	2,75	1,64
Genotypy $\times$ lata Genotypes $\times$ years	12	0,84	1,12
Genotypy $\times$ miejscowości Genotypes $\times$ station	18	0,22	0,38
Genotypy $\times$ środowiska Genotypes $\times$ environments	36	0,22**	0,42**
Regresja względem środowisk Regression on explanatory variable	6	0,20	0,68
Odchyl. od regresji Regression deviation	30	0,22**	0,37*
Błąd doświadczeń Experimental error	84	0,06	0,190

* — Istotne na poziomie istotności $\alpha = 0,05$; Significant at the level $\alpha = 0.05$

** — Istotne na poziomie istotności $\alpha = 0,01$; Significant at the level $\alpha = 0.01$

Analizę poszczególnych odmian i ich współdziałania ze środowiskiem przedstawia tabela 3. Oceniając przeciętną wysokość plonowania genotypów wyrażoną efektami głównymi oraz odpowiednią wartością statystyki F można stwierdzić, że w wariancie standardowym odmiany Jasna i Nawra odznaczały się istotnie wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów. Odmiana Nawra wykazywała się niższą stabilnością plonowania o czym świadczy istotna wartość statystyki F dla interakcji ze środowiskami (tab. 3). Genotyp ten podobnie zachowywał się w wariancie intensywnym.

Dalszą analizę badanych odmian przedstawiono za pomocą testowania regresji poszczególnych genotypów i ich interakcji względem środowiska (tab. 4). Niskie, nieistotne współczynniki regresji w standardowym i w większości wypadków w intensywnym wariancie uprawy świadczą o braku regresyjnej zależności między plonami analizowanych odmian a środowiskami. Jedynie w intensywnym systemie uprawy Eta i Helia odznaczały się istotnymi wartościami tych współczynników oraz niskimi odchyleniami od regresji. Wyniki te świadczą o większej stabilności w trzyletnim okresie badań. Jednak niskie oceny efektów głównych tych genotypów wskazują, że nie powinny być

rekomendowane do uprawy na Dolnym Śląsku. W wariancie standardowym odmiana Jasna odznaczała się wysokim efektem głównym i wysoką stabilnością. Wysoki plon tej odmiany rekomenduje ją do uprawy na terenie Polski południowo-zachodniej.

Tabela 3

Testowanie poszczególnych genotypów i ich interakcji
Testing of genotypes and their interaction with environments

Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard cultivation variant			Wariant intensywny Intensive cultivation variant		
	ocena efektu głównego estimate of main effect	stat. F dla efektu głównego F-stat. for main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F-stat. for interaction with environments	ocena efektu głównego estimate of main effect	stat. F dla efektu głównego F-stat. for main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F-stat. for interaction with environments
Eta	-0,294	8,47	2,44	-0,211	0,76	4,25
Jasna	0,553	37,16	1,96	0,178	1,39	1,67
Torka	-0,542	10,87	6,45	-0,513	11,81	1,62
Helia	-0,116	0,48	6,70	0,206	3,91	0,79
Hezja	-0,309	10,08	2,26	0,058	0,12	1,96
Nawra	0,760	31,32	4,41	0,585	7,49	3,33
Opatka	-0,052	0,33	2,01	-0,303	3,91	1,70
Wartości krytyczne $\alpha = 0,05$		5,99	2,21	5,99		2,21
Critical values $\alpha = 0,05$		5,99	2,21	5,99		2,21

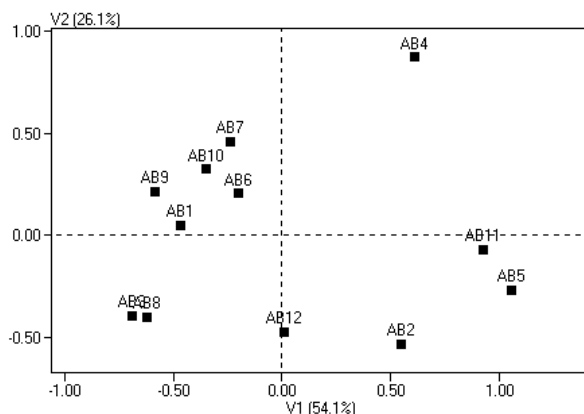
Tabela 4

Testowanie regresji interakcji poszczególnych genotypów
Regression coefficients and Fstatistics for genotype interaction

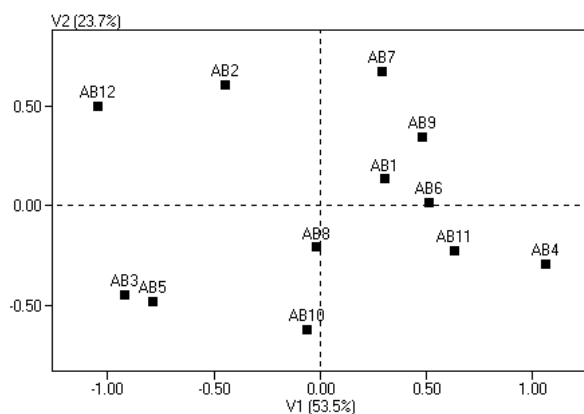
Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard cultivation variant				Wariant intensywny Intensive cultivation variant			
	współczynnik coefficient of		stat. F dla F-stat		współczynnik coefficient of		stat. F dla F-stat	
	regresji regression	determinacji determination %	regresji of regression	odchyleń for deviations	regresji regression	determinacji determination %	regresji of regression	odchyleń for deviations
Eta	-0,175	31,42	2,29	2,00	-0,480	75,68	15,56	1,24
Jasna	0,157	31,35	2,28	1,62	0,063	3,33	0,17	1,93
Torka	-0,157	9,54	0,53	7,00	-0,001	0,00	0,00	1,95
Helia	0,209	16,32	0,98	6,73	0,200	70,55	11,98	0,28
Hezja	-0,046	2,31	0,12	2,65	0,077	4,25	0,22	2,26
Nawra	0,134	10,24	0,57	4,75	0,114	5,40	0,29	3,78
Opatka	-0,123	18,75	1,15	1,96	0,027	0,61	0,03	2,03
Wartości krytyczne $\alpha = 0,05$			6,61	2,32	6,61		6,61	2,32
Critical values $\alpha = 0,05$			6,61	2,32	6,61		6,61	2,32

W celu uzyskania dalszych informacji odnośnie zachowania się poszczególnych odmian pszenicy jarej w różnych środowiskach przeprowadzono badanie struktury interakcji ($G \times E$) za pomocą analizy składowych głównych. Analiza ta jest poprzedzona podziałem statystyki F ($G \times E$) na składowe odpowiadające odpowiednim kontrastom między genotypami. Uwzględniając dwa pierwsze kontrasty o największym udziale w statystyce F, przedstawiono graficzne rozmieszczenie środowisk na płaszczyźnie. Środowiska o wysokim udziale w interakcji ($G \times E$) odznaczają się największą odległością

od początku układu współrzędnych (rys. 1). Analizując środowiska wariantu standardowego stwierdzono, że Tarnów i Kobierzyce cechowały się dużym wkładem w wielkość interakcji ($G \times E$). Odmiany w tych lokalizacjach wykazywały wyższy plon w stosunku do pozostałych dwóch miejscowości. Znaczne odległości między punktami AB4, AB8 i AB12 dotyczące Tomaszowa Bolesławieckiego świadczą o dużej zmienności plonowania w tej miejscowości. Duży udział w interakcji wykazywały również Kobierzyce, szczególnie w 2000 i 2001 roku. Na uwagę zasługuje duża stabilność plonowania pszenicy jarej w Głubczycach. Niższe plony w tej miejscowości wskazują na mało opłacalną uprawę pszenicy jarej w warunkach standardowych.



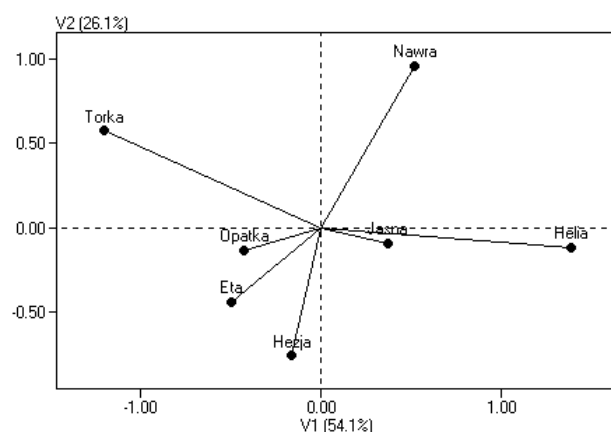
Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant standardowy
Fig. 1. Distribution of environments in the system of principal components — standard variant of cultivation



Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant intensywny
Fig. 2. Representation of environments in the system of principal components — Intensive variant of cultivation

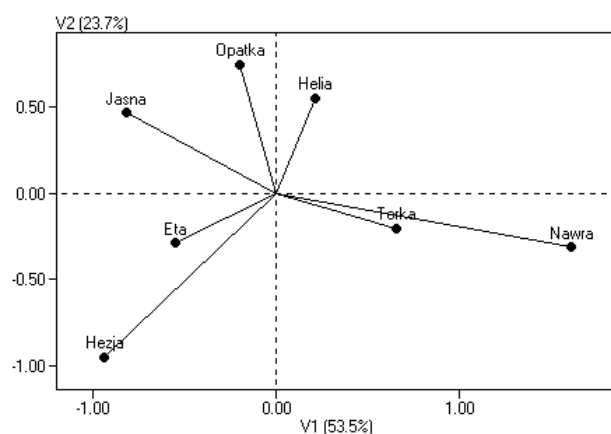
Analizując wariant intensywny (rys. 2) można wykazać również znaczną zmienność plonowania badanych odmian w zależności od środowiska. Duże różnice w plonowaniu odmian stwierdzono w latach 1999 i 2000 o czym świadczą znaczne odległości od początku układu współrzędnych oraz między sobą punktów obrazujących miejscowości Tomaszów Bol. (AB4, AB-12), Tarnów (AB-3, AB-7) lub Głubczyce w latach 1999 i 2001 (Ab-2, AB-10).

Wektorowe rozmieszczenie genotypów w układzie dwu pierwszych składowych głównych przedstawiono na rysunku 3. Znaczne oddalenie odmian Nawra, Torka i Helia od początku układu wskazuje na znaczną interakcję tych odmian z badanymi środowiskami.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant standardowy

Fig. 3. Vectors of genotypes in the system of principal components — standard variant of cultivation



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant intensywny

Fig. 4. Vectors of genotypes in the system of principal components — Intensive variant of cultivation

Genotypy te odznaczają się większym zróżnicowaniem plonowania w analizowanych środowiskach w porównaniu do pozostałych obiektów. Niższą i zbliżoną interakcją $G \times E$ charakteryzują się odmiany Opatka, Eta i Hezja. Intensywny wariant uprawy (rys. 4) w badanych środowiskach spowodował znaczne różnice w plonowaniu odmian Opatka i Hezja, o czym świadczą duże odległości odpowiednich punktów od początku układu współrzędnych. Odmiany Jasna i Opatka odznaczały się również w tym wariancie uprawy zbliżoną reakcją pod względem plonowania na zmiany środowiska glebowo-klimatycznego.

Znaczne odległości między punktami obrazującymi badane genotypy w obu wariantach uprawy wskazują na duże różnice w plonowaniu odmian w zależności od warunków środowiska.

WNIOSKI

1. Wyniki trzyletnich badań pozwalają na rekomendację odmian Jasna i Nawra do standardowych i intensywnych warunków uprawy, przy czym bardziej stabilną w plonowaniu okazała się odmiana Jasna.
2. Odmiana Torka zaliczana do grupy pszenic elitarnych odznaczała się najniższym plonem i niską stabilnością
3. Zróżnicowana reakcja odmian na zmiany środowiska wskazuje na konieczność prowadzenia dalszych badań w celu określenia optymalnej liczby lat badań i liczby doświadczeń dla uzyskania najwyższej wiarygodności wyników.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. Poznań 1998: 5 — 59.
- Foulkes M. J., Sylvester-Bradley R., Scott R. K. 1998. Evidence for differences between winter wheat cultivars in acquisition of soil mineral nitrogen and uptake and utilization of applied fertilizer nitrogen. *J. Agric. Sci., Cambridge*, 130: 29 — 44.
- 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 uprawnych na Dolnym Śląsku. Zesz. 1: 35 — 46.
- McGuire A.M., Bryant D. C., Denison R. F. 1998. Wheat yields, nitrogen uptake and soil following winter legume cover crop vs. fallow. *Agron. J.* 90: 404 — 410.
- Olness A., Evans S. D., Alderfer R. 1998. Calculation of optimal fertiliser rates: A comparison of three response models. *J. Agron. Crop Sci.* 180: 215 — 222.
- Podolska G. 1997. Reakcja odmian i rodów pszenicy ozimej na wybrane czynniki agrotechniczne. Część III. Wpływ nawożenia azotem na plon i strukturę plonu nowych odmian i rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 204: 169 — 180.

HANNA SZAJSNERKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza, Wrocław

Zmienność cech ilościowych u pszenic pod wpływem biostymulacji laserowej

Changes of quantitative characters in wheat influenced by laser biostimulation

Materiał do badań stanowiło 10 odmian pszenicy jarej: Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega i Sigma. Do badań użyto światła lasera He–Ne o mocy 15 mW, zastosowano dwie metody naświetlań ziarna pszenicy. Testy energii i zdolności kiełkowania oraz pomiary cech ilościowych siewek: długości korzeni zarodkowych, koleoptyli i nadziemnej części siewki wykonano w warunkach laboratoryjnych, na materiale naświetlanym i nasionach kontrolnych. Oznaczano również świeżą i suchą masę korzonków zarodkowych i części nadziemnej. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie, zastosowano test Duncana w celu utworzenia grup jednorodnych. Istotne podwyższenie energii i zdolności kiełkowania obserwowano tylko u materiałów przechowywanych przez okres kilkuletni i charakteryzujących się niskimi wartościami tych cech. Dla pozostałych badanych cech siewek stwierdzono zróżnicowaną reakcję zarówno na zastosowaną metodę, jak i dawkę promieniowania.

Słowa kluczowe: cechy ilościowe, laser, pszenica jara

The studied material consisted of 10 cultivars of spring wheat: Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega and Sigma. Two irradiation methods (laser He–Ne light, power 15 mW) were used. Tests of germination energy, germination capacity, quantitative characters of seedlings: root, coleoptile and first leaf length, were evaluated under laboratory conditions, on control and irradiated materials. Fresh and dry weight of roots and first leaves were also determined. The results of experiments were analysed statistically, Duncan test was applied in order to form homogeneous groups. Significant increase in germination energy and germination capacity was observed only for materials stored for several years and characterized by low values of these parameters. For other seedling characters, different responses to the applied methods and irradiation doses were observed.

Key words: quantitative characters, laser, spring wheat

WSTĘP

Nasiona są podstawowym środkiem produkcji rolniczej oraz jej celem. Stanowią one główne źródło żywności człowieka i zwierząt, poza tym mają istotne znaczenie w przemyśle chemicznym, farmaceutycznym, włókienniczym itp.

Dotychczasowe standardowe metody uszlachetniania materiałów nasiennych zostały poszerzone o czynniki chemiczne i fizyczne (Podlaski, 1994). Uważa się, że czynniki

fizyczne, takie jak: promienie jonizujące, światło widzialne, fale radiowe, promieniowanie beta, działanie elektronów i neutronów oraz światło lasera, w przeciwieństwie do zabiegów chemicznych modyfikują jedynie przebieg procesów biochemicznych i fizjologicznych w nasionach, nie powodując niekorzystnych zmian w środowisku (Pietruszewski, 1993). Efekty biostymulacji są związane z absorpcją promieniowania laserowego o małej mocy. Powoduje to biostymulację tkanki bez jej destrukcji. Zjawisko to nie jest jeszcze dokładnie poznane, ale przypuszcza się, że zaabsorbowane promieniowanie stymuluje m.in. transport elektronów w łańcuchu oddechowym i kumulację energii w ATP.

Celem badań była ocena wpływu przedśiewnej biostymulacji laserowej na wartość użytkową nasion i cechy ilościowe siewek wybranych genotypów pszenicy jarej.

MATERIAŁ I METODY

Do badań użyto 10 odmian pszenicy jarej: Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega i Sigma pochodzących z Zakładu Hodowli Pszenic Pustków Żurawski należącego do Stacji Hodowli Roślin „Nasiona Kobierzyc”. Do przedśiewnych naświetlań nasion zastosowano promienie lasera He — Ne o mocy 15 mW, użyto dwóch urządzeń: aparatury do przedśiewnej laserowej biostymulacji metodą nastawnych dawek energii — metodą D oraz urządzenia do obróbki przedśiewnej nasion — metodą R (Koper i Dygdała, 1993; Koper, 1994). Zastosowano gęstość energii wynoszącą $4 \times 10^{-3} \text{ J/cm}^2$ — w metodzie D oraz gęstość energii $4 \times 10^{-5} \text{ J/cm}^2$ w metodzie R. Przyjęto trzy warianty: wariant I — jednokrotne naświetlenie, II — dwukrotne i III — trzykrotne naświetlenie. Energię i zdolność kiełkowania oznaczano wg Polskiej Normy (PN-R-65950) w kontrolowanych warunkach laboratoryjnych. Testy energii i zdolności kiełkowania oraz pomiary cech ilościowych siewek: długości korzonków zarodkowych, koleoptyli i nadziemnej części siewki wykonywano na materiale naświetlanym i nasionach kontrolnych. Oznaczano również świeżą i suchą masę korzonków zarodkowych i części nadziemnej siewek pszenicy. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie zgodnie z metodą przyjętą dla dwuczynnikowych doświadczeń laboratoryjnych. W przypadku stwierdzenia istotnych różnic zastosowano test Duncana w celu utworzenia grup jednorodnych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Energia i zdolność kiełkowania należą do najważniejszych cech decydujących o jakości materiału siewnego. Wysoka wartość energii kiełkowania pozwala przypuszczać, że nasiona nie uległy procesom osłabiającym ich żywotność, co gwarantuje szybkie i wyrównane wschody. Zdolność kiełkowania pozwala także na obliczenie wartości użytkowej materiału siewnego, przydatnej przy obliczaniu ilości wysiewu na jednostkę powierzchni.

Na podstawie analizy statystycznej uzyskanych wyników stwierdzono istotność zróżnicowania dla czynnika odmianowego, dawek promieniowania oraz interakcji dawek promieniowania z odmianami, zarówno dla energii jak i zdolności kiełkowania. Istotne

podwyższenie wartości obu badanych cech po zastosowaniu biostymulacji laserowej obserwowano jedynie dla materiałów nasiennych charakteryzujących się obniżonymi parametrami energii i zdolności kiełkowania (tab. 1). Podobne wyniki uzyskano dla odmian pszenicy jarej Henika i Banti przechowywanych przez okres kilkuletni, u których stwierdzono istotne podwyższenie wartości siewnej nasion (Drozd i in., 1996; Drozd i in., 2001).

Szczególnie u zbóż jarych wielkość i właściwości systemu korzeniowego wykazują związek z wielkością plonu (Nass i Zuber, 1971). Dla długości korzenia zarodkowego obserwowano istotne jego wydłużenie po zastosowaniu dawki D₁ — 12,6 cm, w stosunku do kontroli wynoszącej 10,3 cm.

Tabela 1

Grupy jednorodne — energia i zdolność kiełkowania (%)
Homogeneous groups — for energy and capacity of germination (%)

Dawki Doses	Energia Germination energy				Zdolność Germination capacity			
	metoda D method D		metoda R method R		metoda D method D		metoda R method R	
Kontrola Control	74,55	B	74,55	B	93,60	B	93,60	B
Dawka I Dose I	93,92	A	95,01	A	97,52	A	98,14	A
Dawka II Dose II	94,81	A	94,19	A	98,21	A	97,93	A
Dawka III Dose III	95,82	A	95,82	A	98,40	A	98,30	A
NIR LSD	2,35		3,98		1,56		1,93	

Tabela 2

Grupy jednorodne — długość koleoptyla (mm)
Homogeneous groups — coleoptile length (mm)

Metoda D Method D			Metoda R Method R		
Kontrola Control	31,06	B	kontrola Control	31,06	C
Dawka I Dose I	41,85	A	dawka I dose I	42,13	A
Dawka II Dose II	40,07	A	dawka II dose II	37,47	B
Dawka III Dose III	30,83	B	dawka III dose III	42,18	A
NIR = 1,80 LSD = 1,80			NIR = 1,22 LSD = 1,22		

Analiza wariancji dla długości koleoptyla wykazała istotne zróżnicowanie odmian i zastosowanych dawek promieniowania laserowego dla obu metod naświetlań. Utworzono grupy jednorodne (tab. 2) i stwierdzono istotny pozytywny wpływ promieniowania

laserowego wyrażający się podwyższeniem wartości tej cechy o około 30% w stosunku do kontroli.

Długość koleoptyla jest ważną w hodowli odmian krótkosłomych cechą dodatnio skorelowaną z wysokością roślin (Nalepa i in., 1975; Dolmicki i Kumelowska, 1975). Obserwowano również, że krótkie, wolno rosnące koleoptile może być przyczyną opóźnionych i słabszych wschodów. Badania prowadzone przez Drozd i Szajsner (1996) wykazały, że długość koleoptyla roślin wyrosłych z nasion naświetlanych jest istotnie wyższa od długości roślin kontrolnych, przy czym stwierdzono zróżnicowanie w reakcji genotypów pszenicy jarej.

Wszystkie badane odmiany, z wyjątkiem Alkory, wykazały istotny wpływ promieniowania laserowego na długość nadziemnej części siewki. U odmian Banti, Hera i Omega nastąpiło istotne zwiększenie tej cechy o około 4,5 cm w stosunku do kontroli.

Opracowanie statystyczne danych dotyczących świeżej i suchej masy korzeni pozwala stwierdzić, że większy wpływ na te cechy miała metoda naświetlania R (tab. 3).

Tabela 3

Zbiórce porównanie reakcji 10 genotypów pszenicy jarej na promieniowanie lasera dla badanych cech
Comparison of 10 spring wheat genotypes reaction to laser irradiation for the studied characters

Cecha Character	Odmiana Cultivar	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
Energia kiełkowania Germination energy		-	-	-	+	+	+	+	-	+	+
Zdolność kiełkowania Germination capacity		-	-	-	+	+	-	+	-	+	+
Długość korzenia Root length		-	-	+	-	+	+	+	+	-	+
Metoda D — method D		-	-	+	-	+	+	-	-	+	+
Metoda R — method R		-	-	+	-	+	+	-	-	+	+
Długość koleoptyla (R) Coleoptile length (R)		-	+	-	+	+	-	+	+	+	+
Długość siewki Seedling length		-	+	-	-	+	-	-	-	+	-
Metoda D — method D		-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Metoda R — method R		-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Świeża masa korzeni (R) Fresh root weight (R)		-	+	+	-	+	-	-	-	+	-
Sucha masa korzeni (R) Dry root weight (R)		-	+	+	+	+	+	-	-	+	-
Świeża masa nadziemnej części siewki (R) Fresh weight of seedling (R)		-	+	-	-	+	+	-	-	+	-
Sucha masa nadziemnej części siewki (R) Dry weight of seedling (R)		-	-	+	+	+	-	-	-	+	-

+ Istotna reakcja;

+ Significant reaction

- Brak reakcji;

- No significant reaction

A — Alkora; B — Banti; C — Eta; D — Henika; E — Hera

F — Igna; G — Jota; H — KOC (2391); I — Omega; J — Sigma

Analiza wariancji dla tej metody wykazała istotne zróżnicowanie odmian, dawek promieniowania i interakcji dawek z odmianami zarówno dla świeżej, jak i suchej masy korzeni. Natomiast analiza wariancji dla metody D wykazała zróżnicowanie tylko świeżej masy korzeni, dawka D_1 istotnie wpłynęła na zwiększenie wartości tej cechy. Istotność interakcji odmian z zastosowanymi dawkami promieniowania (metoda R) w przypadku suchej masy nadziemnej części siewki wskazuje na zróżnicowaną reakcję odmian pszenicy. Odmiana Henika zareagowała na dawkę R_1 istotnym zwiększeniem suchej masy siewki, natomiast podobną reakcję obserwowano u odmiany Omega po zastosowaniu dawki R_2 .

Na podstawie przeprowadzonych analiz i doświadczeń laboratoryjnych odmianę Alkora uznano za najbardziej odporną na działanie lasera ze względu na brak istotnej reakcji dla wszystkich badanych cech. Najbardziej podatnymi okazały się odmiany Hera i Omega. Bardziej skuteczną okazała się metoda naświetlań R, natomiast cechą dla której stwierdzono istotną reakcję na działanie promieni lasera u 9 spośród 10 badanych genotypów była długość nadziemnej części siewki (tab. 3).

WNIOSKI

1. Reakcja badanych odmian pszenicy jarej była zróżnicowana i zależała od genotypu, dawki i metody naświetleń promieniami lasera.
2. Przedsięwzięte uszlachetnianie materiałów nasiennych promieniami lasera może mieć zastosowanie przede wszystkim w przypadku nasion o obniżonej energii i zdolności kiełkowania.
3. Uzyskane drogą przedsięwziętej biostymulacji laserowej istotne wydłużenie koleoptyli może mieć znaczenie w uprawie pszenicy, u której przyczyną opóźnionych i słabszych wschodów są krótkie, wolno rosnące koleoptyle.

LITERATURA

- Dolnicki A., Kumelowska I. 1975. Zależność pomiędzy wysokością roślin a długością koleoptyli i korzeni zarodkowych siewek pszenicy. Biul. IHAR 124/125: 15 — 19.
- Drozd D., Szajsner H. 1996. Wpływ przedsięwziętego naświetlania laserem nasion pszenicy jarej na zdolność kiełkowania i długość koleoptyla. *Fragm. Agron.* 1: 44 — 51.
- Drozd D., Szajsner H., Bielawska A. 1996. Wpływ przedsięwziętej biostymulacji laserowej na wartość użytkową nasion pszenicy jarej ze zbiorów w latach 1992–1995. Biul. IHAR 200: 287 — 290.
- Drozd T. D., Szajsner H.A., Turzyniecka-Małysz H. 2001. Zastosowanie światła laserowego do poprawy wartości siewnej pszenicy z lat zbioru 1993–1997. I Międzynarodowa Konferencja Naukowa AGROLASER 2001: 13 — 17.
- Koper R., Dygdała Z. 1993. Urządzenie do obróbki przedsięwziętej nasion promieniowaniem laserowym. Patent Nr 162598, Wiadomości Urzędu Patentowego, Nr 12.
- Koper R. 1994. Urządzenie do przedsięwziętej laserowej biostymulacji nasion metodą ich naświetlania nastawnymi dawkami energii. Biuletyn Urzędu Patentowego, Nr 9.

- Nalepa S., Kumelowska I., Grzesik H. 1975. Wstępne badania nad dziedziczeniem długości koleoptylu i długości korzeni zarodkowych u siewek kilku form triticales. Biul. IHAR. 112/125: 29 — 32.
- Nass H. G. Zuber M. S. 1971. Correlation of corn (*Zea mays*) roots early development to mature root development. Crop. Sci. 11/5: 655 — 657.
- Pietruszewski S. 1993. Effect of magnetic seed treatment on yield of wheat. Seed Sci. Technol. 21/2: 621 — 626.
- Podlaski S. 1994. Uszlachetnianie materiałów nasiennych roślin rolniczych. Mat. Konf. Nauk. „Uszlachetnianie Materiałów Nasiennych”. ART, Olsztyn: 25 — 30.

DANUTA DROZD**HANNA SZAJSNER**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza, Wrocław

Porównanie reakcji nasion różnych odmian pszenicy i pszenżyta na promieniowanie laserowe

Response of seeds of different wheat and triticale cultivars to laser radiation

Eksperyment prowadzono w warunkach laboratoryjnych zgodnie z metodyką doświadczenia dwuczynnikowego w trzech powtórzeniach. Zastosowano zróżnicowane dawki światła lasera, stosując dwie metody naświetlań. Efekt biostymulacji porównywano z wynikami uzyskanymi dla nasion kontrolnych (nienaświetlanych). Materiał do badań stanowiło 10 odmian pszenicy jarej: Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega i Sigma. Odmiany pszenżyta ozimego reprezentowane były przez: Bogo, Presto i Tornado, zaś odmiana Migo należy do form jarych. Stwierdzono, że przedsiewna biostymulacja laserowa powodowała istotne podwyższenie parametrów wartości siewnej nasion. Obserwowano także zmiany cech biometrycznych siewek zarówno u odmian pszenicy, jak i pszenżyta.

Słowa kluczowe: pszenica, pszenżyto, promieniowanie laserowe

A two — factor experiment with three replications (in randomised complete block design) was conducted under laboratory conditions. Two methods and different doses of laser light were used. The material consisted of 10 spring wheat cultivars (Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega, Sigma), 3 winter triticale cultivars (Bogo, Presto, Tornado) and 1 spring form of triticale (Migo). It was found that pre-sowing laser biostimulation caused significant increase in sowing value parameters. Changes in biometrical characters of both wheat and triticale cultivars were also observed.

Key words: laser biostimulation, triticale, sowing value, wheat

WSTĘP

Dotychczasowe badania dotyczące wpływu przedsiewnej biostymulacji laserowej na wartość użytkową nasion i cechy siewek prowadzone były na genotypach pszenicy zwyczajnej. Stwierdzono zróżnicowaną reakcję odmian pszenicy pod względem cech ilościowych takich jak: energia i zdolność kiełkowania oraz długość korzonków zarodkowych, koleoptyli i nadziemnej części siewki. Pszenżyto jest formą allopoliploidalną, łączącą w sobie genomy heksaploidalnych pszenic i diploidalnego żyta. Rodzaj ten nie

powstał samoistnie w przyrodzie, lecz został wyhodowany przez człowieka (Tarkowski, 1989). Dotychczas nie spotkano w literaturze prac dotyczących zastosowania biostymulacji laserowej u pszenżyta, celowym wydaje się podjęcie prób wykorzystania światła lasera u tej formy łączącej zalety dwóch podstawowych zbóż.

Celem pracy było porównanie reakcji pszenicy i pszenżyta na promieniowanie laserowe. Można przypuszczać, że czynnikiem różnicującym reakcję obu tych form będzie genom pochodzący z żyta jako formy ojcowskiej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 10 odmian pszenicy jarej: Alkora, Banti, Eta, Henika, Hera, Igna, Ismena, Jota, Omega i Sigma. Bogo, Presto i Tornado były odmianami pszenżyta ozimego, zaś odmiana Migo należy do form pszenżyta jarego. Porównywano efekt działania trzech zróżnicowanych dawek promieniowania lasera (wariant I — jednokrotne naświetlenie, II — dwukrotne, III — trzykrotne), przy zastosowaniu dwóch metod naświetlania. Metoda D polegała na wykorzystaniu aparatury do przedsięwziętej laserowej biostymulacji nasion metodą nastawnych dawek energii oraz metoda R polegająca na zastosowaniu urządzenia do przedsięwziętej obróbki nasion (Koper, Dygdała). Jako kontrolę przyjęto nasiona bez naświetlania.

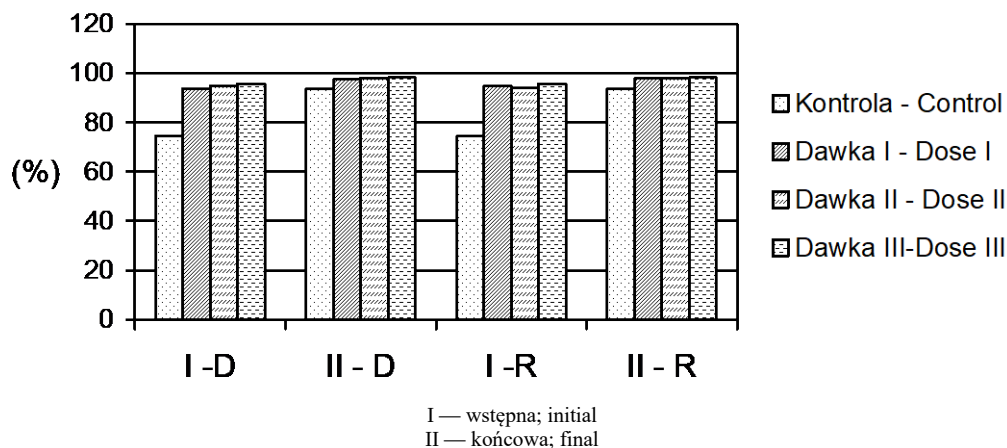
Badania prowadzono w warunkach laboratoryjnych, zgodnie z metodyką doświadczenia dwuczynnikowego w trzech powtórzeniach. Nasiona wysiewano do kuwet wyłożonych bibułą filtracyjną nasączoną wodą destylowaną i umieszczano w kielkowniku, w warunkach kontrolowanych (temperatura 22–24°C), w drugiej dobie od napromienienia. Oceniano zdolność kiełkowania zgodnie z metodyką zalecaną przez normy ISTA (1996), po czwartej i po ósmej dobie od założenia doświadczenia. Dla losowo wybranych siewek z każdego powtórzenia określano następujące cechy morfologiczne: długość korzonków zarodkowych, koleoptyli i nadziemnej części siewki. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie, wykonując analizę wariancji właściwą dla doświadczeń laboratoryjnych. Zastosowano test Duncana w celu wyodrębnienia grup jednorodnych.

WYNIKI

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała u 10 odmian pszenicy jarej istotne różnice między materiałem kontrolnym a napromieniowanym światłem lasera dla zdolności kiełkowania zarówno w pierwszym jak i drugim terminie (rys. 1). Drozd i wsp. (1996) stwierdzili w badaniach nad pszenicą podwyższenie zdolności kiełkowania w czwartej dobie średnio o 27%. Korzystny wpływ promieniowania lasera na zdolność kiełkowania stwierdzili również Vancura (1987) oraz Kasperovich i wsp. (1984).

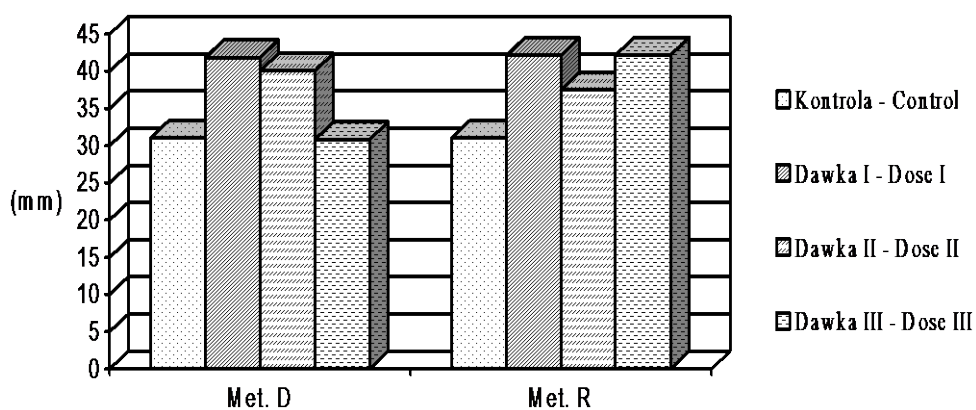
Analiza statystyczna długości koleoptyla wykazała jego istotne wydłużenie po zastosowaniu biostymulacji laserowej w stosunku do form kontrolnych (rys. 2). Kasperovich i wsp. (1984), Chernova (1989) obserwowali również stymulujący wpływ naświetlania promieniami lasera na długość koleoptyla u pszenic. Stwierdzono istotne zróżnicowanie odmian pszenicy jarej, dawek promieniowania oraz interakcję odmian z dawkami dla

długości korzonków zarodkowych. Istotny wpływ na tę cechę wywarła dawka D_1 powodując wydłużenie korzonków o 2,3 cm w stosunku do kontroli (rys. 3). Injuszin (1977) stwierdził, że światło lasera przyspiesza wzrost i rozwój podziemnej części rośliny.



Rys. 1. Zdolność kielkowania pszenicy (%)

Fig. 1. Wheat germination capacity (%)



Rys. 2. Długość koleoptyla pszenicy (mm)

Fig. 2. Wheat coleoptile length (mm)

Analiza wariancji długości nadziemnej części siewki u pszenic wykazała istotność różnicowania odmian i interakcję odmian z dawkami promieniowania. U trzech spośród 10 badanych odmian obserwowano istotne podwyższenie tej cechy po zastosowaniu naświetlania laserem (tab. 1). Stymulujący wpływ światła lasera na wzrost i rozwój siewek stwierdzili także w swoich badaniach Injuszin (1977) i Volodin i wsp. (1989).

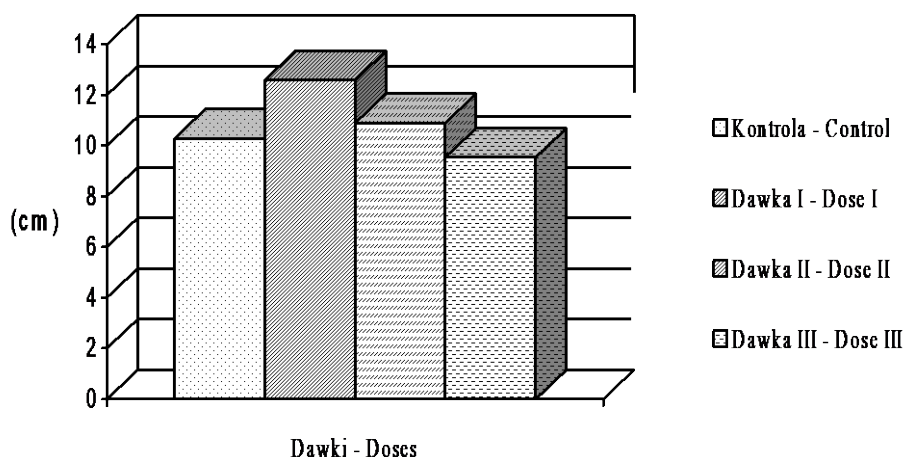
Tabela 1

Grupy jednorodne dla dawek — długość nadziemnej części siewki pszenicy (cm)
Homogeneous groups for doses — first leaf length (cm) of wheat seedling

Dawka Dose	Odmiany Cultivars							
	Banti		Hera		Omega			
Kontrola Control	22,05	B	14,63	B	15,40		B	
D ₁	25,28	A	19,15	A	16,84	A	B	
D ₂	16,89		16,93	A	18,82	A		
D ₃	22,67	A	18,84	A	16,71	A	B	

NIR = 3,05

LSD = 3.05

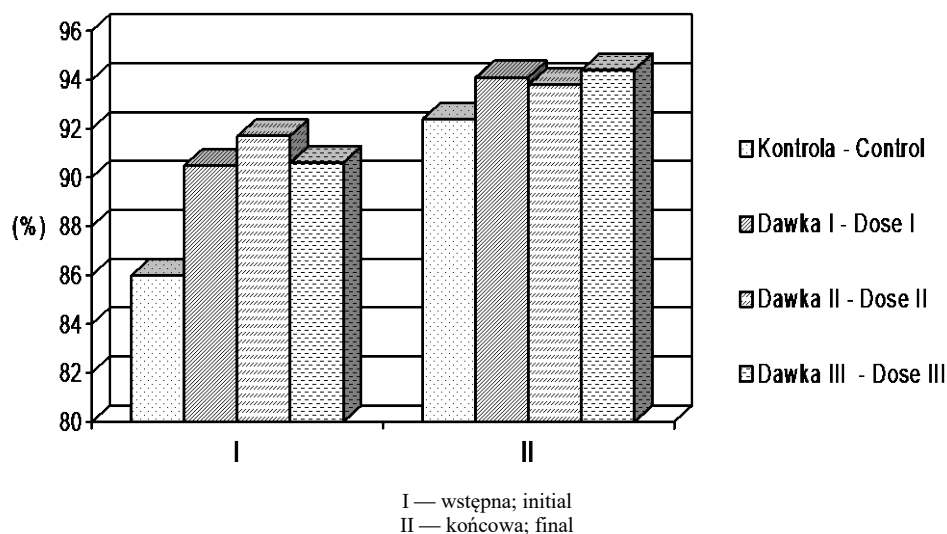


Rys. 3. Długość korzenia zarodkowego pszenicy (cm) — metoda D
Fig. 3. Wheat seminal root length (cm), method D

Wyniki badań dla odmian pszenżyta wykazują istotne podwyższenie zdolności kiełkowania w pierwszym terminie (o około 6%) po zastosowaniu biostymulacji laserowej. Podobnie dla zdolności kiełkowania w drugim terminie również obserwowano istotny wzrost wartości tej cechy (rys. 4).

Długość korzeni zarodkowych u odmian pszenżyta uległa zwiększeniu po zastosowaniu światła lasera, analiza statystyczna wykazała istotne zróżnicowanie odmian i dawek promieniowania. Każda z zastosowanych dawek podwyższyła wartość tej cechy w stosunku do kontroli, największy efekt obserwowano w przypadku dawki II (wydłużenie o 40,8 mm).

W przypadku długości koleoptyla stwierdzono istotność zróżnicowania odmian i dawek promieniowania. Najwyższy efekt osiągnięto po zastosowaniu dawki I, natomiast odmiana Migo charakteryzowała się najwyższymi wartościami tej cechy.



Rys. 4. Średnie wartości dla zdolności kiełkowania (%) — pszenżyta
Fig. 4. Mean values for germination capacity (%)

Analiza wariancji dla długości nadziemnej części siewki pozwoliła stwierdzić istotność zróżnicowania dawek promieniowania i interakcji dawek z odmianami pszenżyta. Wszystkie zastosowane dawki światła lasera spowodowały istotne wydłużenie nadziemnej części siewki w stosunku do kontroli (tab. 2).

Tabela 2

Grupy jednorodne dla dawek — długość nadziemnej części siewki pszenżyta (cm)
Homogeneous groups for doses — first leaf length of triticale (cm)

Dawki Doses	Długość nadziemnej części siewki First leaf length	
Kontrola Control	76,6	B
Dawka I Dose I	106,3	A
Dawka II Dose II	112,8	A
Dawka III Dose III	110,9	A

WNIOSKI

1. Uzyskane drogą przedśiewnej biostymulacji laserowej istotne podwyższenie zdolności kiełkowania w obu terminach obserwowano zarówno u odmian pszenicy jak i pszenżyta.
2. U obu badanych form światło lasera stymulowało wczesne fazy rozwojowe roślin, pozytywny efekt obserwowano tylko u 3 spośród 10 badanych odmian pszenicy,

- natomiast u wszystkich odmian pszenżyta stwierdzono wydłużenie korzenia, koleoptyla i nadziemnej części siewki.
3. Odmiana pszenżyta ozimego Presto zareagowała na promieniowanie laserowe wydłużeniem nadziemnej części siewki o ponad 100% w stosunku do kontroli.
 4. Porównując reakcje obu tych zbóż, można przypuszczać, że zastosowanie biostymulacji laserowej jest efektywniejsze u odmian pszenżyta niż pszenicy.

LITERATURA

- Chernova O. F. 1989. Possibility of modifying the mutagenic effectiveness of laser beams by the temperature conditions for storage of the irradiated seeds. Tezisy Dokladov, Kirov: 96 — 97.
- Drozd D., Szajnsner H., Koper R. 1996. Wpływ przedsiewnego naświetlania nasion pszenicy jarej na zdolność kiełkowania i długość koleoptyla. *Fragm. Agron.* s. 44 – 51.
- Injuszyn W. 1977. Technika laserowa w służbie rolnictwa. *Nowe Rolnictwo* 21/22: 21 — 26.
- Kasperovich V. L., Romanyuk G. G., Breshneva O. I., Selinova Y. I. 1984. Biostimulation of wheat grain with laser rays. *Referativnyj Zhurnal* 9G, 30: 25 — 29.
- Koper R. 1994. Urządzenie do przedsiewnej laserowej biostymulacji nasion metodą ich naświetlania nastawnymi dawkami energii. *Biuletyn UP* nr 9.
- Koper R., Dygdała Z. 1993. Urządzenie do obróbki przedsiewnej nasion promieniowaniem laserowym. *Wiad. Urzędu Patentowego* nr 12.
- Międzynarodowe Przepisy Oceny Nasion (ISTA), 1996.
- Tarkowski C. 1989. *Biologia pszenżyta*. PWN, Warszawa.
- Vancura J. 1987. Laser equipment in agriculture. *Mechanizace — zemedelstvi, Brno*, 37 (11): 495 — 499.
- Volodin V. G., Avramenko B. I., Vanakh P. V. 1989. Genetic instability of laser mutations of wheat. Tezisy Dokladov, Kirov: 63 — 64.

ELŻBIETA MALUSZYŃSKA¹ZBIGNIEW LAUDAŃSKI^{1,2}¹ Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa IHAR Radzików² Katedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa, SGGW

Wpływ wybranych czynników i cech geometrycznych ziarniaków na porastanie pszenżyta ozimego*

The effect of some factors and kernel geometric features on sprouting of triticales

W latach 1998–2000 prowadzono reprodukcję dwóch odmian pszenżyta ozimego. Badano drugą, trzecią i czwartą generację oraz kontrolę (materiał wyjściowy wysiewany każdego roku). Oznaczono procentowy udział nasion porośniętych, masę tysiąca nasion, masę hektolitra, liczbę ziarniaków w 1 g i dorodność. Ponadto oznaczono cechy geometryczne: długość, szerokość i grubość 300 ziarniaków z każdej kombinacji. Udział nasion porośniętych zależał tylko od roku zbioru, to jest temperatury i opadów w czasie dojrzewania ziarna. Nie stwierdzono zależności pomiędzy udziałem nasion porośniętych i stopniem rozmnożenia oraz cechami geometrycznymi i parametrami jakości, takimi jak: masa tysiąca nasion, dorodność i masa hektolitra.

Słowa kluczowe: cechy geometryczne, porastanie, pszenżyto, ziarniak

The multiplication of two triticales varieties was carried out in the years 1998–2000. The 2nd, 3rd and 4th generations and the control (initial material sown every year) were investigated. The following features were determined: percentage of sprouted seeds, weight of thousand seeds, test weight, number of seeds per one gram, accuracy and geometric features: length, width and thickness of a kernel. The presence of sprouted seeds depended on a year of harvest, in particular on temperature and rainfall during the maturation time. No correlation was found between the presence of sprouted seeds and generation, geometric features of kernels, weight of 1000 seeds, test weight and accuracy.

Key words: geometric features, kernel, sprouting, triticales

WSTĘP

Porastanie pszenżyta ozimego może być problemem w produkcji nasiennej tego gatunku. Dotychczasowe doniesienia na temat reprodukcji wskazywały na liniowe obniżanie się plonu ziarna w niższych stopniach odsiewu (Piech i in., 1991). W dostępnej literaturze nie ma informacji na temat udziału nasion porośniętych w kolejnych gene-

* Praca została wykonana w ramach grantu KBN nr 5 P06B 049 15

racjach pszenżyta oraz ewentualnych zależności tej cechy od właściwości nasion. Podjęto badania w celu wyjaśnienia tego zagadnienia.

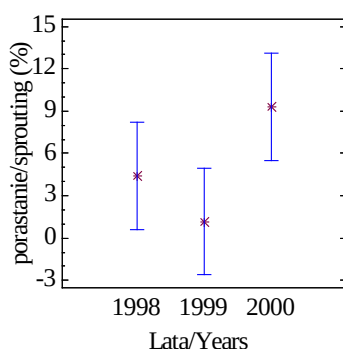
MATERIAŁ I METODY

W latach 1998–2000 prowadzono reprodukcję dwóch odmian pszenżyta ozimego (Bogo i Presto) w trzech punktach badawczych (Lublin, Olsztyn, Sandomierz). Badano drugą, trzecią i czwartą generację oraz kontrolę, którą był materiał wyjściowy przechowywany w Banku Genów i wysiewany corocznie. Oznaczono procentowy udział nasion porośniętych w wg PN-R-65950 (1994), masę tysiąca nasion oraz masę hektolitra, liczbę ziarniaków w 1 g i dorodność według wzoru Lityńskiego (1982). Ponadto oznaczono cechy geometryczne: długość, szerokość i grubość 300 ziarniaków z każdej kombinacji.

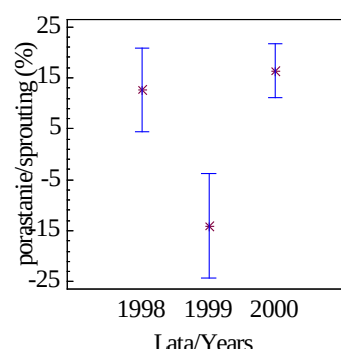
Dla porównania udziału nasion porośniętych w zależności od generacji i odmiany wykonano analizę wariancji i kowariancji z uwzględnieniem temperatury i opadów w miesiącach lipiec–sierpień w latach 1998–2000. Dla pozostałych cech w analizie kowariancji uwzględniono warunki meteorologiczne od maja do końca sierpnia i od początku lipca do końca sierpnia.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza kowariancji wykazała, że udział nasion porośniętych w próbach zależał tylko od warunków meteorologicznych w danym roku. Stwierdzono wysoko istotny wpływ temperatury i opadów w czasie dojrzewania ziarna, to jest w lipcu i sierpniu. Na rysunku 1 przedstawiono zróżnicowanie pomiędzy latami pod względem udziału nasion porośniętych na podstawie średnich rzeczywistych i średnich poprawionych regresją. Rok 1999 był rokiem o stosunkowo niskich opadach w miesiącach letnich i pod względem tej cechy wyróżniał się na tle pozostałych lat. Reakcja obu odmian w kontroli każdego roku była podobna. W reprodukcji w roku 2000 (czwarta generacja) w stosunku do roku poprzedniego dało się zauważyć wyraźniejsze zróżnicowanie pomiędzy odmianami pod względem badanej cechy i to zarówno na podstawie średnich rzeczywistych, jak i średnich poprawionych regresją (rys. 2). W ostatnim roku badań stwierdzono większe porastanie w odmianie Bogo niż w Presto. Przypuszczalnie było to spowodowane większym wpływem warunków pogodowych, a nie kolejnym rozmnożeniem. W wyniku dużych opadów w lipcu i sierpniu 2000 roku stwierdzono dużo nasion porośniętych, zwłaszcza w Lublinie i Olsztynie (rys. 3). Odmiana Bogo jest opisywana jako mało odporna na porastanie, co potwierdziły także niniejsze badania (Jaśkiewicz, Zych, 2002). Jednakże większość prób spełniała wymagania zawarte w standardach jakości dla materiału siewnego, czyli udział nasion porośniętych nie przekraczał 5% (Dziennik Ustaw RP nr 108, 2001). Zgodnie z opisem odmiany w COBORU Presto charakteryzuje się dość małą odpornością na porastanie w kłosach i średnią liczbą opadania (Jaśkiewicz, Zych 2002). Natomiast w charakterystyce stanu plantacji nasiennych pszenżyta wykazano, że Presto odznaczało się słabym porastaniem w kłosach (Grzelak i in., 1997).

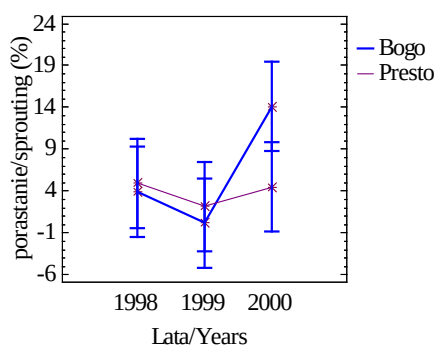


a) przedziały ufności dla średnich rzeczywistych
confidence intervals for real means

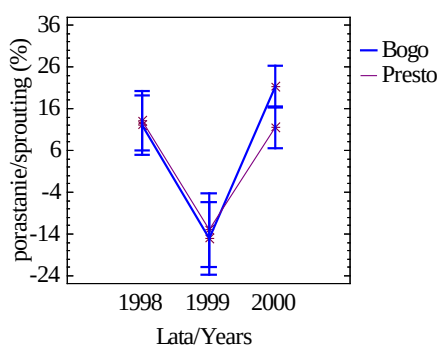


b) przedziały ufności dla średnich poprawionych regresją
confidence intervals for means corrected by regression

Rys. 1. Zróżnicowanie między latami pod względem udziału nasion porośniętych
Fig. 1. Differentiation between the years in respect of the share of sprouting kernels



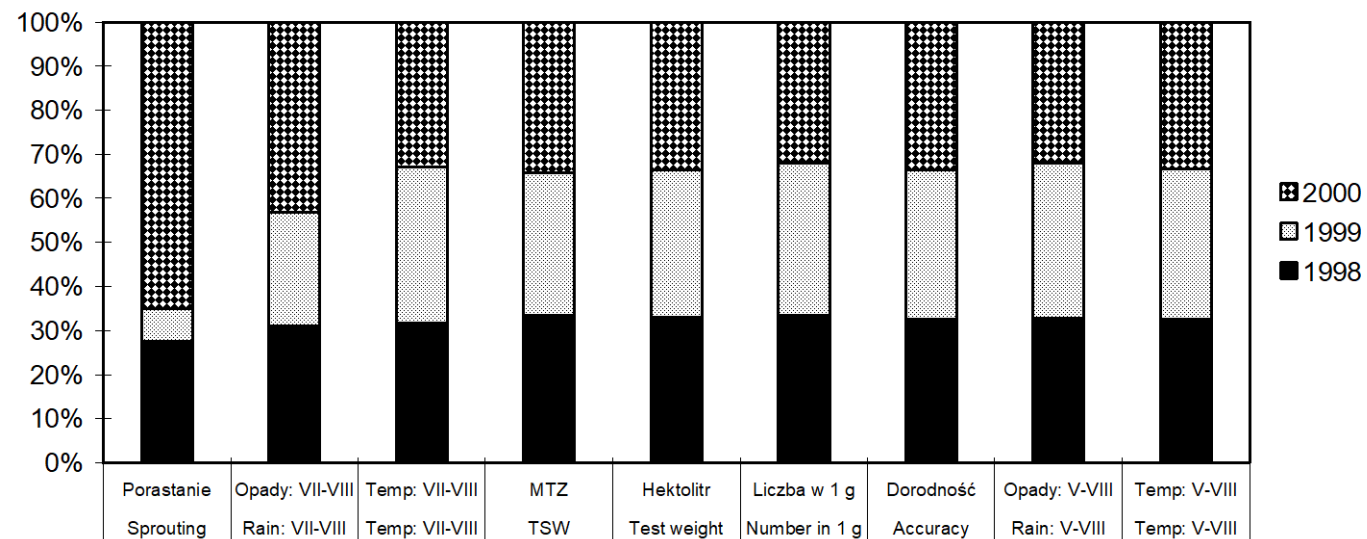
c) przedziały ufności dla średnich rzeczywistych
confidence intervals for real means



d) przedziały ufności dla średnich poprawionych regresją
confidence intervals for means corrected by regression

Rys. 2. Udział nasion porośniętych u badanych odmian w latach badań
Fig. 2. The share of sprouted kernels of the investigated cultivars in the years of harvest

Według Moś (1994) mechanizm porastania jest zjawiskiem złożonym, uzależnionym od wielu czynników, które są trudne do prawidłowej oceny. W niniejszych badaniach poszukiwano zależności pomiędzy porastaniem i pozostałymi cechami, w tym cechami geometrycznymi nasion. Wartości współczynników korelacji pomiędzy długością i szerokością ziarniaka, a porastaniem były różne w zależności od roku zbioru. Na podstawie trzyletnich badań nie można w pełni stwierdzić zależności pomiędzy tymi cechami.



Rys. 3. Zestawienie udziału wartości średnich analizowanych cech i warunków meteorologicznych w trzyleciu
 Fig. 3. Composition of share of mean value features and weather conditions in the three years

Masa tysiąca nasion zależała tylko od odmiany. Nie stwierdzono różnicy pomiędzy kontrolą i reprodukcją ani istotnych różnic tej cechy w latach badań (rys. 3). W kolejnych generacjach masa tysiąca nasion nie zmniejszała się. Natomiast Krzymuski (1994) na podstawie doświadczeń odmianowych i z gospodarstw prywatnych wskazuje na znacznie niższe wartości w dalszych rozmnożeniach. Także w produkcji nasiennej pszenżyta w latach 1987–1989 obserwowano obniżanie się masy tysiąca nasion (Małuszyńska, 1993). Parametry opisujące wypełnienie ziarna, czyli masa hektolitra i liczba nasion w 1 g wykazywały podobne tendencje jak masa tysiąca nasion (rys. 3). Masa hektolitra i dorodność zależały również tylko od odmiany. Dorodność nasion jest cechą świadczącą o wykształceniu i zależną od masy nasion. W sprzyjających warunkach pogodowych powstają nasiona dobrze wypełnione — dorodne. Jeśli warunki tworzenia się nasion są niesprzyjające, powoduje to ograniczenie wymiarów nasienia, zmniejszenie ciężaru i deformację okrywy owocowo-nasiennej widocznej jako pomarszczenie. Powstają nasiona mniej dorodne, czasem zdrobniałe tak zwany pośląd. Analiza wariancji wykazała brak istotnego zróżnicowania dorodności ziarna pomiędzy kombinacjami, a także latami badań (rys. 3). Średnie wartości dorodności wynosiły dla reprodukcji 66,98%, a dla kontroli 66,95%. We wcześniejszych badaniach spośród ośmiu odmian pszenżyta najwyższą dorodność ziarna stwierdzono u odmiany Presto (Małuszyńska, 1993). Jednakże tam dorodność nie określano za pomocą wzoru Lityńskiego (1982), ale w oparciu o cztery cechy jakości nasion.

Analiza zależności cech geometrycznych nasion pochodzących z kontroli i reprodukcji wskazuje na nieznaczne zróżnicowanie pomiędzy kombinacjami (tab. 1).

Tabela 1

Wartości współczynników korelacji pomiędzy cechami geometrycznymi nasion w zależności od kombinacji
The value of correlation coefficients between the geometric features of kernels, depending on combination

Cechy geometryczne ziarniaków Geometric features of kernels	Kombinacja Combination					
	kontrola control			reprodukcja reproduction		
	rok year			rok year		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000
długość × szerokość length × width	0,62 *	0,68 *	0,67 *	0,57 *	0,70 *	0,67 *
długość × grubość length × thickness	0,62 *	0,73 *	0,69 *	0,63 *	0,75 *	0,67 *
szerokość × grubość width × thickness	0,65 *	0,80 *	0,80 *	0,64 *	0,80 *	0,82 *

* Istotne przy $p = 0,05$

* Significant at $p = 0.05$

Świadczy to o znacznej stabilności rozmiarów ziarniaków. Najwyższe wartości współczynników korelacji uzyskano dla cech: szerokość i grubość ziarniaka, co potwierdza opinię Lityńskiego (1982), że istnieje współzależność, im ziarniaki są szersze tym grubsze.

Analiza wariancji wykazała, że długość i szerokość ziarniaka zależała od roku zbioru i odmiany, a grubość tylko od roku zbioru.

WNIOSKI

1. Porastanie ziarna pszenżyta zależało od wielu czynników. Temperatura powietrza i opady deszczu w lipcu i sierpniu, w latach badań, miały wysoko istotny wpływ na występowanie ziarniaków porośniętych.
2. Nie stwierdzono zależności pomiędzy udziałem nasion porośniętych i stopniem rozmnożenia, cechami geometrycznymi nasion oraz parametrami jakości, takimi jak: masa tysiąca nasion, dorodność, masa hektolitra.

LITERATURA

- Dziennik Ustaw RP nr 108, Warszawa 2001.
- Grzelak K., Małuszyńska E., Traczyk Z., Laudański Z. 1997. Ocena plantacji nasiennych pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittm.) w latach 1987–1989. Biul. IHAR 203: 123 — 136.
- Jaśkiewicz B., Zych J. 2002. Charakterystyka i technologia uprawy odmian pszenżyta ozimego. Opracowanie IUNG, IHAR i COBORU. Wyd. IHAR Radzików.
- Krzymuski J. 1994. Optymalizacja częstotliwości wymiany odmian i nasion zbóż. Część 4. Degradacja nasion. Biul. IHAR 189: 141 — 149.
- Lityński M. 1982. Biologiczne podstawy nasiennictwa. PWN, Warszawa.
- Małuszyńska E. 1993. Dorodność ziarna pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittm.). Biul. IHAR 186: 45 — 55.
- Moś. M. 1994. Porastanie pszenżyta ozimego. Zesz. Nauk. AR w Krakowie, Rozprawy nr 195.
- Piech M., Stankowski S., Mikulski W., Poznański M. 1991. Wpływ stopnia odsiewu na plonowanie pszenżyta ozimego odmiany Grado. Biul. IHAR 180: 5 — 12.
- Polska Norma: 1994 PN-R-65950 Materiał siewny — metody badania nasion.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy składają podziękowanie Panu prof. dr. hab. Szymonowi Dziambie, Panu dr. Jackowi Kwiatkowskiemu i Panu dr. Krzysztofowi Klimontowi za wykonanie doświadczeń polowych i dostarczenie prób nasion do badań.

WANDA KOCIUBA

Instytut Genetyki i Hodowli Roślin Akademia Rolnicza, Lublin

Ocena średnich i stabilności cech plonotwórczych w kolekcji genotypów pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittmack)

Estimation of average values and stability parameters for yielding features in collection of winter triticale (*X Triticosecale* Wittmack) genotypes

Materiał badawczy stanowiła populacja 565 odmian i rodów pszenżyta ozimego badanych w latach 1982–1990, w 4-letnim cyklu jednopowtórzeniowych doświadczeń polowych. Oszacowano parametry stabilności dla takich cech jak: wysokość roślin, liczba i masa ziarn z kłosa, masa 1000 ziarn oraz ogólna zawartość białka w ziarnie, według metodyki opracowanej przez Eberharta i Russela (1966). Każdy genotyp w przedstawionych badaniach oceniany był na podstawie średniej wartości cechy, współczynnika regresji (b_i) i średniego kwadratu odchylen od regresji (S^2d_i). Reakcję genotypów w latach interpretowano poprzez regresję liniową analizowanych obiektów względem efektów środowiska, co przedstawiono w układzie współrzędnych określających średnie wartości genotypów (y_{ij}) i ich współczynniki regresji (b_i). Zastosowana analiza regresji pozwala na wybór genotypów, u których średnia wartość danej cechy w latach jest wysoka, zaś wartość tej cechy jest mało zmienna w latach uprawy. Badana populacja pszenżyta ozimego charakteryzuje się dużą różnorodnością genotypów, tak co do średnich wartości badanych cech, jak i reakcji na zmieniające się warunki pogodowe w latach. Cenne są zatem genotypy o wysokim i stabilnym poziomie ważnych cech plonotwórczych jak: masa ziarn z kłosa, MTZ czy zawartość białka w ziarnie. Mogą zatem stanowić cenny materiał wyjściowy dla hodowli odmian o wiernym plonie i dobrej jego jakości.

Słowa kluczowe: cechy plonotwórcze, pszenżyto ozime, stabilność, zmienność

The examined material consisted of a population of 565 varieties and strains of winter triticale analysed over the years 1982–1990 in a four-year-cycle of one-replicated field experiments. Stability parameters were established for the following features: plant height, number and weight of grain per spike, 1000 grain weight and total protein content in grain, in accordance with the methodology prepared by Eberhart and Russel (1966). Each genotype in the presented study was assessed on the basis of the average value of the feature, the regression coefficient (b_i), and the mean-square of deviation from regression (S^2d_i). The reaction of the genotypes over the years was interpreted by means of the linear regression of the analysed objects in relation to the environmental effects; it has been presented in the system of coordinates referring to the mean values of the genotypes (y_{ij}) and their regression coefficients (b_i). The applied analysis of regression enables the choice of genotypes in which the average value in years is high for a particular feature and does not change much in cultivation years. The examined population of winter triticale has been characterised by a great variety of genotypes, both in relation to the analysed features and to the reaction to changing weather conditions over the years of

study. The genotypes with a high and stable level of important features such as weight of grain per spike, weight of 1000 grains or protein content in grain prove to be valuable. Therefore they can become a precious starting material for breeding of varieties characterized by steady yield and good quality.

Key words: yielding features, winter triticale, stability, variability

WSTĘP

Hodowcy zainteresowani są poszukiwaniem genotypów stabilnych o szerokim zakresie możliwości adaptacyjnych, zwłaszcza dotyczących plonu i jego jakości. Stąd pożądane jest, aby ocena genotypu była wszechstronna, a więc powinna ujmować zarówno średni potencjał plonotwórczy, jak i stabilność cech plonotwórczych. W badaniach tego rodzaju szerokie zastosowanie znalazła metoda wykorzystująca regresję wartości fenotypowych cech poszczególnych genotypów względem indeksu środowiskowego. Za indeks środowiskowy przyjmuje się średnią obserwacji cechy ze wszystkich obiektów czyli średnie środowiskowe lub jej odchylenie od średniej ogólnej obliczonej dla danego eksperymentu (Finlay i Wilkinson, 1963; Allard i Bradshaw, 1964; Eberhard i Russell, 1966; Jowett, 1972; Dawidowski i in., 1983; Simmonds, 1987; Becker i Leon, 1988; Węgrzyn, 1989).

Celem pracy była ocena średniej wartości cech plonotwórczych oraz reakcja ich na zmieniające się warunki środowiskowe, w tym opracowaniu zmienne warunki pogodowe w latach.

MATERIAŁ I METODY

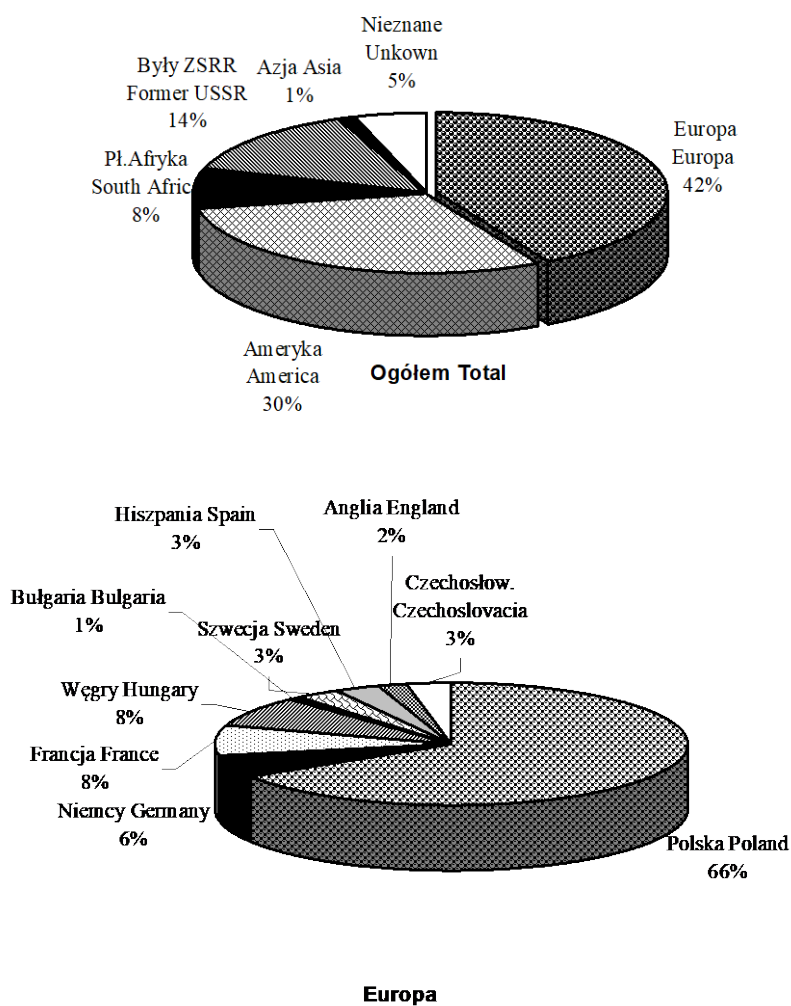
Materiał badawczy stanowiły odmiany i rody hodowlane heksaploidalnego pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittmack) pochodzące z różnych rejonów geograficznych świata (rys. 1)

Analizowane genotypy pszenżyta ozimego pochodziły z krajowych i zagranicznych ośrodków hodowli pszenżyta, jak również ze światowych banków genów, otrzymane drogą wymiany międzynarodowej. Ze względu na szeroko rozwinięte prace hodowlane nad pszenżytem w Polsce, znaczny udział badanych genotypów heksaploidalnego pszenżyta ozimego stanowiły materiały krajowe (26,5% ogółem, a w odniesieniu do krajów europejskich 66%, (rys. 1). Ogółem badano 565 obiektów w latach 1982–1990, co przedstawiono w tabeli 1 podając liczebność badanych form w 4-letnim cyklu badań.

Tabela 1

Liczba badanych genotypów w latach
Number of the examined genotypes in the years

Lata badań Years	Liczba genotypów Number of genotypes	Lata badań Years	Liczba genotypów Number of genotypes
1982–1985	40	1985–1988	42
1983–1986	279	1986–1989	12
1984–1987	132	1987–1990	60
Ogółem Total			565



Rys. 1. Procentowy udział badanych genotypów w zależności od pochodzenia geograficznego
Fig. 1. Percentage of the examined genotypes depending on the geographic origin

Wszystkie analizowane obiekty pszenżyta ozimego wysiewane były w jednopowtórzeniowych doświadczeniach polowych, zakładanych na glebie brunatnej o podłożu lessowym, w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym w Czesławicach k/Nałęczowa, woj. lubelskie. Badane formy wysiewano na poletkach o powierzchni 2 m², na których stosowano siew ręczny, przy rozstawie rzędów 20 cm i odległości roślin w rzędzie 1,5 do

2 cm. Na każdym poletku wysiewano po 625 ziarn. Ziarno do wysiewu pochodziło z własnej reprodukcji uzyskanej w wyniku izolowania roślin, ze względu na częściową obcopylność pszenżyta. Do pomiarów biometrycznych przeznaczono rośliny w stadium dojrzałości pełnej. Corocznie wybierano po 20 roślin ze środkowych rzędów poletka, typowych dla każdego obiektu. Ujmując sumarycznie, w czteroletnim cyklu badań dokonano pomiarów 80 roślin dla każdego genotypu. Przedstawione wyniki dotyczą pomiarów ważniejszych cech plonotwórczych jak: wysokość roślin, liczba i masa ziarn z kłosa głównego, MTZ oraz dodatkowo podano zawartość białka w ziarnie.

Wstępne opracowanie statystyczne przeprowadzono za pomocą analizy wariancji dla poszczególnych cech na podstawie modelu losowego dla dwukierunkowej klasyfikacji (lata $\times$ genotypy). W odniesieniu do wszystkich cech stwierdzono istotne zróżnicowanie badanego materiału przy $\alpha = 0,05$. Oszacowano parametry stabilności według metodyki opracowanej przez Eberharta i Russela (1966), a także wcześniejszego opracowania Finlaya i Wilkinsona (1963). Przyjęto następujący model Eberharta i Russela:

$$Y_{ij} = \mu_i + b_i I_j + \delta_{ij}$$

gdzie:

Y_{ij} — jest średnią i -tego genotypu w j -tym środowisku

($i = 1, 2, \dots, v$; $j = 1, 2, \dots, n$)

μ_i — jest średnią i -tego genotypu ze wszystkich środowisk

b_i — współczynnik regresji, który mierzy reakcję cechy i -tego genotypu na zróżnicowane warunki środowiska

δ_{ij} — odchylenie od regresji i -tego genotypu w j -tym środowisku

I_j — indeks środowiskowy, czyli różnica między średnią wszystkich genotypów w j -tym środowisku, a ogólną średnią dla całego eksperymentu.

Pod pojęciem „środowisko” przyjęto w niniejszym opracowaniu lata badań, traktując je jako zróżnicowane układy warunków pogodowych. Reakcję genotypów w latach interpretowano za pomocą regresji liniowej analizowanych obiektów względem efektów środowiska, co przedstawiono na rysunkach w układzie współrzędnych określających średnie wartości genotypów (y_{ij}) i ich współczynniki regresji (b_i). Wartość współczynników regresji powinna rozkładać się wokół średniej $b = 1$. Odmiana o stabilnym poziomie określonej cechy, w małym stopniu reagująca na czynniki środowiska ma nachylenie linii regresji łagodne ($b < 1$), a silnie reagująca, niestabilna ma nachylenie linii regresji strome ($b > 1$).

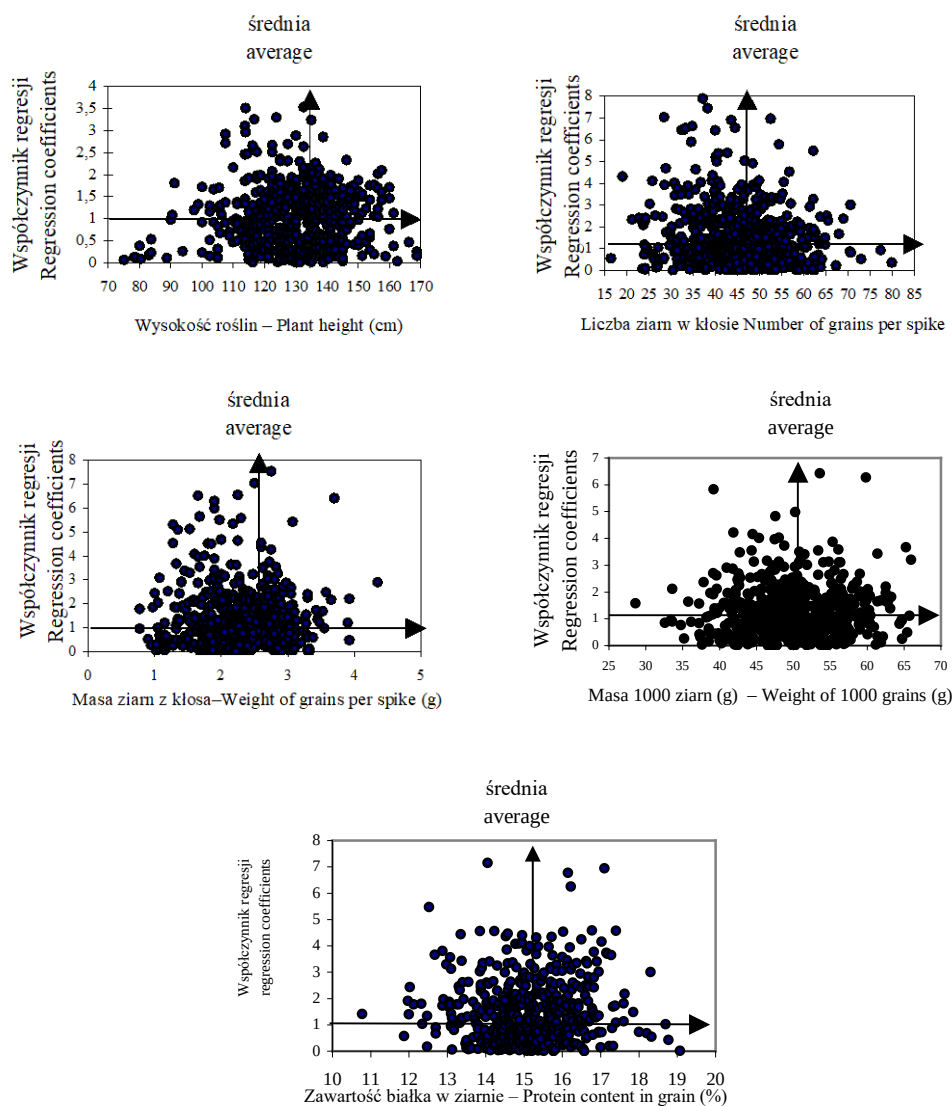
Eberhart i Russell (1966) wprowadzili ponadto drugi parametr stabilności, a mianowicie średni kwadrat odchylen od regresji ($S^2 d_j$). Każdy genotyp w przedstawionym opracowaniu oceniany był zatem, na podstawie średniej wartości cechy, współczynnika regresji (b_i) i średniego kwadratu odchylen od regresji ($S^2 d_i$).

WYNIKI I DYSKUSJA

W badaniach własnych stwierdzono istotny wpływ lat i interakcji genotyp $\times$ lata na poziom badanych cech pszenżyta ozimego. Głównym czynnikiem różnicującym środo-

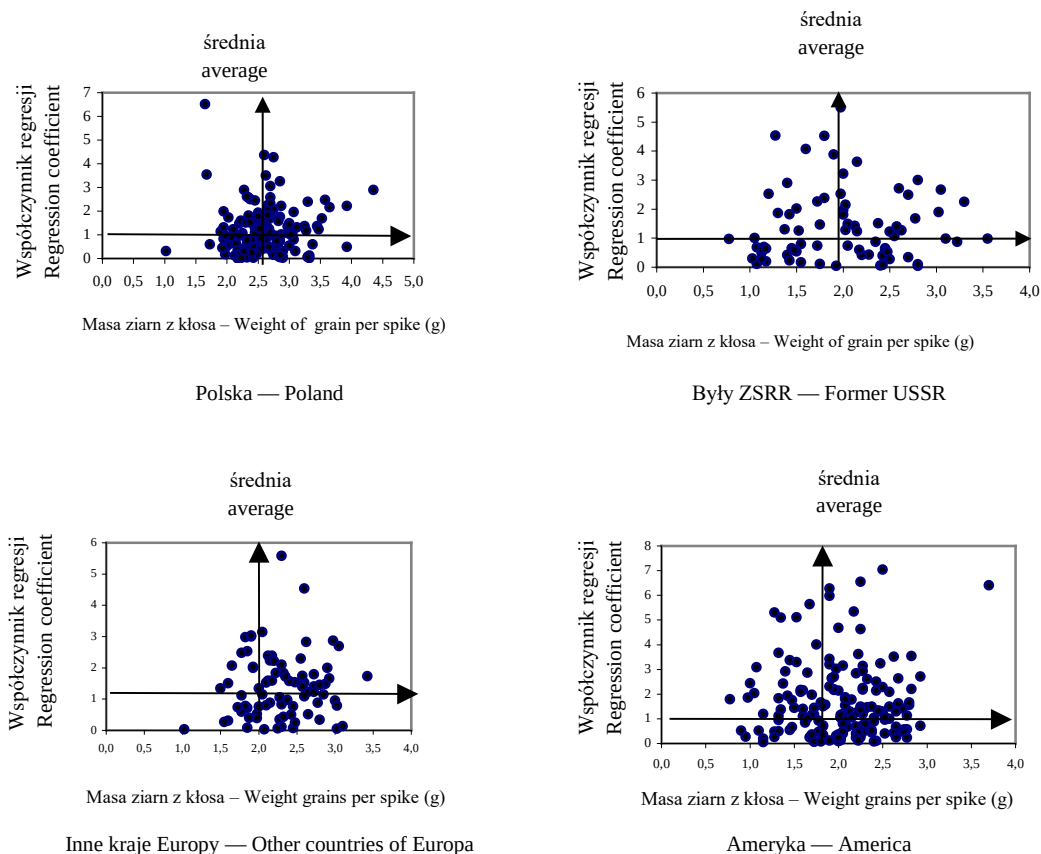
wisko w prezentowanej pracy były warunki atmosferyczne w poszczególnych latach badań.

Na rysunku 2 przedstawiono rozkłady genotypów w zależności od współczynnika regresji i średnich wartości badanych cech.



Rys. 2. Rozkład 565 genotypów pszenżyta ozimego w zależności od średniej i współczynnika regresji dla wysokości roślin, liczby i masy ziarn z kłosa, masy 1000 ziarn oraz zawartości białka w ziarnie
Fig. 2. Distribution of 565 triticale genotypes depending on mean and regression coefficient for plant height, number and weight of grains per spike, weight of 1000 grains and protein content in grain

Linie poziomą wyznaczono dla współczynnika regresji $b_i = 1,0$, zaś linię pionową wyprowadzono dla średniej ogólnej obliczonej dla badanej populacji pszenżyta ozimego. Z hodowlanego punktu widzenia najbardziej interesujące są genotypy, dla których średnie wartości badanych cech są wysokie np. dla liczby i masy ziarn z kłosa, czy masy 1000 ziarn oraz zawartości białka w ziarnie, czyli powyżej średniej ogólnej dla całej badanej populacji, natomiast wartość współczynnika regresji powinna być poniżej 1,0.



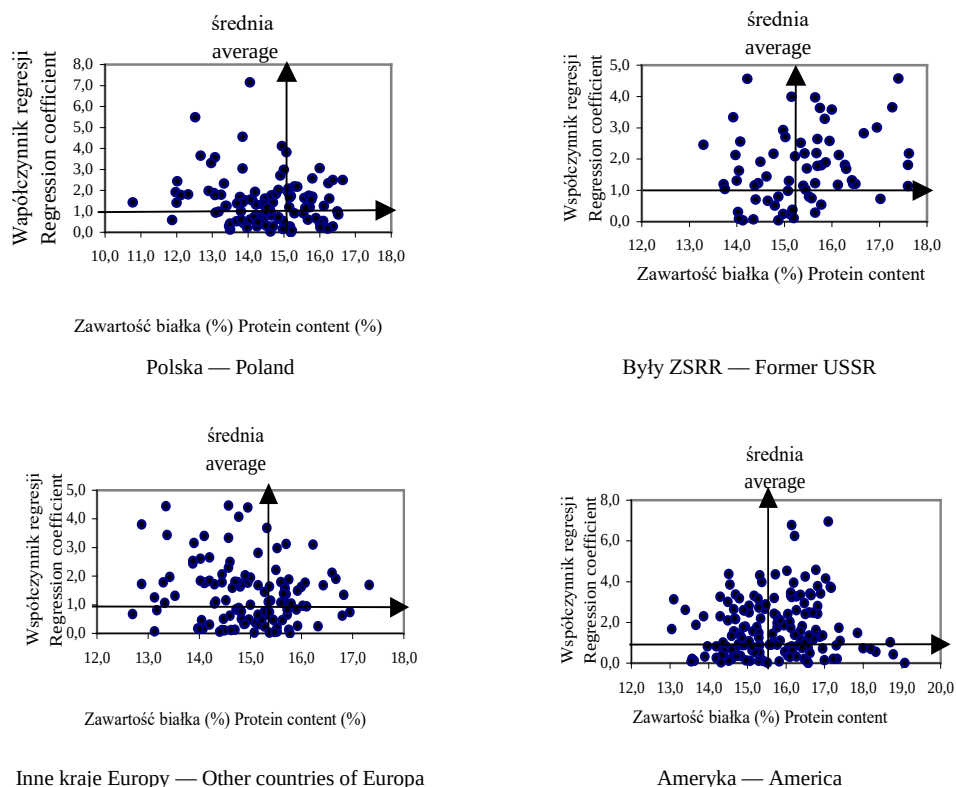
Rys. 3. Rozkład badanych genotypów pszenżyta ozimego o różnym pochodzeniu w zależności od średniej i współczynnika regresji dla masy ziarn z kłosa

Fig. 3. Distribution of the examined genotypes of winter triticale with different origin depending on average and regression coefficient for weight of grain per spike

Wartość współczynnika regresji poniżej 1,0 wskazuje na stabilność danego genotypu, czyli w tym przypadku genotyp ma wartość danej cechy podobną w dobrych i gorszych środowiskach. Wartość współczynnika regresji wyraźnie większa od jedności oznacza, że genotyp taki bardziej reaguje na „środowisko”.

W badanej populacji odmian pszenżyta ozimego, jak widać z przedstawionych rozkładów występują genotypy, które odznaczają się odpowiednio wysokimi lub niskimi średnimi wartościami każdej analizowanej cechy oraz relatywnie małymi lub dużymi współczynnikami regresji (b_i). Z uwagi na to, iż badania kolekcyjne prowadzone są w określonych warunkach środowiska (lata badań) interesujące będą takie odmiany, które niezależnie od warunków pogody będą miały zawsze wysoki i stabilny poziom określonej cechy plonotwórczej.

Na rysunku 3 przedstawiono rozkład masy ziarn z kłosa w zależności od średniej i współczynnika regresji dla genotypów z ważniejszych rejonów pochodzenia analizowanych obiektów pszenżyta. Większość rodów i odmian krajowych ma wartość masy ziarn z kłosa powyżej średniej i współczynnik regresji poniżej 1,0.



Rys. 4. Rozkład badanych genotypów pszenżyta ozimego o różnym pochodzeniu w zależności od średniej i współczynnika regresji dla zawartości białka w ziarnie
Fig. 4. Distribution of the examined genotypes of winter triticale of different origin depending on average and regression coefficient for protein content in grain

Mniej korzystny rozkład tych parametrów jest dla obiektów pochodzących z byłego terenu ZSSR. Znaczna część genotypów pochodzących z Ameryki wykazuje w naszych

warunkach mniejszą stabilność pod względem masy ziarn kłosa (rys. 3), zaś pod względem zawartości białka w ziarnie większość z nich ma wartości powyżej średniej i współczynnik regresji poniżej 1,0 (rys. 4) Warto nadmienić, iż przydatność dla rolnictwa odmian stabilnych jest w literaturze dyskutowana. Odmiana stabilna nie reaguje, bądź w małym stopniu reaguje na zmiany warunków środowiska, biorąc pod uwagę plon oznaczałoby to, że taka odmiana plonuje na zbliżonym poziomie niezależnie czy warunki środowiska są dobre, czy gorsze. Przy testowaniu odmian o wysokim potencjale plonotwórczym, zwłaszcza do rejonów o wysokim poziomie agrotechniki, najbardziej interesujące byłyby odmiany reagujące zwiększonym poziomem plonowania na lepsze „środowiska” np. podwyższenie dawki nawożenia, nawadnianie itp., a więc odmiany labilne (Pietrzykowski i in., 1996; Finlay i Wilkinson, 1963; Jowett, 1972; Hill, 1975; Josephides, 1993). Natomiast w przypadku badań kolekcyjnych zawsze będą interesujące genotypy o wysokim i stabilnym poziomie przydatnej dla hodowcy cechy, o czym wspomniano wcześniej.

W tabeli 2 podano przykładowo obiekty stabilne i niestabilne, czyli o niskich i wysokich parametrach stabilności dla masy ziarn z kłosa. Wybrane obiekty mają średnią tej cechy powyżej średniej ogólnej, genotypy stabilne szeroko adaptujące się w warunkach naszego kraju. Natomiast genotypy niestabilne w dużym stopniu i nieregularnie reagują na zmianę czynników pogodowych, pomimo wysokiej masy ziarn z kłosa. Dwa różne aspekty stabilności wyrażone przez współczynnik regresji b_i i średni kwadrat odchyłeń od regresji nie są ze sobą skorelowane (Becker, 1981; Pietrzykowski i in., 1996). Oznacza to, że genotyp o określonej przeciętnej stabilności mierzonej za pomocą współczynnika regresji b_i może być przewidywany w reakcji na środowisko ($S^2d_i \approx 0$), oraz ta reakcja może być nieprzewidywalna ($S^2d_i > 0$). Tę zależność można odnieść również do przykładów przedstawionych w tabeli 2.

Tabela 2

Wybrane przykładowo genotypy o wysokich i niskich parametrach stabilności dla masy ziarn z kłosa
Examples of genotypes with high and low parameters of stability for weight of grain per spike

Ród Strain	Kraj pochodzenia Origin	Masa ziarn z kłosa (g) w kolejnych latach badań Weight of grain per spike in years				Średnia dla odmiany Average for cultivar	Średnia dla populacji Average for population	bi	S ² di
		I	II	III	IV				
		stabilne stable							
VIR 49936	UKR	2,6	2,6	2,7	2,9	2,7	2,56	0,337	0,087
CZR-516	POL	2,8	2,8	2,9	2,9	2,85	2,56	0,088	0,087
MAH 7226/855	POL	2,8	2,8	3	3	2,9	2,7	0,027	0,040
0-1-1-5 (T504xT847)	FRA	2,9	2,9	2,8	2,6	2,8	2,56	0,337	0,087
niestabilne unstable									
CZR-151	POL	3,1	3,5	4,8	6	4,3	2,56	2,898	1,184
6221 M51M	ZAF	4,1	2,2	2,2	3,9	3,1	2,1	1,662	3,803
UC-108	USA	5	1,2	1,4	1,3	2,2	2,1	3,613	6,593
A-617	CAN	0,7	5	2,6	0,7	2,25	2,1	6,544	6,268

Przykładem niestabilności dla poziomu masy ziarn z kłosa może być krajowy ród CZR-151, który mimo bardzo wysokiej średniej (4,3 g), znacznie przewyższającej średnią dla populacji (2,56 g), miał prawie dwukrotnie większe wartości tej cechy w kolejnych latach badań (wahania od 3,1 g do 6,0 g). Stąd obliczony współczynnik regresji ($b_i = 2,898$) i średni kwadrat odchyłeń od regresji ($S^2d_i = 1,184$) są wysokie dla tego rodu. Znacznie większe różnice w poziomie masy ziarn z kłosa w kolejnych latach badań odnotowano dla kanadyjskiego rodu A-617. Średnia wartość masy ziarn z kłosa wahała się od 0,7g do 5,0 g w zależności od roku, toteż współczynnik regresji ($b_i = 6,544$) jest wysoki jak i średni kwadrat odchyłeń od regresji ($S^2d_i = 6,268$). Wartość masy ziarn z kłosa dla rodów, podanych w tabeli 2 jako stabilne, jest mało zróżnicowana w latach badań. Stąd niskie wartości i współczynniki regresji i średniego kwadratu odchyłeń od regresji. Podane tu przykłady świadczą również o tym, że dysponowanie jedynie średnią wartością cechy jest niewystarczające przy wyborze materiału wyjściowego do lokalnych programów hodowlanych. Analiza regresji może w takich przypadkach dostarczyć dodatkowych kryteriów oceny, ułatwiających opis i klasyfikację zmienności genetycznej pod względem reakcji na warunki środowiska w latach, która może być wykorzystana do oceny materiału hodowlanego na różnych etapach hodowli. W pracach dotyczących analizy interakcji genotypowo-środowiskowej podkreśla się istotną wysoką interakcję genotypów z latami, znacznie przewyższającą wariancję genotypów z miejscowościami (Feyerherm i in., 1984; Simmonds, 1987; Celiński i in., 1988; Drozd, 1990; Szwed-Urbaś, 1993; Fox, i in., 1990; Kent, 1990; Mohamed i in., 1990; Pfeiffer i in., 1990; Royo i in., 1990; Riede i in., 1990; Boujenna i in., 1998; Kore i Ayiecho, 1998).

WNIOSKI

1. Zastosowana analiza regresji łącznej ułatwia wybór genotypów, u których wartość danej cechy jest mało zmienna w latach uprawy. Badana populacja pszenżyta ozimego charakteryzuje się dużą różnorodnością genotypów co do wartości badanych cech jak i reakcji na zmieniające się warunki pogodowe w latach.
2. Krajowe rody i odmiany pszenżyta charakteryzują się na ogół wyższym poziomem cech plonotwórczych w porównaniu do odmian pochodzących z innych rejonów świata. Jednak w każdej grupie pochodzeniowej można znaleźć genotypy przydatne do krajowego programu hodowli, a zwłaszcza w celu poprawienia cech jakościowych ziarna.
3. Biorąc jednak pod uwagę dużą zmienność badanych cech rolniczych oraz występujące interakcje genotypu ze środowiskiem, wskazana jest zatem ocena materiałów wyjściowych w warunkach klimatycznych, w których hodowla ma być prowadzona.

LITERATURA

- Allard R. W., Bredshaw A. D. 1964. Implication of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. *Crop Science*, 4, 5: 503 — 508.
- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101: 1 — 23.

- Boujenna A., Ramos J. M., Yanez J. A., Garcia del Moral L. F. 1998. Ear formation in Triticale in relation to genotype and environment. *Proceedings 4th International Triticale Symp.*, Canada: 296 — 299.
- Caliński T., Czajka S. T., Kaczmarek Z. 1988. Analiza wyników serii doświadczeń z odmianami pszenicy ozimej wykonywanych w Polsce w latach 1982–1985. *Biuletyn Oceny Odmian*, 20: 63 — 90.
- Dawidowski J., Dmochowski K., Pilarczyk W. 1983. Metody statystyczne w ocenie odmian roślin uprawnych. *Praktyka i postulaty zmian*. *Biuletyn Oceny Odmian*, X, 1 (15): 5 — 27.
- Drozd D. 1990. Dziedziczenie niektórych cech użytkowych pszenicy jarej ze szczególnym uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. *Zesz. Nauk. AR Wrocław, Rozprawy Nr 79*.
- Eberhard S. A., Russell W. A. 1966. Stability Parameters for Comparing Varieties. *Crop Science*, 6: 36 — 40.
- Feyerherm A. M., Pauslen G. M., Sebaugh J. L. 1984. Contribution of Genetic Improvement to Recent Wheat Yield Increases in the U.S. *Agron. J.* 3: 29.
- Finlay K. W., Wilkinson G. N. 1963. The analysis of adaptation in Plant Breeding Programme. *Austr. J. Agric. Res.*, 14: 742 — 754.
- Fox P. N., Skovmand B., Thompson B. K., Braun H. J., Cormier R. 1990. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica*, 47: 57 — 64.
- Hill J.: 1975. Genotype-environment interactions — a challenge for plant breeding. *J. Agric. Sci. Camb.*, 85: 477 — 493.
- Josephides C. M. 1993. Analysis of adaptation of barley, triticale, durum and bread wheat under Mediterranean conditions. *Euphytica*, 65: 1 — 8.
- Jowett D. 1972. Yield Stability Parameters for Sorghum in East Africa. *Crop Science*, 12, 3: 314 — 317.
- Kent M. Eskridge. 1990. Selection of stable cultivars using a safety first rule. *Crop Sci.* 30: 369 — 374.
- Kore W. A. O., Ayiecho P. O. 1998. Stability of yield and yield components in Triticale. *Proceedings 4th Int. Triticale Symp.*, Canada, 2: 134 — 136.
- Mohamed Ch., Taliaferro C. M., Mc New R. W. 1990. Genotype — Environment Interaction of Bermudagrass Forage Yields. *Crop Science*, 30: 49 — 53.
- Pfeiffer W. H., Fox P. N. 1990. Adaptation of triticale. *Proceedings of the Second Inter. Triticale Symp.*, Brazil: 126 — 135.
- Pietrzykowski R., Mądry W., Warzecha R. 1996. Analiza stabilności i przystosowania genotypów do środowisk na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych z kukurydzą. *Biul. IHAR*, 200: 33 — 39.
- Riede C. R., Campos L. A. C., Fonseca N. S. 1990. Phenotypic yield stability of triticale and wheat in the State of Parana, Brazil. *Proceedings of the Second Int. Triticale Symp.*, Brazil: 79 — 83.
- Royo C., Romagosa, Rodriguez A. 1990. Comparative adaptation of triticale and spring wheat in Spain. *Proceedings of the Second Inter. Triticale Symp.*, Brazil: 593 — 597.
- Simmonds N. W.: 1987. *Podstawy hodowli roślin*. PWRiL, Warszawa.
- Szwed-Urbaś K. 1993. Zmienności ważniejszych cech użytkowych jarej pszenicy twardej z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. *Rozprawa habilitacyjna*. Wyd. AR Lublin.
- Węgrzyn S. 1989. Wyznaczanie wartości cech mierzalnych w warunkach interakcji genotypowo-środowiskowej. *Zesz. Probl. PNR*, 382: 51 — 60.

DANUTA DROZD¹**HANNA SZAJSNER**¹**KRZYSZTOF BIELECKI**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa AR Wrocław² Katedra Botaniki i Fizjologii Roślin AR Wrocław

Wpływ światła lasera na aktywność α -amylazy w ziarniakach różnych genotypów pszenżyta

Influence of laser radiation on α -amylase activity in grain of different triticales genotypes

W pracy podjęto próby ustalenia czy przedsięwzięta biostymulacja laserowa może być czynnikiem zmieniającym aktywność α -amylazy w nasionach. Obiektem badań były trzy odmiany pszenżyta: Migo (forma jara) oraz Presto i Tornado (formy ozime). W ziarniakach kontrolnych i napromieniowanych światłem lasera półprzewodnikowego oceniano aktywność α -amylazy w kiełkujących nasionach. Ocenę aktywności tego enzymu dokonywano po 24, 48 i 72 godzinach. U wszystkich badanych odmian pszenżyta wpływ biostymulacji laserowej ujawniał się po 72 godzinach, gdzie obserwowano istotne zwiększenie aktywności α -amylazy w ziarniakach napromieniowanych. Reakcja odmian pszenżyta na promieniowanie laserowe była zróżnicowana.

Słowa kluczowe: α -amylaza, biostymulacja laserowa, enzymy, pszenżyto

The aim of the investigation was to determine whether pre-sowing laser biostimulation affects α -amylase activity in seeds. Material consisted of three triticales cultivars: Migo (spring form), Presto and Tornado (winter forms). In the control and irradiated grains (semi-conducted laser light) α -amylase activity was determined after 24, 48 and 72 hours. In all the triticales cultivars the influence of laser biostimulation was manifested after 72 hours, when significant increase in α -amylase activity was observed in the irradiated grains. Reaction of triticales cultivars to laser radiation was differentiated.

Key words: α -amylase, enzymes, laser biostimulation, triticales

WSTĘP

Podczas spoczynku nasion przemiany biochemiczne zachodzą w nich w niewielkim stopniu a w skrajnych warunkach metabolizm może całkowicie ustać. W miarę ustępowania spoczynku, szczególnie w fazie kiełkowania nasion intensywność przemian gwałtownie wzrasta. Kiełkowanie nasion jest specyficzną formą wzrostu zarodka, podstawowymi czynnikami warunkującymi rozpoczęcie tego procesu jest odpowiedni poziom uwodnienia, dostęp powietrza i określona temperatura. W czasie kiełkowania

ziarniaków zbóż, gromadzących skrobię jako materiał zapasowy, w tarczce zarodkowej rozpoczyna się intensywna biosynteza α -amylazy. Enzym ten stanowi podstawowy czynnik katalityczny przy rozkładzie skrobi, zapoczątkowuje jej rozkład, dopiero później włączają się w ten proces biochemiczny inne enzymy. W pracy podjęto próby zbadania, czy przedsiewna biostymulacja laserowa może być czynnikiem zmieniającym aktywność α -amylazy w kiełkujących ziarniakach pszenżyta.

MATERIAŁ I METODY

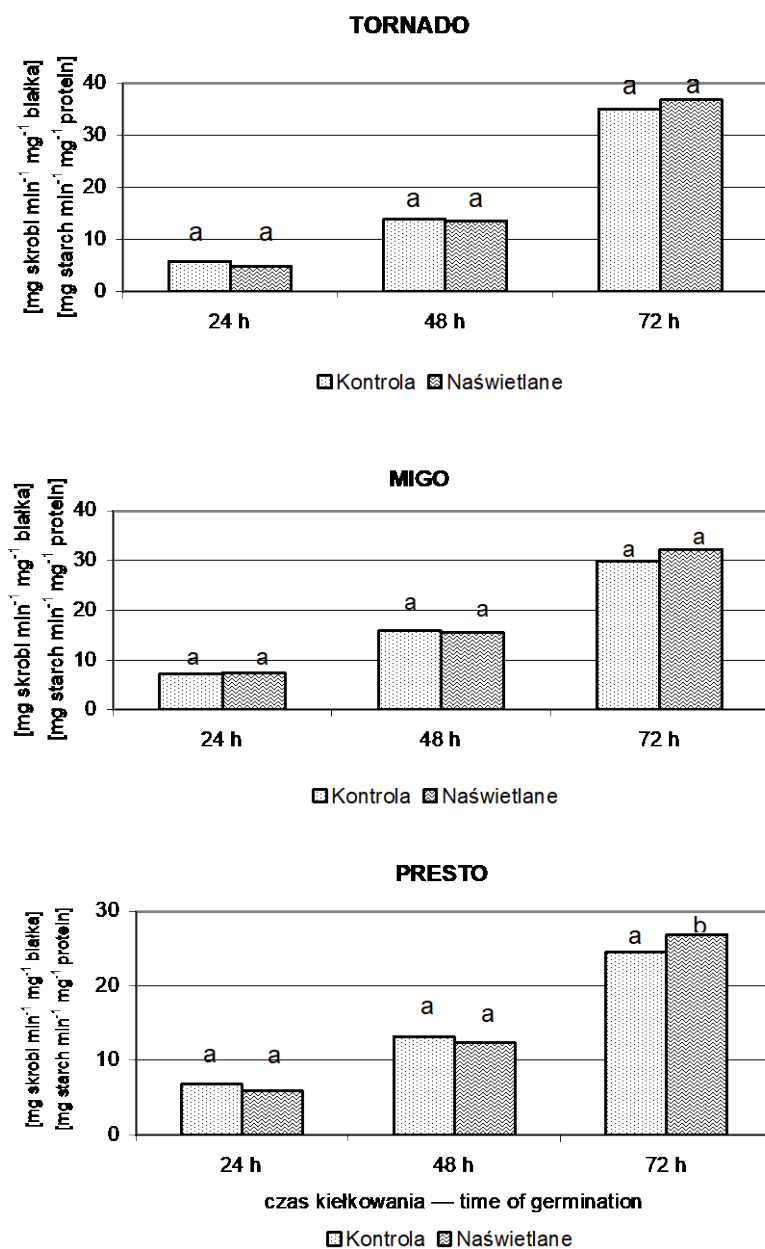
Obiektem badań były trzy odmiany pszenżyta Migo, Presto i Tornado. Odmiana Migo jest formą jara, o dobrej zdrowotności i dość dużej odporności na wyleganie. Plonuje bardzo dobrze, wysoka masa 1000 ziaren, o mniejszej zawartości białka. Odporność na porastanie przeciętna, forma późno dojrzewająca. Presto jest odmianą ozimą, najwcześniej dojrzewającą spośród odmian pszenżyta. Charakteryzuje się bardzo wysoką plennością i dobrą zimotrwałością. Tornado jest formą ozimą o wysokiej mrozoodporności i odporności na wyleganie. Odznacza się dużą odpornością na porastanie w kłosie i niską masą 1000 ziaren. Ma średnio długi okres wegetacji.

Przed założeniem doświadczenia ziarniaki wymienionych odmian pszenżyta zostały naświetlone promieniami lasera półprzewodnikowego o mocy 200 mW. Zastosowano trzykrotność dawki podstawowej, stosowanej u roślin zbożowych oraz nasiona bez naświetlania (kontrola). Zarówno w ziarniakach kontrolnych jak i napromieniowanych światłem lasera oceniano aktywność α -amylazy w kiełkujących nasionach (Andrzejczuk-Hybel i in., 1993). Zawartość białka w ekstrakcie oznaczano według metody Lowry'ego. Aktywność α -amylazy wyrażano w miligramach rozłożonej skrobi w ciągu jednej minuty, w przeliczeniu na 1 miligram białka. Oceny aktywności tego enzymu dokonywano po 24, 48 i 72 godzinach. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie stosując test Duncana w celu wyodrębnienia grup jednorodnych.

WYNIKI I DYSKUSJA

U wszystkich badanych odmian pszenżyta wpływ biostymulacji laserowej ujawniał się po 72 godzinach. Obserwowano istotne zwiększenie aktywności α -amylazy w ziarniakach potraktowanych światłem lasera. Reakcja odmian pszenżyta była zróżnicowana, a największą podatnością na promieniowanie laserowe charakteryzowała się odmiana Presto, u której aktywność α -amylazy po naświetleniu wzrosła istotnie (o około 11%) w stosunku do kontroli (rys. 1). Nie spotkano dotychczas w literaturze opracowań dotyczących wpływu światła lasera na aktywność enzymatyczną u roślin zbożowych. Po zastosowaniu biostymulacji laserowej stwierdzono istotny wpływ tego zabiegu na zmianę aktywności enzymów amylolitycznych u bobiku, w szczególności w początkowym okresie kiełkowania (Podleśny, Borowiecki, 2001).

We wcześniej przeprowadzonych badaniach obserwowano wpływ przedsiewnej biostymulacji laserowej na wartość siewną i cechy siewek u odmian pszenżyta.



Średnie dla czasu kiełkowania oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie przy $p = 0,05$

In time of germination means followed by the same letter are not significantly different at $p = 0.05$

Rys. 1. Wpływ naświetlania laserowego na aktywność α -amylazy w kiełkujących nasionach pszenżyta

Fig. 1. Influence of laser radiation on α -amylase activity in triticale grain

Również w tych badaniach stwierdzono, że odmiana Presto charakteryzowała się największą wrażliwością na światło lasera. Po zastosowaniu naświetlania długość nadziemnej części siewki wzrosła o ponad 100% w stosunku do roślin kontrolnych (Szajsner, Drozd, 2001).

WNIOSKI

1. Przedsiewna biostymulacja laserowa jest czynnikiem oddziałującym na układ enzymatyczny w kiełkujących ziarniakach pszenżyta.
2. Reakcja odmian pszenżyta na działanie promieniowania laserowego była zróżnicowana.
3. Spośród badanych genotypów pszenżyta największą podatność na światło lasera stwierdzono u odmiany Presto.

LITERATURA

- Andrzejczuk-Hybel J., Bielawski W., Kączkowski J.: 1993. Reducing sugar and amylase changes during germination of triticale varieties resistant susceptible to pre-harvest sprouting. *Acta Physiologiae Plantarum*. 15, 3: 193 — 198.
- Galova Z.: 1996. The effect of laser beams on the process of germinating power of winter wheat grains. *Rocz. AR Poznań, Rol.* 49: 39 — 43.
- Masoń P.: 1997. Genetyczne podłoże dużej aktywności α -amylazy w ziarnie pszenżyta. *Zesz. Nauk. AR Szczec.* 175, Rol. 65: 259 — 263.
- Podleśny J., Borowiecki J.: 2001. Wpływ promieniowania laserowego na zmiany biochemiczne nasion i gromadzenie suchej masy bobiku. I Międzynarodowa Konferencja Naukowa — Oddziaływanie pól elektromagnetycznych na środowisko rolnicze. AR Lublin: 163 — 164.
- Szajsner H. A., Drozd D. T.: 2001. Ocena efektu przedsiewnej biostymulacji laserowej u odmian pszenżyta (Triticale). I Międzynarodowa Konferencja Naukowa — Oddziaływanie pól elektromagnetycznych na środowisko rolnicze. AR Lublin, str. 95 — 99.

DANUTA RZEPKA-PLEVNEŠ¹**MIŁOSZ SMOLIK¹****MARCELINA KRUPA²**¹ Zakład Hodowli Roślin Ogrodniczych, Akademia Rolnicza, Szczecin² Katedra Inżynierii Spożywczej i Tworzyw Sztucznych, Politechnika Koszalińska

Zmienność elektroforetyczna białek zapasowych różnych odmian pszenżyta (*X Triticosecale* Wittmack)

Electrophoretic variability of storage proteins in different triticales (*X Triticosecale* Wittmack) cultivars

Obiektem badań było 12 odmian pszenżyta ozimego, 3 pszenżyta jarego, oraz dwie odmiany gatunków rodzicielskich reprezentowane przez odmiany: żyta — Dańkowskie Złote i pszenicy — Begra. Nasiona do badań pochodziły od hodowców tych odmian: Hodowli Roślin „Danko” i Zakładu Doświadczalnego Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Małyszynie. Różnice genotypowe między nimi określono w oparciu o elektroforezę białek zapasowych SDS-PAGE. Na podstawie wyników badań stwierdzono, że biorące udział w doświadczeniu odmiany pszenżyta różniły się pod względem liczby i masy polipeptydów, ich układów w poszczególnych frakcjach. Na elektroforegramach pszenżyta obserwowano raczej zbliżoną do żyta, niż do pszenicy liczbę polipeptydów. Prążki żytnie obserwowano w trzech frakcjach białek (HMW, γ_{75} i γ_{40}) u wszystkich lub prawie u wszystkich odmian pszenżyta. Zależało to od frakcji. Polipeptyd pochodzący od pszenicy widoczny był u dwóch odmian pszenżyta, ozimego Mundo i jarego — Wanad. Podobieństwo między badanymi genotypami wynosiło 57,1 do 94,3%. Najbardziej zbliżone do siebie genetycznie były odmiany Gabo i Wanad. Odmiana Gabo różniła się od odmiany Wanad brakiem we frakcjach γ_{75} i γ_{40} charakterystycznych dla odmiany Wanad prążków o masie 74,7 i 31,7 kDa oraz brakiem dodatkowego prążka pszenicy Begra o masie 14,2 kDa.

Słowa kluczowe: białko, elektroforeza, pszenica, pszenżyto, zmienność, żyto

The object of the studies constituted 12 cultivars of winter triticales, 3 cultivars of spring triticales and two cultivars of parental species: rye Dańkowskie Złote and wheat Begra. The seeds were obtained from the breeders: Plant Breeding „Danko” and Plant Breeding and Acclimatization Experimental Station in Małyszyn. Genotype differences were determined on the basis of SDS-PAGE electrophoresis of storage proteins. The results of experiments showed that among the tested triticales cultivars there were differences in: the number and weight of polypeptides and polypeptide patterns in particular fractions and the origin of both parental species. The number of polypeptides on triticales electrophoregrams was more similar to rye than to wheat. Rye bands were observed in three protein fractions (HMW, γ_{75} and γ_{40}) in all or almost all cultivars of triticales depending on the fraction. The polypeptide originating from wheat was visible in two of triticales cultivars: winter Mundo and spring

Wanad. Similarity between the examined genotypes was 57.1–94.3%. Gabo and Wanad were found to be the most similar genetically. Gabo differed from Wanad by the lack of the bands of 74.7 and 31.7 kDa in γ_{75} and γ_{40} fractions and by the lack of an additional band of 14.2 kDa, typical for the Begra wheat.

Key words: electrophoresis, protein, rye, triticale, variability, wheat

WSTĘP

Uzyskanie nowej odmiany, lepszej od odmian już istniejących, „niezależnie od gatunku rośliny”, jest trudne i kosztowne. Wymaga bowiem równoległego stosowania różnych materiałów wyjściowych, nowych metod, jak również prowadzenia i precyzyjnego badania licznych materiałów hodowlanych (Wolski, 1985). Hodowcy poszukują materiałów wyjściowych w mniejszym lub większym stopniu uszlachetnionych i dobrze przystosowanych do miejscowych warunków klimatycznych. Są więc nimi najczęściej dawne i aktualnie uprawiane odmiany, niekiedy niewystarczająco zróżnicowane genetycznie. Możliwość właściwego doboru rodziców do krzyżowań rutynowo stosowanych w hodowli dają obecnie techniki biologii molekularnej, umożliwiające niezawodną i prostą w wykonaniu identyfikację genetyczną odmiany i wyselekcjonowanego z niej materiału hodowlanego (Cook, 1987; 1989; Cook i Low, 1998; Sammour, 1989; Drzewiecki, 1996; Kapała i Rybiński, 1996; Escibano i in., 1998; Igrejas i in., 1999; Hegde i Singhal, 2000). W oparciu o otrzymane wyniki badań autorzy ci do technik tych zaliczyli elektroforezę białek zapasowych na żelu poliakrylamidowym (PAGE) z dodatkiem detergenta siarczanu dodecylu sodu (SDS), który nadając białkom ładunek ujemny umożliwia ich rozdział w zależności od masy (długości łańcucha polipeptydowego).

Celem niniejszej pracy było określenie zmienności elektroforetycznej białek zapasowych różnych odmian pszenżyta oraz przydatności techniki SDS-PAGE do oceny ich odrębności genetycznej.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań było 15 odmian pszenżyta, 12 — pszenżyta ozimego i 3 — jarego, pochodzących z Hodowli Roślin Danko, Stacji Hodowli Roślin: w Choryni (Mundo i Nemo), w Laskach (Piano, Eldorado, Pinokio i w Dańkowie (Vero) oraz z Zakładu Doświadczalnego Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Małyszynie (Bogo, Alzo, Tornado, Malno, Marko — pszenżyto ozime i Mieszko, Gabo, Wanad, Kargo — pszenżyto jare). Do porównania genotypów pszenżyta z genotypami rodzicielskimi — żytem i pszenicą wybrano odmiany: Dańkowskie Złote i Begra. Analizę polimorfizmu białek zapasowych wymienionych form prowadzono na pojedynczych ziarniakach po 5 z każdej odmiany, natomiast żyta — z próby zbiorczej utworzonej z sekalin izolowanych z 30 ziarniaków. według metody SDS-PAGE opisanej przez Westermaiera (1993).

Elektroforezę prowadzono w układzie nieciągłym, na dwóch rodzajach żeli poliakrylamidowych, zagęszczającym (4%) i rozdzielającym (12,5%), o grubości 1 mm na aparacie Mini-Protean II (Bio Rad) i 0,5 mm na Multiphor (Pharmacia LKB) w trzech powtórzeniach. Otrzymane elektroforegramy barwiono roztworem Coomassie R — 250, odbar-

wiano — w roztworze 10% etanolu i 20% kwasu octowego. Po wysuszeniu w temperaturze pokojowej żele analizowano w świetle przechodzącym przy użyciu skanera Sharp JX — 350 (Pharmacia LKB.). Cyfrowe obrazy elektroforetyczne opracowywano przy użyciu pakietu programu komputerowego „Diversity one” 1.3 (Pharmacia LKB.). Określono liczbę i masę prążków białkowych w poszczególnych frakcjach białek zapasowych pszenżyta, odmian: żyta — Dańkowskie Złote i pszenicy — Begra oraz ich zróżnicowanie genetyczne w oparciu o analizę drzewa podobieństwa filogenetycznego, wykreślonego na podstawie współczynnika Jaccarda:

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

gdzie Nab oznacza liczbę prążków wspólnych dla obiektów, a i b , Na i Nb — całkowitą liczbę prążków, odpowiednio dla obiektów a i b . Podobieństwo między genotypami wyrażono w procentach.

WYNIKI

Elektroforetyczna charakterystyka białek zapasowych badanych odmian pszenżyta wykazała duże zróżnicowanie w ich budowie. Polimorfizm dotyczył przede wszystkim masy wyodrębnionych prążków. Zaobserwowano też różnice w ich liczbie ogółem i w poszczególnych frakcjach (rys. 1). Liczba prążków ogółem wahała się od 28 do 34. Najwięcej stwierdzono ich u odmiany Mundo, najmniej — u odmiany Alzo. Na elektroforegramach żyta Dańkowskiego Złotego widocznych było 29 prążków białkowych, pszenicy Begra — 14.

Obserwowane na żelach polipeptydy zaliczono do czterech frakcji białkowych: HMW, ω , γ_{75} i γ_{40} . U żyta i większości odmian pszenżyta we frakcji HMW wyodrębniono 3 prążki o masie 125,7, 113,2 i 106,2 kDa (rys. 1). Brak prążka o masie 113,2 kDa obserwowano u odmian Nemo i Marko. U pszenicy Begra stwierdzono brak polipeptydów w tej frakcji.

Frakcję białek ω badanych odmian pszenżyta charakteryzowało 1 do 5 prążków białkowych. Ich masa wahała się od 99,2 do 80,7 kDa. Polipeptydy tej frakcji tworzyły u niektórych odmian charakterystyczne wzory białkowe. I tak, jeden powtarzający się polipeptyd stwierdzono u odmian: Piano, Pinokio, Eldorado i Alzo, trzy, o masie 99,2, 94,2 i 80,7 kDa — u odmian Vero, Mundo i Tornado, a o masie 99,2, 94,2 i 88,2 kDa — u odmian Gabo, Malmo, Wanad i Kargo. Pięć polipeptydów w tej frakcji białek zapasowych stwierdzono tylko u odmiany Nemo. We frakcji ω pszenicy Begra pojawił się jeden, a u żyta Dańkowskie Złotego — trzy prążki białkowe. Charakterystyczny dla pszenicy prążek widoczny był również na elektroforegramach pięciu odmian pszenżyta — Vero, Mundo, Bogo, Tornado i Nemo. Prążki charakterystyczne dla żyta obserwowano u odmian — Gabo, Malno, Wanad, Kargo i Nemo, przy czym u odmiany Nemo na frakcję tę składały się jeszcze dwa dodatkowe polipeptydy.

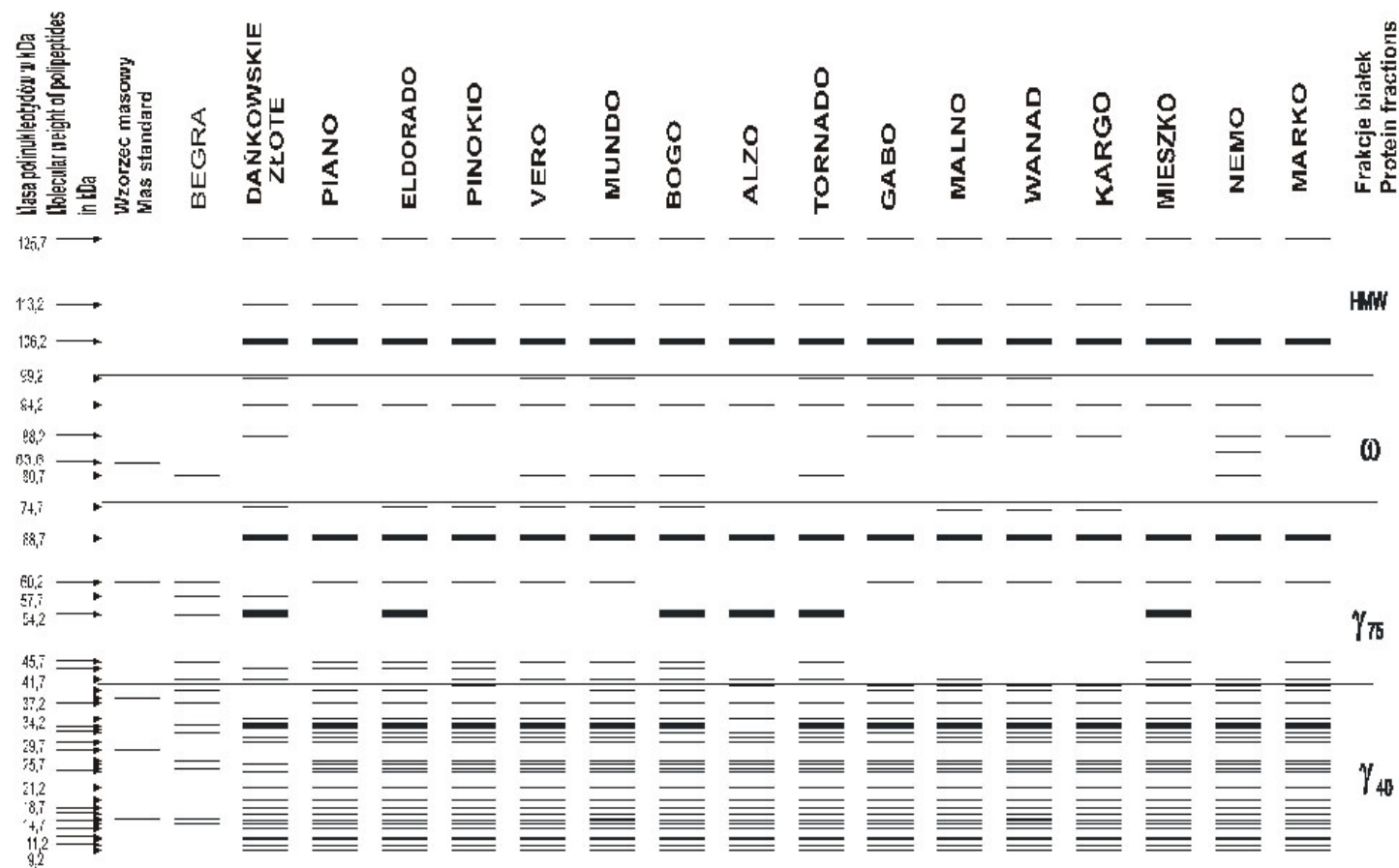
W kolejnej frakcji gliadyn γ_{75} występowało u badanych odmian pszenżyta od 2 (Gabo) do 6 prążków (Eldorado, Pinokio, Bogo). Ich masa wahała się od 74,7 do 40,7 kDa (rys. 1). Układ polipeptydów w tej frakcji wykazywał największy polimorfizm odmianowy. Jeżeli nawet liczba prążków była taka sama to ich układ był odmienny. Identyczne, złożone z pięciu polipeptydów bloki białkowe stwierdzono u odmian Vero i Mundo, z trzech polipeptydów —

u Wanad i Kargo. U odmiany pszenicy Begra wyróżniono w tej frakcji 5 prążków, o masie: 60,2, 57,7, 54,2, 45,7 i 41,7 kDa. Prążek o masie 54,2 kDa był widoczny na elektroforegramach tylko 5 odmian pszenżyta Eldorado, Bogo, Alzo, Tornado i Mieszko. U odmiany żyta Dańkowskie Złote wyróżniono we frakcji γ_{75} 6 prążków białkowych. Polipeptyd żytni, o masie 68,7 kDa był obecny na obrazach elektroforetycznych wszystkich badanych odmian pszenżyta, a o masie 54,2 kDa — u odmian Eldorado, Bogo, Alzo, Tornado i Mieszko.

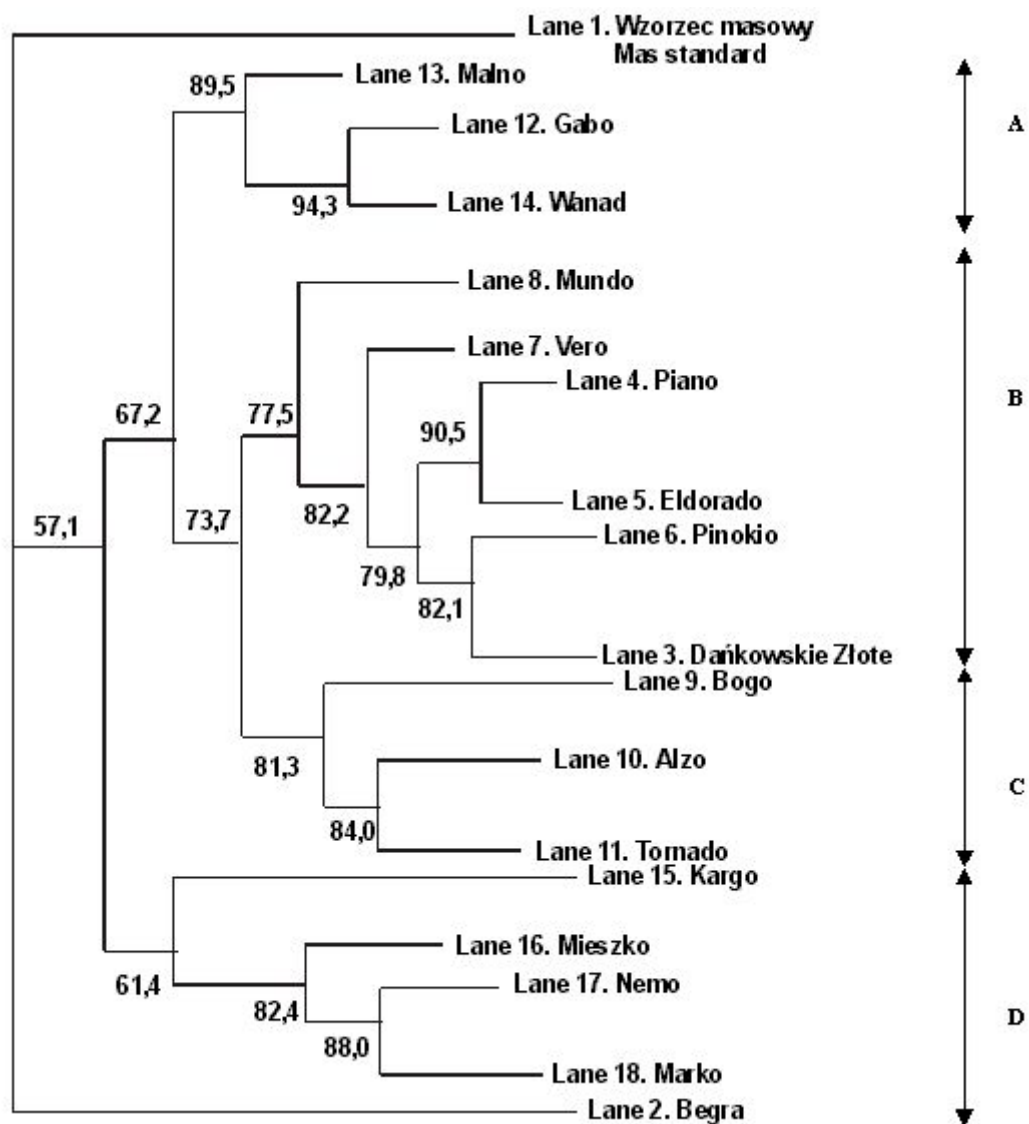
Najliczniejszą pod względem liczby wyodrębnionych polipeptydów u badanych odmian pszenżyta były gliadyny frakcji γ_{40} . Składało się na nią ogółem od 21 do 24 polipeptydów, o masie od 39,7 do 9,2 kDa. 24 prążki białkowe widoczne były w tej frakcji tylko na elektroforegramach odmiany Wanad. Odmiana ta w stosunku do innych odmian pszenżyta posiadała dwa dodatkowe polipeptydy, jeden z nich o masie 14 kDa był pochodzenia pszenicznego, drugi o masie 32,7 kDa — żytniego (rys. 1). Frakcja γ_{40} okazała się również u pszenżyta najbardziej konserwatywną grupą białek zapasowych. Polipeptydy tej frakcji układały się u większości odmian pszenżyta w identyczne wzory białkowe. Odmienne wzory prążkowy wynikający z braku jednego z prążków pszenicznych stwierdzono u odmian Pinokio, Vero, Alzo, Tornado i Mieszko. U odmiany pszenicy Begra wyodrębniono w tej frakcji 8, a u odmiany żyta Dańkowskie Złote — 17 prążków. Dwa spośród prążków pszenicznych o najwyższej masie stwierdzono u odmian: Piano, Eldorado, Mundo, Bogo, Gabo, Malno, Wanad, Kargo, Nemo i Marko, jeden z nich, o masie 37,2 kDa był obecny na elektroforegramach wszystkich badanych odmian pszenżyta.

Na podstawie otrzymanych wyników badań stwierdzono, że obrazy elektroforetyczne gliadyn pszenżyta charakteryzuje zbliżona do żyta, a nie do pszenicy liczba charakterystycznych dla tego gatunku polipeptydów (rys. 1).

Uzyskane elektroforegramy posłużyły do opracowania drzewa podobieństwa filogenetycznego badanych odmian pszenżyta. Mieściło się ono w granicach 57,1–94,3% (rys. 2). Procent podobieństwa filogenetycznego był podstawą do podzielenia odmian na 4 grupy filogenetyczne. Do pierwszej, grupy A zaliczono trzy odmiany hodowli ZDHAR Małyszyn, w tym dwie pszenżyta jarego Gabo i Wanad. W grupie B znalazły się: żyto Dańkowskie Złote, odmiany pszenżyta Mundo z Choryni, Vero z Dańkowa oraz Piano, Eldorado i Pinokio z Lasek. Grupę C stanowiły odmiany Bogo, Alzo i Tornado z ZDHAR Małyszyn, a grupę D — Mieszko i Marko z ZDHAR Małyszyn oraz Nemo z Choryni. Genotyp odmiany pszenicy Begra znalazł się poza wymienionymi grupami podobieństwa genetycznego. Najbardziej zbliżone do siebie genetycznie były dwie odmiany pszenżyta jarego Gabo i Wanad (94,3%). Różniły się one jednak między sobą. U odmiany Gabo brakowało bowiem w frakcjach γ_{75} i γ_{40} charakterystycznych dla odmiany Wanad polipeptydów o masie 74,7 (γ_{75}) i 31,7 kDa (γ_{40}), a na elektroforegramach odmiany Wanad widoczny był dodatkowy prążek pszenicy Begra, o masie 14,2 kDa (rys. 1).



Rys. 1. Obraz elektroforetyczny białek zapasowych odmian pszenżyta w porównaniu z odmianą żyta Dańkowskie Złote i pszenicy ozimej — Begra
 Fig. 1. Electrophoretic patterns of storage proteins of triticale cultivars in comparison to the rye cultivar Dańkowskie Złote and the winter wheat cultivar — Begra



% podobieństwa — % similarity

A, B, C, D — grupy podobieństwa filogenetycznego

A, B, C, D — groups of phylogenetic similarity

Rys. 2.. Dendrogram podobieństwa filogenetycznego badanych odmian pszenżyta, żyta i pszenicy ozimej

Fig. 2. Phylogenetic tree of the studied triticale, rye and winter wheat genotypes

DYSKUSJA

Identyfikacja markerów genetycznych stwarza nowe możliwości oddziaływania hodowców na cechy rekombinantów poprzez dobór do krzyżowań komponentów rodzicielskich o znanym genotypie. Jedną z prostszych i dających powtarzalne wyniki metod analizy genotypów roślin uprawnych jest elektroforeza na żelach poliakrylamidowych (PAGE) z dodatkiem siarczanu dodecylu sodu (SDS). W obecności tego detergenta można u zbóż wyróżnić cztery frakcje białkowe HMW, ω , γ_{75} i γ_{40} i ustalić ich homologię (Kasarda i in., 1983; Rubio i in., 1996). Elektroforeza białek zapasowych pozwala również określić lokalizację genów kodujących poszczególne frakcje białek i cech z nimi związanych (Shewry i in., 1984; Shewry i Tathan, 1990; Waga i Grzywa 1995; Rubio i in., 1996; Gwiazdowska-Skoczek i Kapała, 1996; Waga i Węgrzyn, 2000).

Wyniki prezentowanych badań są potwierdzeniem tych możliwości. W pracy przebadano pod względem struktury białek zapasowych 12 polskich odmian pszenżyta ozimego i 3 — pszenżyta jarego z dwóch ośrodków ich hodowli — Hodowli Roślin „Danko” (oddz. Dańków, Choryń, Laski) i Zakładu Doświadczalnego Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Małyszynie. Dla celów porównawczych do badań włączono dwie znane odmiany żyta i pszenicy reprezentujące gatunki rodzicielskie pszenżyta - odmianę pszenicy Begra i żyta Dańkowskie Złote. W przeprowadzonym doświadczeniu wykazano istotny polimorfizm białek zapasowych badanych odmian pszenżyta. Przejawiał się on różną liczbą i masą zidentyfikowanych na żelu prążków białkowych. Wysoki stopień zmienności gliadyn umożliwił opracowanie dla badanych odmian pszenżyta schematycznych bloków białkowych z zaznaczeniem prążków zarówno tych powtarzających się, jak i tych specyficznych tylko dla danej odmiany. Otrzymane wyniki pozostają w zgodności z wynikami badań Stefanowskiej (1999), Wagi i Węgrzyna (2000) oraz Rzepki-Plevneš i Smolika (2001). Wykazano również duże podobieństwo między genotypami badanych odmian pszenżyta, przejawiające się tym, że niektóre obserwowane na elektroforegramach prążki białkowe pszenżyta, pszenicy i żyta były takie same, inne były wyraźnie pogrubione lub niewidoczne. Zjawisko to tłumaczy Tarkowski (1998), uznając pszenżyto za pewnego rodzaju „hybrydę genetyczną”, zawierającą pewne cechy obu gatunków rodzicielskich. W niniejszym doświadczeniu gatunki rodzicielskie nie były reprezentowane przez rodziców każdej z badanych odmian. Stąd mogące się pojawiać nieścisłości w analizie pochodzenia poszczególnych prążków białkowych badanych odmian pszenżyta.

Podobieństwo genetyczne badanych odmian pszenżyta określone w oparciu o drzewo podobieństwa filogenetycznego kształtowało się na poziomie 57,1–94,3%. Zależało ono w dużym stopniu od pochodzenia (miejsca hodowli) odmiany. Otrzymane wyniki badań udowodniły oryginalność biorących udział w doświadczeniu odmian pszenżyta i niepowtarzalność ich genotypów bez względu na stopień ich podobieństwa filogenetycznego. Przykładem mogą być odmiany pszenżyta jarego Gabo i Wanad z ZDHAR Małyszyn. Podobieństwo filogenetyczne między nimi wynosiło 94,3%. Różniły się one jednak obecnością lub brakiem we frakcjach gliadyn γ_{75} i γ_{40} polipeptydów o masie 74,7 i 31,7 kDa oraz obecnością lub brakiem prążka pszenicznego, charakterystycznego dla odmiany Begra, o masie 14,2 kDa.

Przedstawione wyniki badań dowodzą, że zgodnie z sugestią niektórych autorów (Waga i Grzywa, 1995; Rubio i in., 1996; Gwiazdowska-Skoczek i Kapła, 1996; Waga i Węgrzyn, 2000) istnieją realne możliwości powszechnego zastosowania elektroforezy białek zapasowych SDS-PAGE do oceny tożsamości genetycznej odmian pszenżyta i zróżnicowania materiałów hodowlanych.

WNIOSKI

1. Żadna z badanych odmian pszenżyta nie ma identycznego obrazu elektroforetycznego białek zapasowych. Stwierdzone między nimi różnice dotyczyły liczby i masy polipeptydów, ich układu w poszczególnych frakcjach i pochodzenia. U niektórych spośród badanych odmian pszenżyta we frakcjach gliadyn γ_{75} i γ_{40} polipeptydy tworzą charakterystyczne bloki z powtarzającymi się prążkami białkowymi.
2. Liczba obecnych na elektroforegramach prążków białkowych jest u badanych odmian pszenżyta zbliżona raczej do żyta Dańkowskiego Żłotego, niż pszenicy — Begra. Prążki żytnie występują u nich we frakcjach: HMW, γ_{75} i γ_{40} , pszeniczne — we frakcji γ_{40} dwóch odmian pszenżyta — ozimego Mundo i jarego — Wanad.
3. Analiza drzewa podobieństwa filogenetycznego pozwoliła podzielić badane odmiany pszenżyta na cztery grupy. Każdą z nich stanowiły na ogół odmiany z tego samego ośrodka hodowlanego. Genotypy pszenżyta Vero, Piano, Eldorado, Pinokio i Mundo z Hodowli Roślin „Danko” były zbliżone do odmiany żyta Dańkowskiego Żłotego.

LITERATURA

- Cook R. J. 1987. The classification of wheat cultivars using a standard reference electrophoresis method. J. Nat. Inst. Agric. Bot. 17: 273 — 281.
- Cook R. J. 1989. Electrophoresis in plant testing and breeding. Adv. in Electrophoresis. 2: 171 — 261.
- Cook R. J., Low J. R. 1998. Seed storage proteins. Plant Varieties and Seeds. 3: 16 — 19.
- Drzewiecki J. 1996. Discontinuous PAGE of zeins for purity assessment of maize hybrid, and cluster analysis of PAGE data from inbred lines. Plant Varieties and Seeds. 9: 149 — 158.
- Escribano M., R., Santalla M., Casquero P., A., De Ron A., M. 1998. Patterns of genetic diversity in landraces of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Galicia Plant Breed. 117: 49 — 56.
- Gwiazdowska-Skoczek H., Kapła A. 1996. Effect of soil drought on quantitative and qualitative composition of kernel protein in barley. Genet. Pol. 37A: 219 — 222.
- Hegde V. S., Singhal N. C. 2000. Identification and cluster analysis of Indian bread wheat varieties by acid PAGE of gliadin marker. Plant Varieties and Seeds. 13: 1 — 3.
- Igrejas G., Guedes-Pinto H., Cacuide V., Branlard G. 1999. Seed storage protein in triticale varieties commonly grown in Portugal. Plant Breed. 118: 303 — 306.
- Kapła A., Rybiński W. 1996. Genetic variation of hordein polypeptides in grains of mutants of hulles spring barley (*Hordeum vulgare* L.) breeding lines. Genet. Pol. 37 (1): 29 — 35.
- Kasarda D., D., Autran J. C., Lew E., J., Nimmo C. C., Shewry P. R. 1983. N-termined amino acid and sequences of ω -gliadins and ω -secalins implications for the evolution of prolamin genes. Biochem. Biophys. Acta. 747: 138 — 150.
- Rubio P., Soler C., Bernardo A., Jouve N. 1996. Isozyme and endosperm protein markers in the determination of chromosomal constitution in X *Triticosecale* Wittmack. In: Triticale: Today and Tomorrow. Kluwer, Dordrecht. (Developments in Plant Breeding, Vol. 5): 409 — 415.

- Rzepka-Plevneš D., Smolik M. 2001. Polymorphism of the storage proteins in rye cultivars and populations selected for tolerance to nutrient deficiency. Proc. of Eucarpia Rye Meeting, July 4–7, 2001, Radzików, Poland: 197 — 209.
- Sammour R. H. 1989. Electrophoresis of the seed proteins of *Vicia faba* L. and its immediate progenitors — a reappraisal. Plant. Breed. 104: 196 — 201.
- Shewry P. R., Bradberry D., Franklin J., White R. P. 1984. The chromosomal locations and linkage relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. Theor. Appl. Genet. 69: 63 — 69.
- Shewry P. R., Tathan A. S. 1990. The prolamin storage proteins of cereale seeds structure and evolution. J. Biochem. 267: 1 — 12.
- Stefanowska G. 1999. Analiza polimorfizmu gamma gliadyn w mieszańcach *Triticum* sp. i *Aegilops* sp. Biul. IHAR 211: 47 — 52.
- Tarkowski Cz. 1998. Biologiczno-genetyczne właściwości pszenżyta. Biul. IHAR 220: 91 — 95.
- Waga J., Grzywa M. 1995. Powiązanie białek hordeinowych z odpornością na mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) jęczmienia jarego. Hod. Rośl. Aklim. 39/6: 41 — 49.
- Waga J., Węgrzyn S. 2000. Powiązanie wybranych frakcji białek gliadynowych ze zmiennością cech użytkowych odmian i rodów pszenicy ozimej. Biul. IHAR 215: 61 — 76.
- Westermeier R. (ed.) 1993. Electrophoresis in practice. VCH: 275.
- Wolski T., 1985. Kierunki hodowli oraz metody oceny żyta. W: Biologia żyta. Tarkowski Cz. (red.), T. 5 PWN, Warszawa: 153 — 185.

HELENA GRZESIK
STANISŁAW WĘGRZYN

Zakład Roślin Zbożowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

Odziedziczalność elementów struktury plonu pszenżyta ozimego

Heritability of some winter triticales yield components

Oszacowano odziedziczalność elementów struktury plonu na podstawie doświadczeń, przeprowadzonych w trzech kolejnych latach, w których badano formy rodzicielskie i ich mieszańce w pokoleniach F_1 , F_2 , F_3 . Mieszańce uzyskano w wyniku krzyżowania w układzie czynnikowym trzech form matecznych Pinokio, Tewo i Presto z pięcioma formami ojcowskimi — LAD 794, Marko, Prado, MAH 2296 i Tornado. Analizowano pięć cech: długość źdźbła, długość kłosa, liczbę i masę ziaren z kłosa oraz masę 1000 ziaren. Wykonano analizę wariancji, oszacowano efekty ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej, a także współczynniki odziedziczalności w wąskim i szerokim sensie. Na podstawie analizy wariancji ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej stwierdzono, że ogólna wartość kombinacyjna badanych odmian pszenżyta tak ojców jak i matek w pokoleniach F_1 – F_3 była istotna w przypadku wszystkich analizowanych cech z wyjątkiem długości kłosa form matecznych w pokoleniu F_1 . Swoista wartość kombinacyjna w F_1 była istotna w przypadku długości źdźbła i liczby ziaren z kłosa, w pokoleniu F_2 była istotna tylko w przypadku długości kłosa, a w pokoleniu F_3 była nie istotna. Ogólna zdolność kombinacyjna tak ojców jak i matek w F_1 – F_3 w przypadku prawie wszystkich analizowanych cech była wyższa niż swoista zdolność kombinacyjna co wskazuje, że addytywne efekty działania genów warunkujących te cechy były wyższe niż nieaddytywne. Współczynniki odziedziczalności analizowanych cech były dość wysokie. Najniższe współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie otrzymano w przypadku długości kłosa. Współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie były na ogół niższe niż w szerokim sensie co sugeruje, że nieaddytywne efekty działania genów również odgrywają rolę w dziedziczeniu badanych cech.

Słowa kluczowe: elementy struktury plonu, odziedziczalność, pszenżyto ozime

Five traits: culm length, ear length, grain number and weight per ear as well as 1000 grain weight for parents and 15 hybrids in F_1 , F_2 and F_3 generations were analyzed, in experiments carried out using the method of randomized blocks. The hybrids were obtained by crosses performed according to a factorial mating design of three females (cvs. Pinokio, Tewo, Presto) and five males (cvs. LAD 794, Marko, Prado, MAH 2296, Tornado). The magnitude of general and specific combining ability variances indicates that both additive and nonadditive gene effects play a role in the inheritance of the traits under study. For most traits the general combining ability was higher than the specific combining ability. The highest coefficients of a narrow sense heritability were obtained in F_1 for 1000 grain weight and in F_2 for grain number per ear. Coefficients of narrow-sense heritability in almost all cases were

lower than the broad sense ones, which indicates that in determining these traits a considerable role is played by nonadditive gene effects.

Key words: heritability, winter triticales, yield components

WSTĘP

Poznanie odziedziczalności cech struktury plonu, a także informacje dotyczące działania genów determinujących te cechy mają dla hodowcy istotne znaczenie przed przystąpieniem do prac selekcyjnych i przy wyborze metod hodowlanych. Rozróżnia się odziedziczalność w szerokim sensie jako stosunek zmienności genotypowej do fenotypowej i odziedziczalność w wąskim sensie jako stosunek zmienności addytywnej do fenotypowej. Z punktu widzenia selekcji ważny jest przede wszystkim współczynnik odziedziczalności w wąskim sensie, ponieważ wariancja addytywna jest podstawą podobieństwa między rodzicami a potomstwem (Falconer, 1974).

Opracowania dotyczące dziedziczenia cech ilościowych pszenżyta są nieliczne (Behl i in., 1985; Pannu, cyt. za Gill, 1986; Sandha i in., 1980; Sandha i in., 1991; Sadig i in., 1986; Węgrzyn i in., 1996; Milovanovic, 1998; Grzesik i Węgrzyn, 2000). Jedną z metod umożliwiającą zarówno uzyskanie informacji genetycznych, jak i ocenę odziedziczalności oraz zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich jest krzyżowanie w układzie czynnikowym.

Celem pracy była ocena odziedziczalności elementów struktury plonu na podstawie doświadczeń, przeprowadzonych w trzech kolejnych latach, w których badano formy rodzicielskie i ich mieszańce w pokoleniach F_1 , F_2 , F_3 .

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły mieszańce pokolenia F_1 , F_2 i F_3 ośmiu odmian pszenżyta ozimego oraz ich formy rodzicielskie. Krzyżowania wykonano w układzie czynnikowym: trzy formy mateczne (Pinokio, Tewo, Presto) $\times$ pięć form ojcowskich (LAD 794, Marko, Prado, MAH 2296, Tornado).

Doświadczenia polowe, obejmujące 15 mieszańców i 8 form rodzicielskich, były przeprowadzone w ciągu trzech lat (1998, 1999 i 2000) metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach. F_1 w jednej miejscowości, w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie, a F_2 i F_3 w dwóch miejscowościach w Krakowie i w Grodkowicach. Ziarniaki wysiewano na poletkach w pięciu rzędkach w rozstawie 5 x 25 cm, szerokość pasa wynosiła 1 m.

Po zbiorach wykonano pomiary biometryczne 50 roślin z każdego powtórzenia (odrzucając rośliny brzeżne). Analizowano pięć cech: długość źdźbła, długość kosa, liczbę i masę ziaren z kłosa oraz masę 1000 ziaren.

Wyniki obliczono według programu opracowanego w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie (Węgrzyn, 1996). Analizy wariancji wszystkich analizowanych cech oraz oszacowane efekty ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej zamieszczono w odrębnej publikacji (Grzesik i Węgrzyn, 2002).

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie analizy wariancji stwierdzono, że badane obiekty (zarówno rodzice, jak i mieszańce) były istotnie zróżnicowane pod względem analizowanych cech we wszystkich pokoleniach F_1 , F_2 i F_3 , z wyjątkiem liczby ziaren z kłosa w przypadku zmienności rodziców oraz masy ziaren z kłosa w przypadku zmienności mieszańców w F_3 . Istotna zmienność rodziców świadczy o genetycznym zróżnicowaniu badanych odmian pod względem analizowanych cech. Zmienność rodzice a mieszańce była istotna w pokoleniach F_1 i F_2 w przypadku wszystkich badanych cech a w pokoleniu F_3 zmienność rodzice a mieszańce była statystycznie nieudowodniona. Istotna zmienność rodzice a mieszańce wskazuje na wystąpienie przeciętnej heterozji.

Ogólna zdolność kombinacyjna form rodzicielskich była istotna w przypadku analizowanych cech we wszystkich pokoleniach (F_1 – F_3), z wyjątkiem długości kłosa form matecznych w pokoleniu F_1 . Pod względem masy ziaren z kłosa w pokoleniu F_3 mieszańce nie różniły się istotnie, co uniemożliwiło obliczenie zdolności kombinacyjnej tej cechy.

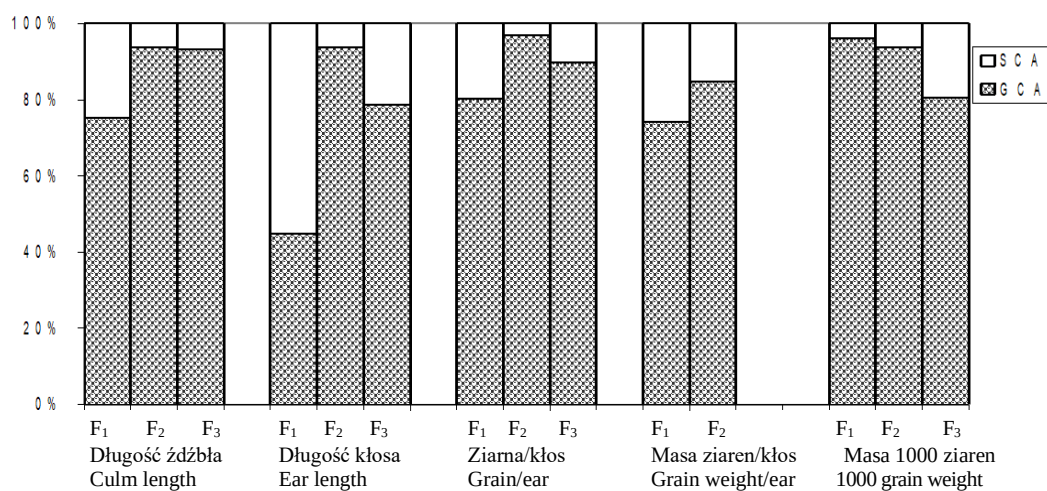
Swoista zdolność kombinacyjna w F_1 była istotna dla długości źdźbła i liczby ziaren z kłosa, w F_2 tylko w przypadku długości kłosa, a w pokoleniu F_3 była nieistotna. (Grzesik i Węgrzyn, 2002).

Uzyskane wyniki świadczą o udziale addytywnych i nieaddytywnych efektów działania genów w dziedziczeniu badanych cech struktury plonu. Udział ogólnej zdolności kombinacyjnej w ogólnej zmienności mieszańców w pokoleniach F_1 , F_2 i F_3 w przypadku wszystkich cech był znacznie większy niż udział swoistej zdolności kombinacyjnej (rys. 1), co wskazuje na przewagę addytywnych efektów działania genów. Podobne wyniki uzyskali Węgrzyn i wsp. (1996) oraz Grzesik i Węgrzyn (2000). Przewagę addytywnego lub jednakową rolę addytywnego i nieaddytywnego działania genów w determinowaniu plonu i jego elementów w przypadku pszenżyta stwierdzili między innymi Barker i Varughese (1992), Cybulska-Augustyniak i Rogalska (1992), Węgrzyn i wsp. (1995), Węgrzyn i Grzesik (1996), Grzesik i Węgrzyn (1998, 2002). Natomiast Carillo i wsp. (1983), a także Gill (1986) donoszą o przewadze nieaddytywnego działania genów w dziedziczeniu plonu i cech jego struktury.

Współczynniki odziedziczalności analizowanych cech były dość wysokie (tab. 1). Wskazuje to na duży udział zmienności genetycznej w zmienności fenotypowej badanych cech. Najniższe współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie otrzymano we wszystkich pokoleniach w przypadku długości kłosa.

Współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie były na ogół niższe niż w szerokim sensie co sugeruje, że nieaddytywne efekty działania genów również odgrywają rolę w dziedziczeniu badanych cech.

Oszacowane współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie były na ogół zbliżone lub nieco niższe od podanych przez takich autorów, jak Sandha i wsp. (1980, 1991) Sadig i wsp. (1986) oraz Węgrzyn i wsp. (1996). Natomiast były wyższe od przedstawionych przez Behla i wsp. (1985), a także od otrzymanych w naszej poprzedniej pracy (Grzesik i Węgrzyn, 2000).



Rys. 1. Udział ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej w ogólnej zmienności mieszańców

Fig. 1. Proportion of general (GCA) and specific (SCA) combining ability in the hybrids variation

Tabela 1
Współczynniki odziedziczalności w wąskim (h^2w) i szerokim (h^2s) sensie kilku cech pszenżyta ozimego
Coefficients of heritability in a narrow (h^2w) and in a broad (h^2s) sense of some traits of winter triticale

Pokolenie Generation	Współczynnik odziedziczalności Coefficient of heritability	Długość źdźbła Culm length	Długość kłosa Ear length	Liczba ziaren z kłosa Grain number per ear	Masa ziaren z kłosa Grain weight per ear	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
F ₁	h^2w	0,33	0,12	0,54	0,38	0,89
	h^2s	0,99	0,81	0,94	0,89	0,97
F ₂	h^2w	0,86	0,54	0,94	0,76	0,89
	h^2s	0,92	0,63	0,96	0,86	0,89
F ₃	h^2w	0,92	0,69	0,84	—	0,67
	h^2s	0,92	0,92	0,84	—	0,84

WNIOSKI

1. Dziedziczenie analizowanych cech struktury plonu warunkowane jest addytywnym lub przewagą addytywnego nad nieaddytywnym działaniem genów.
2. Współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie w pokoleniu F₂ i F₃ były na ogół wysokie, co stwarza szansę selekcji ulepszonych genotypów pod względem tych cech.

LITERATURA

- Barker T. C., Varughese G. 1992. Combining ability and heterosis among eight complete spring hexaploid triticales lines. *Crop Sci.* 32: 340 — 344.
- Behl R. K., Singh V. P., Spalony L. 1985. Genetics of some grain characters in hexaploid triticales. *Genet. Pol.* 26: 479 — 485.
- Carillo J. M., Monteagudo A., Sanchez-Monge E. 1983. Inheritance of yield components and their relationship to plant height in hexaploid triticales. *Z. Pflanzenzüchtung* 90: 155 — 165.
- Cybulska-Augustyniak J., Rogalska S. 1992. Badanie zdolności kombinacyjnych form hexaploidalnego ozimego pszenżyta (*X Triticosecale* Wittmack). *Hod. Rośl. Nasien.* 3: 1 — 4.
- Falconer D. S. 1974. *Dziedziczenie cech ilościowych*. Warszawa.
- Gill K. S. 1986. Current status and future prospects of breeding triticales. In: *Triticales International Symposium*, Sydney, February 2–8 (compiled by N. L. Darvey). Published by: The Australian Institute of Agricultural Science, Sydney: 84 — 104.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 1998. Heterosis and combining ability in some varieties of triticales. In: *Proceedings of 4th International Triticales Symposium*, Red Deer, Alberta, Canada, July 26–31, 1998: 129 — 133.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2000. Odziedziczalność niektórych cech struktury plonu pszenżyta ozimego. *Folia Univ. Agri. Stetin.* 206 *Agricultura* (82): 89 — 92.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2002. Evaluation of combining ability in some varieties of winter triticales. *Proceedings of 5th Int. Triticales Symposium*, IHAR, Radzików, Vol. II: 291 — 297.
- Milovanovic M. S. 1998. Inheritance of primary spike length in 6x triticales. *Proceedings of 4th Int. Triticales Symposium*, Red Deer, Alberta, Canada, 1998: 40 — 43.
- Sadig M. S., Saleem M., Iqbal J. 1986. Genetic variation and selection in hexaploid triticales. In: *Triticales International Symposium*, Sydney February 2–8 (compiled by N. L. Darvey), Published by The Australian Institute of Agricultural Science, Sydney: 182 — 185.
- Sandha G. S., Pannu D. S., Gill K. S. 1980. The assessment of continuous variability for grain yield and other characters in triticales, *Cereal Res. Commun.* 8 (2): 401 — 408.
- Sandha G. S., Sharma K. S., Gill K. S., Dhindsa G. S. 1991. Studies on determining the contribution of different characters to grain yield in triticales. In: *Proceedings of the Second International Triticales Symposium*, Mexico: 93 — 97.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowania komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 — 13.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1995. Zdolność kombinacyjna pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 195/196: 5 — 11.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1996. Odziedziczalność plonu ziarna i cech struktury plonu pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 200: 139 — 143.
- Węgrzyn S., Grzesik H. 1996. The combining ability in some varieties and strains of winter triticales (*X Triticosecale* Witt.). *Plant Breed. Seed Sci.* 40: 3 — 4.

JERZY DRZEWIECKI**ELŻBIETA MAŁUSZYŃSKA**

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

Ocena trwałości cech pszenżyta metodą analizy elektroforetycznej białek nasion*

Evaluation of stability of triticale traits using electrophoretical analysis of seed proteins

W latach 1998–2000 z nasion przedbazowych pszenżyta ozimego Bogo i Presto (zebranych w 1996 roku, wysianych jesienią 1997 roku) prowadzono reprodukcję pszenżyta w trzech punktach doświadczalnych (AR Lublin, UWM Olsztyn i LT IHAR Sandomierz). Badano elektroforetycznie białka zapasowe w materiale wyjściowym obu odmian (przechowywanym w Banku Genów) i w nasionach trzeciej generacji zebranych w 2000 roku. Gliadyny ekstrahowano z pojedynczych ziarniaków i prób zbiorczych (50 ziarniaków zmielonych razem), a gluteniny tylko z pojedynczych ziarniaków. Potwierdzono heterogenność białek zapasowych badanych nasion. Presto było jednolite pod względem obrazu prolamin i glutenin, natomiast Bogo tylko obrazu glutenin. Obydwie odmiany charakteryzowały się stabilnością obrazu prolamin i glutenin, niezależnie od miejsca reprodukcji. Po trzech latach reprodukcji obrazy białek nasion były identyczne z materiałem wyjściowym.

Słowa kluczowe: białka zapasowe, elektroforeza, pszenżyto, reprodukcja, trwałość odmiany

The 3rd generation of pre-basic seed of winter triticale varieties Bogo and Presto was obtained in three locations (Lublin, Olsztyn and Sandomierz). Seeds of initial material stored in Gene Bank were sown as a control. The third generation of seeds and samples from Gene Bank were examined. The electrophoresis of prolamins and glutenins was performed for seeds collected in each location. The prolamins were extracted from singular seeds and from bulk samples (50 grains milled together). The glutenins were extracted only from singular seeds. It was confirmed that triticale seed storage proteins are heterogenous. Presto was uniform in its electrophoretic patterns of both gliadins and glutenins. Bogo was uniform only in its electrophoretic pattern of glutenin. The both varieties were stable in their electrophoretic patterns, independently on location of reproduction. After three years of reproduction the both examined varieties were identical by gliadin and glutenin patterns to the initial material.

Key words: electrophoresis, reproduction, seed proteins, stability of variety, triticale

* Praca wykonana w ramach projektu badawczego nr 5 O6B 049 15 finansowanego przez KBN

WSTĘP

Każda odmiana roślin uprawnych, aby mogła być wpisana do Rejestru Odmian musi być odrębna, wyrównana i trwała (Dziennik Ustaw RP nr 149, 1995). Weryfikacja tożsamości i ocena czystości genetycznej roślin na plantacjach nasiennych jest prowadzona w oparciu o cechy morfologiczne roślin. Stały wzrost liczby nowych odmian pszenżyta pochodzących często z krzyżowań materiałów genetycznie spokrewnionych utrudnia rozróżnianie odmian na podstawie morfologii roślin. Ponadto, wygląd rośliny może się zmieniać pod wpływem agrotechniki i warunków środowiska.

W celu weryfikacji tożsamości i oceny czystości genetycznej nasion opracowano bardziej niezawodne i powtarzalne metody laboratoryjne. Najczęściej jest używana elektroforeza białek nasion, a zwłaszcza białek zapasowych. Białka wyższych organizmów roślinnych są kodowane przez niewielką (około 10%), ale najistotniejszą pod względem genetycznym część genomu. *Loci* kodujące białka zawierają praktycznie całą podstawową informację genetyczną o procesach morfogenetycznych i metabolicznych organizmu. Obraz białek zapasowych nasion jest niezależną od środowiska cechą genotypową odmiany. Białka zapasowe zostały uznane za biochemiczne markery genetyczne (Wrigley, 1970; Cooke, 1984; Konarev, 2002). Opracowano szereg metod elektroforezy białek zapasowych nasion do oceny tożsamości i czystości genetycznej nasion zbóż i innych grup roślin (ISTA Electrophoresis Handbook, 1992). W celu weryfikacji tożsamości nasion pszenicy i jęczmienia Międzynarodowe Stowarzyszenie Oceny Nasion ISTA wprowadziło metodę rozdziału prolamin na żelu poliakrylamidowym (A-PAGE), w środowisku kwaśnym, pH 3,1 (Draper, 1987). Jak dotychczas analiza elektroforetyczna prolamin pszenżyta wzbudzała mniejsze zainteresowanie badaczy i firm nasiennych. U pszenżyta Makarska (2001) rozróżniła 7 odmian przy pomocy stosowanej dla pszenicy metody A-PAGE w buforze mleczanu glinu z kwasem mlekowym.

W praktyce nie bada się rutynowo prób pobranych z plantacji nasiennych, w celu oceny czystości genetycznej za pomocą metod elektroforetycznych. Nie jest to konieczne, a byłoby zbyt kosztowne (Pickett, 1988). Państwowa Inspekcja Ochrony Roślin i Nasiennictwa przeprowadza badania nasion metodami elektroforezy tylko w przypadku wątpliwości co do tożsamości nasion i ich czystości genetycznej, albo na życzenie importera.

O tym, że struktura genetyczna odmian może się jednak zmieniać (tzw. dryf genetyczny) komunikują badacze zajmujący się problemem zachowania żywotności i integralności genetycznej nasion z kolekcji banków genów (Breese, 1989; Roberts, 1991). Stoyanova (1996) wykazała zmiany proporcji biotypów gliadyn u polimorficznych pszenic z kolekcji banku genów — dwóch starych, kolekcyjnych i dwóch miejscowych. Alpateva i Gubareva (2002) zbadały starą, populacyjną, polimorficzną pszenicę Banatok z kolekcji VIR-u w St. Petersburgu. W obu przypadkach próby pszenic wysiewano przez trzy kolejne lata i badano dynamikę zmian częstotliwości występowania genotypów według biotypów gliadynowych. Nastąpiły istotne zmiany genetycznej struktury odmian. Przy pomocy testu przyspieszonego starzenia wykazano ponadto, że różne biotypy traciły zdolność kiełkowania z niejednakową szybkością (Stoyanova, 1996; Konarev, 1998).

Podstawowym problemem nasiennictwa pszenżyta jest pogarszanie się stopnia czystości nasion w kolejnych reprodukcjach na skutek zwiększenia udziału domieszek pszenicy i żyta (Grzelak i in., 1990; Kwiatkowski, 2000). Rozróżnianie ziarniaków pszenżyta i innych zbóż z reguły nie stwarza problemów, chociaż u odmian pszenżyta o ziarniakach bardzo podobnych wyglądem do pszenicy zaleca się stosować elektroforezę (Cooke i in., 1986).

Wiewióra i Małuszyńska (2002) nie stwierdziły pogorszenia się wartości siewnej nasion pszenżyta ozimego odmian Bogo i Presto reprodukowanego w latach 1997–2000, w trzech różnych warunkach środowiska, który jest materiałem badawczym w niniejszej pracy. Zaobserwowano jedynie większe porażenie nasion grzybami saprofitycznymi i patogenicznymi, szczególnie z rodzaju *Fusarium*. Ponadto, podczas wegetacji znajdowano nieliczne rośliny nietypowe. Badania cytogenetyczne i elektroforetyczne ich ziarniaków nie potwierdziły przypuszczenia, że aneuploidalność jest przyczyną pojawiania się roślin nietypowych (Małuszyńska i in., 2001).

Celem pracy było określenie trwałości cech dwóch odmian pszenżyta ozimego na podstawie badań elektroforetycznych nasion. Dokonano porównania obrazu gliadyn i glutenin nasion po trzyletnim okresie reprodukcji z obrazem gliadyn i glutenin materiału wyjściowego.

MATERIAŁ I METODY

W latach 1997–2000 prowadzono reprodukcję odmian Bogo i Presto w trzech punktach badawczych na polach doświadczalnych: Akademii Rolniczej w Lublinie, Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie i Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Sandomierzu. Analizowano materiał trzeciego pokolenia materiału wyjściowego, którym były nasiona przedbazowe (dawniej superelita) zebrane w 1996 roku i wysiane jesienią 1997 roku. Co roku, przed wysiewem nasiona wzorca obu odmian przechowywane w Banku Genów poddawano elektroforezie gliadyn i glutenin. Równocześnie, część materiału wyjściowego wysiewano w każdym punkcie badawczym jako kontrolę.

Obie odmiany w dwóch wariantach (reprodukcja i kontrola) wysiewano w izolacji przestrzennej na minipoletkach o wielkości 1 m² (4 dla każdego wariantu). Nasiona zbierano w 1998, 1999 i 2000 roku. Nasiona z wariantu reprodukcji, ze zbioru 2000 roku (trzecie pokolenie) poddano elektroforezie gliadyn i glutenin dla oceny trwałości genetycznej odmian.

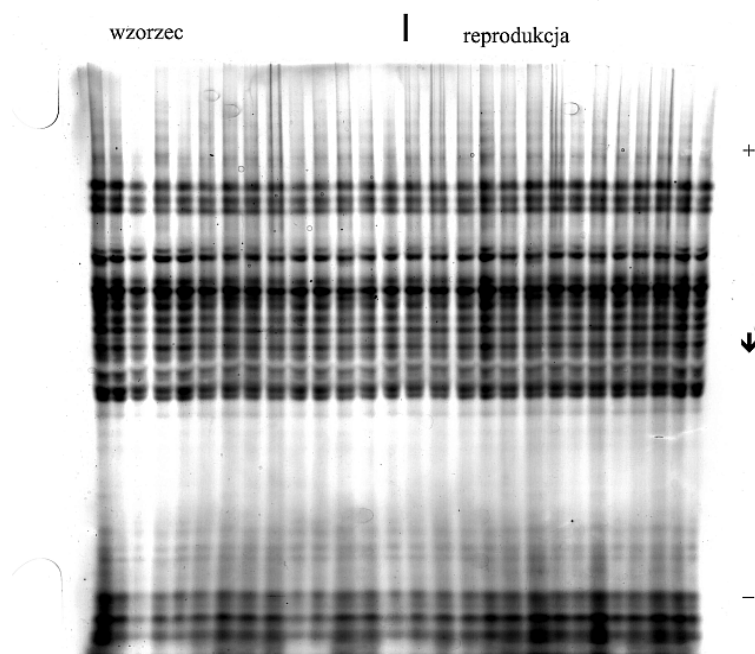
Ekstrakcja białek i elektroforeza

Prolaminy ekstrahowano w 100 µl 70% etanolu, w dwóch kombinacjach: z pojedynczych ziarniaków (w liczbie 200 dla wzorca i po 50 ziarniaków z każdego z poletek reprodukcji, z trzech miejsc doświadczalnych) i z naważek 40 mg tzw. prób zbiorczych otrzymanych z wymieszania i zmielenia losowo wybranych 50 ziarniaków (w wariantach wzorca i reprodukcji). Rozdział białek wykonano metodą "kwaśnej" elektroforezy (A-PAGE) w 7% żelu poliakrylamidowym, z użyciem barwników — fioletu metylenowego i zieleni metylenowej do wyznaczania przebiegu elektroforezy (Brzeziński, 1993). Gluteniny ekstrahowano 400 µl buforu Tris-HCl pH 7.85 z dodatkiem 2-merkaptetanolu, w dwóch

kombinacjach: z pojedynczych ziarniaków (w liczbie 200 dla wzorca i po 50 ziarniaków z każdego z poletek reprodukcji, z trzech miejsc doświadczalnych). Rozdział białek wykonano metodą elektroforezy SDS-PAGE w 10% żelu poliakrylamidowym, z zastosowaniem dwóch żeli zagęszczających, tzw. multistacking gels o stężeniach poliakrylamidu 4% i 6% (Brzeziński, 1993). Żele utrwalano i barwiono roztworem 0,002% Coomassie Blue R-250 z dodatkiem 5% TCA, odbarwiano 1% roztworem detergentu i suszono w folii polietylenowej nasączonej roztworem 10% glikolu etylenu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza obrazów elektroforetycznych uzyskanych dwiema metodami elektroforezy potwierdza heterogeny, polimorficzny charakter zapasowych białek nasion pszenżyta. Obraz gliadyn pojedynczych ziarniaków wzorca odmiany Presto był monomorficzny (jednoliniowy) i składał się z 37 prążków (spektra wszystkich ziarniaków identyczne, mogą wystąpić jedynie różnice intensywności zabarwienia prążków pomiędzy nasionami, rys. 1).

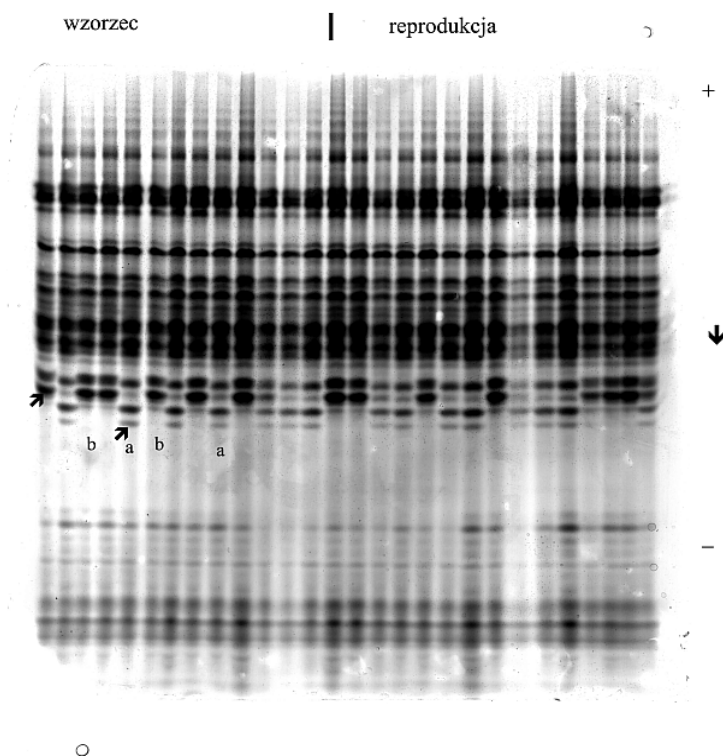


Rys. 1. Elektroforegram gliadyn pojedynczych ziarniaków wzorca pszenżyta Presto i zebranych z roślin trzeciego pokolenia reprodukcji w Olsztynie (zbiór 2000)

Fig. 1. The electrophoregram of gliadins of singular triticale grains (cv. Presto) of standard and collected from 3rd generation plants in Olsztyn (yield 2000)

Analiza elektroforegramów prolamin pojedynczych ziarniaków wzorca odmiany Bogo wykazała zróżnicowanie fenotypu białkowego odmiany w postaci polimorfizmu (tj:

dwuliniowości) w stosunku do gliadyn, ziarniaki linii pierwszej (oznaczonej "I") mają 44, a drugiej (oznaczonej "II") — 45 prążków (rys. 2). Określono częstotliwość występowania linii: I — 60%, II — 40%.

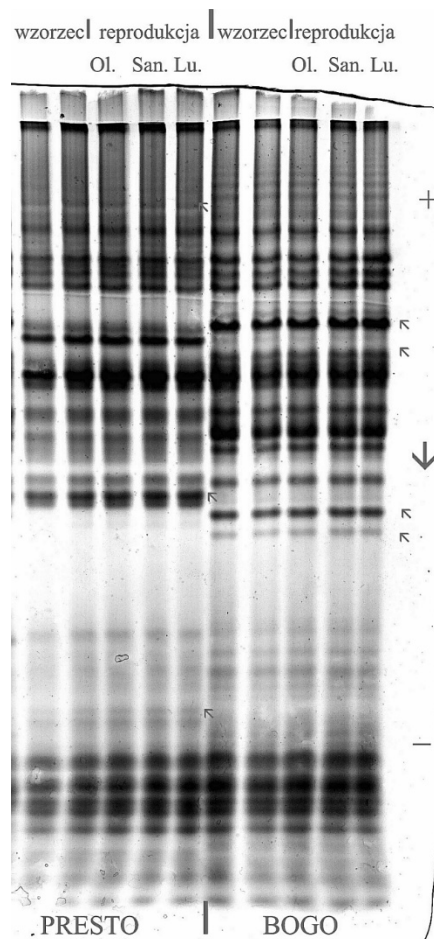


Rys. 2. Elektroforegram gliadyn pojedynczych ziarniaków wzorca pszenżyta Bogu i zebranych z roślin trzeciego pokolenia reprodukcji w Olsztynie (zbiór 2000). a — linia I, b — linia II. Strzałki pokazują prążki różnicujące linie

Fig. 2. The electrophoregram of gliadins of singular triticale grains (cv. Bogu) collected from control and 3rd generation plants in Olsztyn (yield 2000). I — biotype I, II — biotype II. The arrows show the differentiating bands

Po trzech latach reprodukcji obrazy białek obydwu odmian nie zmieniły się w porównaniu z wzorcem. Pozostał ten sam układ prążków i ich liczba. Nie znaleziono różnic w obrazie ziaren pomiędzy poletkami. U odmiany Bogu nie uległa zmianie częstotliwość występowania linii I i II (rys. 2). Metoda ekstrakcji gliadyn z prób zbiorczych pszenżyta nie poprawia efektywności oceny struktury genetycznej. Niemniej łatwiejsza staje się analiza elektroforetyczna takich prób. Obrazy są bardziej wyrównane, zanikają czasami występujące różnice intensywności analogicznych prążków pomiędzy nasionami, wynikające z naturalnej zmienności nasion. Powtórzenia prób zbiorczych (każde po 50

ziarniaków) dają identyczne obrazy. W elektroforegramie odmiany Bogo nie można rozróżnić dwóch linii, „zanika” polimorfizm gliadyn (rys. 3). Ułatwia to porównywanie na jednym żelu kilku prób (po 50 ziaren zmielonych razem) reprezentujących zbiory z różnych miejsc reprodukcji (rys. 3).



Rys. 3. Elektroforegram gliadyn ekstrahowanych z ziarniaków prób zbiorczych pszenżyta Presto i Bogo wzorca (5 powtórzeń dla każdej odmiany) i trzeciego pokolenia reprodukcji w Olsztynie (Ol.), Sandomierzu (Sa.) i Lublinie (Lu.), zbiór 2000 r. Kropki pokazują lokalizację prążków różnicujących odmiany

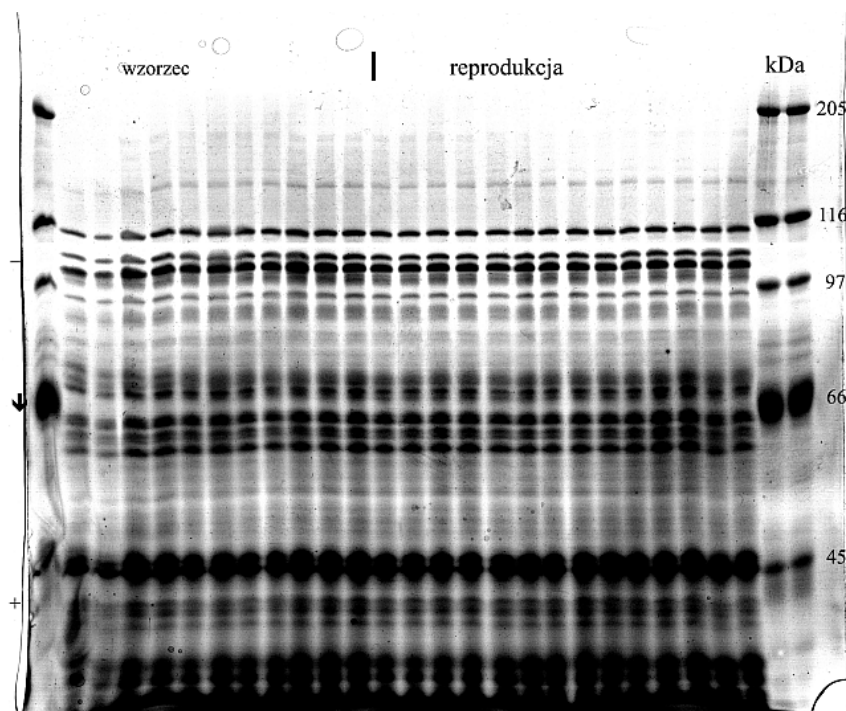
Fig. 3. The electrophoregram of gliadins extracted from grain bulk samples of triticale cv. Presto and Bogo for standard (5 replicates for each variety) and 3rd generation plants, in Olsztyn (Ol.), Sandomierz (Sa.) and Lublin (Lu.), yield 2000. The dots show bands which differ varieties

Elektroforetyczną analizę białek prób zbiorczych zaleca się przede wszystkim do badań tożsamości i identyfikacji roślin obcocyplnych, charakteryzujących się dużą, naturalną zmiennością genetyczną nasion, jak: żyto, życica, kostrzewa, koniczyna biała (Gardiner

i in., 1986; Handbook of Variety Testing ISTA, 1992). Zaletą tej metody jest „uśrednienie” zmienności genetycznej odmian. Uzyskane elektroforegramy białek mogą być markerem odmiany i jej cechą tożsamościową.

Obydwie odmiany były pod względem glutenin monomorficzne (tj. jednoliniowe, rys. 4, 5). Elektroforegramy składają się z 42 prążków (u Presto) i 38 prążków (u Bogo).

Nie stwierdzono zmian we frakcjach glutenin obydwu odmian po trzech latach reprodukcji, ani wpływu miejsca reprodukcji na obraz białek (rys. 4, 5). U obydwu odmian nie różniły się obrazy glutenin nasion zebranych z różnych poletek.

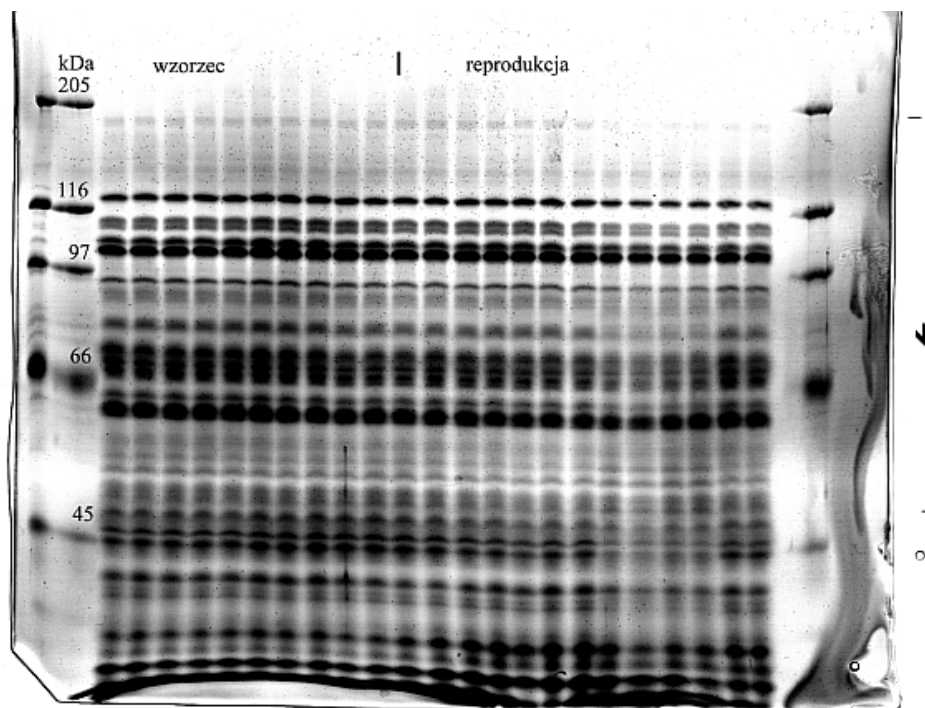


Rys. 4. Elektroforegram glutenin pojedynczych ziarniaków pszenżyta Presto wzorca i zebranych z roślin trzeciego pokolenia reprodukcji w Olsztynie (zbiór 2000). Kda — marker masy cząsteczkowej w kilodaltonach

Fig. 4. The electrophoregram of glutenins of singular triticale grains (cv. Presto) for standard and 3rd generation plants in Olsztyn (yield 2000). Kda — molecular weights (in kilodaltons) of reference marker proteins

Rezultaty niniejszych badań pozwalają na sformułowanie twierdzenia, że w analizowanym okresie reprodukcji, stosunkowo krótkim (trzy lata), nie zaszły zmiany w strukturze genetycznej u badanych odmian pszenżyta. Odmiany te okazały się stabilne. Stabilność genetyczna została zachowana zarówno u odmiany monomorficznej (Presto), jak i polimorficznej (Bogo). Nie zmieniły się nasiona wzorca z przechowalni, a przede wszystkim nasiona otrzymane z reprodukowanych roślin trzeciego pokolenia.

Nie są znane z literatury prace o trwałości genetycznej pszenżyta ocenianej metodami markerów elektroforetycznych, czy to pochodzącego wprost z produkcji nasiennej, czy też reprodukowanego z przechowalni banków genów. W przypadku pszenicy zaobserwowano niepokojące zjawisko zmian genetycznych w nasionach przechowywanych w bankach genów, mimo zachowywania optymalnych warunków przechowywania (Peneva i in., 2002).



Rys. 5. Elektroforegram glutenin pojedynczych ziarniaków pszenżyta Bogo wzorca i zebranych z roślin trzeciego pokolenia reprodukcji w Sandomierzu (zbiór 2000). Kda — marker masy cząsteczkowej w kilodaltonach

Fig. 5. The electrophoregram of glutenins of singular triticale grains (cv. Bogo) collected from control and 3rd generation plants in Sandomierz (yield 2000). Kda — molecular weights (in kilodaltons) of reference marker proteins

Świadczyłoby to o znaczącym, różnicującym wpływie starzenia się nasion na ich żywotność. Zjawisko takie zaobserwowano u odmian populacyjnych, polimorficznych, wieloliniowych (ziarniaki „wypadają” w różnym stopniu, w zależności od linii, zatem może zmieniać się proporcja linii), a nawet u monomorficznych, jednoliniowych, z chromatyną 1R, co wykazała Peneva i wsp. (2002). Autorki wykazały, że tylko u trzech (z badanych 19) odmian pszenicy ze zamienionym chromosomem 1B na 1R lub translokacją *T1BL-1RS*, o zróżnicowanym pochodzeniu geograficznym, reprodukowanych przez 1–2 lata nie nastąpiły zmiany genotypowe w postaci zmian fenotypu białkowego.

U pozostałych, w zależności od odmiany, od 14 do 90% ziarniaków zachowywało oryginalny, zgodny z wzorcem z kolekcji obraz gliadyn i glutenin. Autorki uważają, że najczęstszą przyczyną zmian jest eliminacja materiału genetycznego chromosomu *1RS*: na elektroforegramach nie widać charakterystycznego dla krótkiego ramienia chromosomu żyta *1RS* układu prążków gliadynowych określanych jako blok markerowy $\omega 234 \gamma 5$ (lub GLD 1B3). Istnieje zatem niebezpieczeństwo zmian struktury genetycznej, zawężenie zmienności odmian i utraty cennych dla hodowli i nauki cech biologicznych.

Badane odmiany pszenżyta okazały się stabilne. Nie stwierdzono obniżenia zdolności kiełkowania nasion w wyniku reprodukcji (Małuszyńska, 2002). Nie nastąpiło możliwe zjawisko dryftu genetycznego. Badano tylko dwie odmiany pszenżyta, przechowywane przez krótki okres i nie można kategorycznie twierdzić, że pszenżyto zachowuje się inaczej, jest bardziej trwałe. Być może zmiany genetyczne pszenicy były spowodowane dłuższym okresem przechowywania. O ile zmiany struktury genetycznej starych odmian pszenic polimorficznych po przechowywaniu są zrozumiałe i możliwe (nierównomierny spadek kiełkowania), o tyle zastanawiające jest, że odmiany pszenic z chromatyną R reprodukowane, ulegały większym lub mniejszym zmianom. Być może w przypadku niektórych odmian zbierano materiał zanieczyszczony, tym bardziej, że Peneva i wsp. (2002) przyznaje możliwość zanieczyszczenia mechanicznego. Pod względem czystości genetycznej odmiana Beno reprodukowana w dwóch miejscach, w pierwszym okazała się całkowicie zgodna z oryginałem, a w drugim jej czystość obniżyła się do 58%. Na błąd oceny w niektórych przypadkach mogła składać się także niedostateczna liczba analizowanych nasion (10 ziaren oryginału i 20–25 z reprodukcji), gdy do analizy czystości genetycznej (odmianowej) zaleca się rozdział dla minimum 50 ziarniaków (ISTA Electrophoresis Handbook, 1992).

W literaturze brak doniesień o zmianach struktury genetycznej zbóż podczas produkcji nasiennej. Jedynie Konovalov i wsp. (1992) stwierdził zmiany w proporcji biotypów gliadynowych u pszenicy jarej Akademitskaja. Cooke (inf. ustna, 2001) twierdzi na podstawie wieloletniego doświadczenia z monitorowaniem produkcji nasiennej metodą markerów białkowych, że pszenica nie wyradza się, nawet u odmian wieloliniowych. Jedynie u dwóch prób jęczmienia znaleziono w NIAB Cambridge zmiany, przypisane raczej zanieczyszczeniom w trakcie reprodukcji.

Zagadnienie wyradzania odmian jest zjawiskiem złożonym. Według Krzymuskiego (1994) przyczyny genetyczne wyradzania się odmian działają słabiej niż pogarszanie się wartości siewnej nasion spowodowane warunkami środowiskowymi i agrotechnicznymi. W produkcji nasiennej pszenżyta główną przyczyną obniżania jakości nasion, a w konsekwencji i wyradzania się są zamieszania mechaniczne nasionami innych odmian pszenżyta i zbóż (Kwiatkowski, 2000).

Celowa jest kontynuacja badań na następnych generacjach pszenżyta.

WNIOSKI

1. Nie stwierdzono różnicy obrazu elektroforetycznego białek zapasowych pomiędzy wzorcem a trzecią generacją pszenżyta odmian Bogo i Presto.
2. Odmiany Bogo i Presto były stabilne pod względem obrazu gliadyn i glutenin po trzyletniej reprodukcji.
3. W obrazie elektroforetycznym gliadyn prób zbiorczych ziarniaków odmiany Bogo nie widać polimorficznej zmienności nasion.
4. Elektroforegram gliadyn odmiany Bogo, uzyskany z prób zbiorczych nie może być wykorzystany do oceny czystości genetycznej prób ani struktury genetycznej odmian, ale może ułatwić weryfikację tożsamości i trwałości.

LITERATURA

- Alpatova N. V., Gubareva N. K. 2002. Analiz biotipnogo sostava staromestnyh sortov mjagkoj pszenicy iz kollekcii VIR v processe chranenija i reprodukcii. *Agrarnaja Rossija* 3: 28 — 30.
- Breese E. L. 1989. Regeneration and multiplication of germplasm resources in seed genebanks: The scientific background. IBPGR, Rome.
- Brzeziński W. 1993. Katalog elektroforetyczny pszenic polskich, *Wiadom. Odmianoznawcze* z. 54.
- Cooke R. J. 1984. The characterisation and identification of cultivars by electrophoresis. *Electrophoresis*. 5: 59 — 72.
- Cooke R. J., Smith T. M., Ainsworth C. C. 1986. Discrimination between bread wheat, durum wheat, rye and triticale by electrophoresis of seed proteins and enzymes. *Seed Sci. Technol.* 14: 693 — 704.
- Draper S. R. 1987. ISTA Variety committee report of the working group for biochemical tests for cultivar identification 1983–1986. *Seed Sci Technol.* 15: 431 — 434.
- Dziennik Ustaw RP nr 149 z 1995 r. Ustawa z dnia 24 listopada 1995 r. o nasiennictwie.
- Gardiner S. E., Forde M. B. 1986. The use of seed protein banding patterns for identification of pasture cultivars. *Proceedings of the New Zealand J. of Agr. Res.* 29: 193 — 206.
- Grzelak K., Małuszyńska E., Belotti J., Dul S. 1990. Czystość pszenżyta z plantacji nasiennych. *Biul. IHAR* 173/174: 185 — 190.
- Handbook of Variety Testing. Electrophoresis testing. 1992. ISTA ed. Zurich, Switzerland.
- Konarev A. V. 1998. Ispol'zovanie molekularnyh markeov v rabote s geniczeskimi resursami rastenij. *Sel'skochoz. Biol.* 5: 3 — 25.
- Konarev A. V. 2002. Adaptativnyj charakter molekularnogo polimorfizma i ego ispol'zovanie v reszeniji problem geniczeskich resursov rastenij i selkcii. *Agrarnaja Rossija*, 3: 4 — 11.
- Konovalov Y. B., Tukan K. F., Demkin P. P., Loshakova V. A. 1992. Izmenenija v sostave biotipov sorta bo vremja semenovodstva (na primere jarovej pszenicy Akademija). *Izvestija Timir. Sel. Akademii*. 1: 65 — 70.
- Krzymuski J. 1994. Optymalizacja częstotliwości wymiany odmian i zbóż. Cz. 4. Degeneracja nasion. *Biul. IHAR* 189: 141 — 149.
- Kwiatkowski J. 2000. Przyczyny i skutki degeneracji pszenżyta. *Postępy Nauk Rolniczych*, 6: 97 — 108.
- Makarska E. 2001. Określenie indeksu odmienności odmian pszenżyta ozimego metodą porównywania diagramów elektroforetycznych gliadyn. *Biul. IHAR* 220: 91 — 98.
- Małuszyńska E. 2002. Trwałość odmiany pszenżyta ozimego. *Hodowla Roślin i Nasiennictwo* 4: 7.
- Małuszyńska E., Drzewiecki J., Łapiński B. 2001. Tożsamość nietypowych roślin nietypowych pszenżyta na podstawie analizy elektroforetycznej i cytogenetycznej ziarniaków. *Biul. IHAR* 218/219: 251 — 259.
- Peneva T. I., Mitrofanova O. P., Konarev A. V. 2002. Belkovyje markery v analize geniczeskoj stabil'nosti sortov pszenicy, soderzjajuszchich chromatin 1R rzi. *Agrarnaja Rossija*. 3: 35 — 40.
- Pickett A. A. 1988. Factors affecting seed production of Triticale (*X Triticosecale* Wittm.). *Plant Varieties and Seeds* 1: 62 — 74.

- Roberts E. H. 1991. Genetic conservation in seed banks. *Biological Journal of the Linnean Society*. 43: 23 — 29.
- Stoyanova S. D. 1996. Variation of gliadins in wheat cultivars associated with seed survival and multiplication. *Seed Sci. Technol.* 24: 115 — 126.
- Wiewióra B., Małuszyńska E. 2002. Seed health of triticale in multiplication process. *Proceedings of the 5th International Triticale Symposium*, v. II, June 30-July 5, 2002, Radzików, Poland.
- Wrigley C. W. 1970 Protein mapping by combined gel electrofocusing and electrophoresis: Application to the study of genetic variations in wheat gliadins. *Biochemical Genetics* 4: 509 — 516.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy dziękują Prof. .dr. hab. Szymonowi Dziambie (AR Lublin), dr. Jackowi Kwiatkowskiemu (UWM Olsztyn) i dr. Krzysztofowi Klimontowi (LT IHAR Sandomierz) za dostarczenie nasion do wykonania niniejszej pracy.

MARIA MOŚ**TOMASZ WÓJTOWICZ**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza w Krakowie

Porównanie wskaźników wigoru ziarniaków pszenżyta jarego z uszkodzeniami porostowymi

Comparison of vigour indices of spring triticale seeds with sprouting damage

Badano wigor ziarniaków z uszkodzeniami porostowymi pszenżyta jarego przechowywanych przez okres 8 i 20 miesięcy. Wigor ziarniaków oceniony na podstawie zdolności kiełkowania, długości i suchej masy pierwszego liścia i najdłuższego korzenia oraz elektroprzewodnictwa eksudatów wód nastoinowych obniżał się ze wzrostem uszkodzeń porostowych. Zdolność kiełkowania wahała się od 41 do 76% u ziarniaków przechowywanych przez okres 8 miesięcy. Po 20 miesiącach przechowywania u ziarniaków z najsilniejszymi uszkodzeniami porostowymi spadła poniżej 10%. Podobnie kształtowała się długość i sucha masa pierwszego liścia i najdłuższego korzenia. Natomiast elektroprzewodnictwo wód nastoinowych wzrastało ze wzrostem uszkodzeń porostowych i okresem przechowywania. Współczynniki korelacji obliczone pomiędzy wynikami wskaźników wigoru oddzielnie dla każdego stopnia porastania uzyskiwały istotne, wzrastające wartości u ziarniaków z silniejszymi uszkodzeniami porostowymi. Dla ziarniaków z jawnym porostem wahały się od -0,790** do 0,987**. Nie stwierdzono natomiast istotnej korelacji pomiędzy wynikami metody konduktometrycznej a pozostałymi wskaźnikami wigoru dla ziarniaków kontroli.

Słowa kluczowe: pszenżyto jare, uszkodzenia porostowe, wigor

The vigour of seeds with sprouting damage stored for 8 and 20 months was examined. The vigour evaluated on the basis of germinability, length of the first leaf and length of the longest root, and electrical conductivity values of leachates, decreased simultaneously with an increase in sprouting damage. Germinability of seeds stored for 8 months ranged from 41 to 76%, while in the case of seeds stored for 20 months it dropped below 10%. The length and dry matter of the first leaf and the longest root showed a similar tendency. Electrical conductivity of leachates increased as sprouting damage and storage time increased. Coefficients of correlation between values of the vigour indices, calculated individually for every degree of sprouting damage, assumed significant and increasing values for seeds with greater sprouting damage, and for seeds with evident sprouting they ranged from -0.790** to 0.987**. For control seeds there was no significant correlation between the values of electrical conductivity and the other vigour indices.

Keywords: spring triticale, sprouting damage, vigour

WSTĘP

Wigor jest jednym z ważniejszych wskaźników jakości nasion, oceniany wieloma metodami bezpośrednimi i pośrednimi. Niektóre z nich zostały opracowane dla pojedynczych gatunków jak np. zimny test dla kukurydzy po raz pierwszy opisany przez Hoppe'a (1956), a następnie stosowane dla innych gatunków jak bawełna (Mahdi i in., 1971), sorgo (Pinthus, Rosenblum, 1961), soja (Ferris, Baker, 1990). Podobnie metoda konduktometryczna została opracowana dla roślin strączkowych (Bedford, 1974), stosowana jest również dla motylkowatych (Hampton i in., 1994), traw (Marshall, Naylor, 1985; Happ i in., 1993) i zbóż (Ram, Weisner, 1988; Sobieraj i in., 1988; Moś i in., 2000). Jednak nie zawsze stosowanie jednej metody w ocenie wigoru pozwala na uzyskanie wyników, które będą odzwierciedlać wschody polowe. Dodatkowym problemem w ocenie wigoru może być stan fizjologiczny nasion, różnego rodzaju uszkodzenia w tym również porostowe. Nie wiadomo, które ze stosowanych metod oceny wigoru dla ziarniaków z uszkodzeniami porostowymi dają miarodajne i powtarzalne wyniki.

Celem badań było oznaczenie wigoru ziarniaków pszenżyta jarego z uszkodzeniami porostowymi, przechowywanych przez okres 8 i 20 miesięcy. W badaniach zastosowano metody bezpośrednie i pośrednie oceny wigoru, a następnie określono ich współzależność, na podstawie której można ocenić przydatność zastosowanych metod.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem do badań były ziarniaki pszenżyta jarego odmian Gabo, Migo i Wanad, które bezpośrednio po zbiorze i omłocie poddano indukcji porastania w warunkach laboratoryjnych. Wyróżniono następujące stopnie uszkodzeń porostowych: ziarniaki z pękniętą okrywą owocowo-nasienną w okolicy zarodka (1°), ziarniaki z widocznymi zawiązkami kielka i korzonka (2°), ziarniaki, które wykształciły kielkę i korzonek (3°) oraz ziarniaki, które wykształciły kielkę i trzy korzonki (4°). W badaniach uwzględniono również ziarniaki kontrolne (K), nie poddawane indukcji porastania. Następnie przechowywano je w warunkach magazynowych przez okres 8 i 20 miesięcy. Ocenę wigoru przeprowadzono metodami bezpośrednimi: oznaczono zdolność kiełkowania, długość i suchą masę pierwszego liścia i najdłuższego korzenia. Do kiełkowników Szmala wysiewano po 50 ziarniaków każdego stopnia uszkodzeń porostowych oraz ziarniaki kontroli 3 odmian. Oznaczenia wykonano w 4 powtórzeniach. Ocenę zdolności kiełkowania przeprowadzono po 8 dniach, długość i suchą masę pierwszego liścia i najdłuższego korzenia oznaczono w tym samym terminie dla normalnie wykształconych siewek. Zastosowano również pośrednią metodę konduktometryczną, którą wykonano w 4 powtórzeniach po 50 ziarniaków o wilgotności >15% zalewano 200 ml wody zdejonizowanej. Ziarniaki z uszkodzeniami porostowymi przykrywano plastikową siatką, aby umożliwić ich zanurzenie w wodzie. Po 24 h wykonano oznaczenia elektroprzewodnictwa eksudatów za pomocą mikrokomputerowego konduktometru CC-551.

Wyniki opracowano stosując dwuczynnikową analizę wariancji, w której badanymi czynnikami były stopnie uszkodzeń porostowych i odmiany. Każde powtórzenie znajdo-

wało się w oddzielnej kuwecie, dlatego w obliczeniach potraktowano powtórzenia jako bloki. Testowanie przeprowadzono według modelu stałego. Dla wyodrębnionych źródeł zmienności oszacowano komponenty wariancji. Obliczono korelację pomiędzy wynikami oceny wigoru uzyskanymi w poszczególnych metodach oddzielnie dla każdego stopnia uszkodzeń porostowych.

WYNIKI

Średnia zdolność kiełkowania ziarniaków przechowywanych przez okres 8 miesięcy wahała się od 41%–76%. Istotny jej spadek zaobserwowano u ziarniaków z największymi uszkodzeniami porostowymi (3 i 4°). Ziarniaki 3 i 4° przechowywane przez okres 20 miesięcy wykazały znacznie wyższy spadek zdolności kiełkowania (tab. 1).

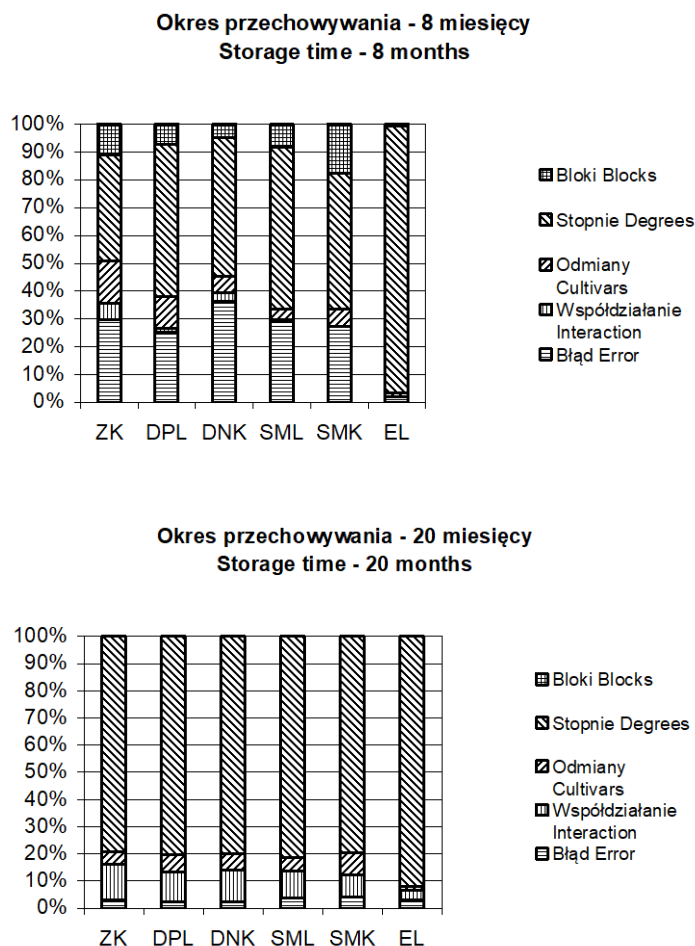
Tabela 1

Średnie wartości wskaźników wigoru ziarniaków z uszkodzeniami porostowymi pszenżyta jarego przechowywanego przez okres 8 i 20 miesięcy
Mean values of vigour indices of spring triticale seeds with sprouting damage after storage for 8 and 20 months

Wskaźniki wigoru Vigour indices	Okres przechowywania Time of storage											
	8 miesięcy 8 months						20 miesięcy 20 months					
	stopnie porastania degrees of sprouting						stopnie porastania degrees of sprouting					
	K	1°	2°	3°	4°	NRI	K	1°	2°	3°	4°	NRI
Zdolność kiełkowania Germination ability (%)	71	76	65	55	41	5,8	75	67	50	11	3	3,6
Długość pierwszego liścia Length of the first leaf (mm)	77	86	72	56	33	11,5	88	71	44	11	1	5,3
Długość korzenia Length of the longest root (mm)	81	93	75	63	39	14,2	88	72	42	10	1	5,4
Sucha masa pierwszego liścia Dry weight of the first leaf (mg)	273	322	278	205	139	41,3	328	270	174	45	10	23,4
Sucha masa korzeni Dry weight of the roots (mg)	232	287	231	173	93	44,4	238	209	127	37	13	19,1
Elektroprzewodnictwo Electrical conductivity ($\mu\text{Scm}^{-1}\text{g}^{-1}$)	157	118	173	240	336	10,2	194	174	223	373	505	21,9

Wyniki te są zgodne z wcześniejszymi badaniami Moś (1999) prowadzonymi dla pszenżyta ozimego, w których ziarniaki z uszkodzeniami porostowymi przechowywano przez okres 6–12 miesięcy. Według Elias i Copeland (1991) Stahl, Steiner (1996) zwiększający się stopień uszkodzeń porostowych powoduje większe obniżenie zdolności kiełkowania zróżnicowane u różnych gatunków zbóż. U ziarniaków przechowywanych przez okres 20 miesięcy oprócz istotnego zróżnicowania pojedynczych czynników stwierdzono również istotne współdziałanie odmian z uszkodzeniami porostowymi. U odmiany Gabo, o najniższej zdolności kiełkowania kontroli (64,5%) ziarniaki z uszkodzeniami porostowymi 3 i 4° charakteryzowały się zdolnością kiełkowania poniżej 10%, podobnie u odmiany Migo, której zdolność kiełkowania ziarniaków kontroli przyjmowała wyższe

wartości (81,3%). Natomiast zdolność kiełkowania odmiany Wanad, której ziarniaki kontroli uzyskiwały wartości zbliżone do odmiany Migo, obniżyła się do 36,9–38,9% u ziarniaków 2 i 3°uszkodzeń porostowych. U ziarniaków z najsilniejszymi uszkodzeniami porostowymi spadła poniżej 10%. Zaobserwowano również podobne tendencje redukcji długości i suchej masy pierwszego liścia i najdłuższego korzenia w zależności od stopnia uszkodzeń porostowych ziarniaków.



Rys. 1. Procentowy udział wyodrębnionych źródeł zmienności wskaźników wigoru (ZK — zdolność kiełkowania, DPL — długość pierwszego liścia, DNK — długość najdłuższego korzenia, SML — sucha masa liścia, SMK — sucha masa korzeni, EL — elektroprzewodnictwo)

Fig. 1. Percentages of variance components for the sources of variation in the vigour indices (ZK — germination ability, DPL — length of the first leaf, DNK — length of the longest root, SML — dry weight of the leaves, SMK — dry weight of the roots, EL — electrical conductivity)

Tabela 2

Współczynniki korelacji liniowej pomiędzy badanymi wskaźnikami wigoru pszenżyta jarego
Coefficients of simple correlation between spring triticale seeds vigour indices

Stopnie porastania Degrees of sprouting	Korelowane wskaźniki Correlated indices	Zdolność kiełkowania Germination ability	Długość pierwszego liścia Length of the first leaf	Długość korzenia Length of the longest root	Sucha masa liści Dry weight of the leaves	Sucha masa korzeni Dry weight of the roots
K	elektroprzewodnictwo electrical conductivity	0,062	0,095	0,255	0,213	0,089
	zdolność kiełkowania germination ability		0,885**	0,196	0,858**	0,731**
	długość pierwszego liścia length of the first leaf			0,179	0,891**	0,827**
	długość korzenia length of the longest root				0,210	0,008
	sucha masa liści dry weight of the leaves					0,702**
1°	elektroprzewodnictwo electrical conductivity	-0,395	0,414**	-0,520*	-0,402	-0,403
	zdolność kiełkowania germination ability		0,911**	0,923**	0,956**	0,832**
	długość pierwszego liścia length of the first leaf			0,974**	0,977**	0,915**
	długość korzenia length of the longest root				0,967**	0,891**
	sucha masa liści dry weight of the leaves					0,919**
2°	elektroprzewodnictwo electrical conductivity	-0,326	-0,527*	-0,593*	-0,511*	-0,539*
	zdolność kiełkowania germination ability		0,911**	0,868**	0,828**	0,795**
	długość pierwszego liścia length of the first leaf			0,983**	0,952**	0,927**
	długość korzenia length of the longest root				0,954**	0,898**
	sucha masa liści dry weight of the leaves					0,898**
3°	elektroprzewodnictwo electrical conductivity	-0,790**	-0,831**	-0,791**	-0,855**	-0,741**
	zdolność kiełkowania germination ability		0,832**	0,608*	0,973**	0,906**
	długość pierwszego liścia length of the first leaf			0,965**	0,899**	0,821**
	długość korzenia length of the longest root				0,781**	0,703**
	sucha masa liści dry weight of the leaves					0,929**
4°	elektroprzewodnictwo electrical conductivity	-0,898**	-0,859**	-0,849**	-0,811**	-0,819**
	zdolność kiełkowania germination ability		0,970**	0,927**	0,934**	0,910**
	długość pierwszego liścia length of the first leaf			0,987**	0,970**	0,959**
	długość korzenia length of the longest root				0,964**	0,933**
	sucha masa liści dry weight of the leaves					0,916**

Odmienne kształtowały się wartości elektroprowadnictwa eksudatów wód nastoinowych, które istotnie wzrastały wraz ze wzrostem uszkodzeń porostowych. U ziarniaków przechowywanych przez okres 8 miesięcy średnie wartości wahały się od 118 do 336 $\mu\text{Scm}^{-1}\text{g}^{-1}$. Dłuższy okres przechowywania, 20 miesięcy, spowodował wzrost wartości elektroprowadnictwa eksudatów wód nastoinowych, które wahały się od 174 do 555 $\mu\text{Scm}^{-1}\text{g}^{-1}$. Istotne współdziałanie badanych czynników wskazuje na różną reakcję odmian w zależności od uszkodzeń porostowych ziarniaków. U odmiany Gabo kontrola i ziarniaki z uszkodzoną okrywą owocowo-nasienną w okolicy zarodka charakteryzowały się podobnymi wartościami. Ziarniaki z uszkodzoną okrywą owocowo-nasienną w okolicy zarodka u odmian Migo i Wanad uzyskiwały istotnie niższe wartości elektroprowadnictwa w porównaniu do kontroli. We wcześniejszych badaniach elektroprowadnictwa ziarniaków pszenżyta ozimego Moś i wsp. (2000) uzyskali podobnie niższe wartości dla ziarniaków z porostem ukrytym. Również u pobudzonych ziarniaków kukurydzy Parera, Cantliffe (1994) obserwowali zmniejszony wyciek elektrolitów wód nastoinowych. U pozostałych ziarniaków z rosnącymi uszkodzeniami porostowymi obserwowano wzrost wartości elektroprowadnictwa, który wynikał z łatwiejszego dostępu wody do ich wnętrza, co sprzyjało wydostawaniu się substancji rozpuszczalnych do wody, w której znajdowały się ziarniaki.

Oszacowane komponenty wariancji dla źródeł zmienności wyodrębnionych w analizach wariancji wyników uzyskanych w zastosowanych metodach oceny wigoru wykazały najwyższy procentowy udział stopni uszkodzeń porostowych ziarniaków w ogólnej zmienności na który przypadało od 38,0 do 96,0% (rys. 1).

Współczynniki korelacji pomiędzy zastosowanymi wskaźnikami wigoru obliczone oddzielnie dla każdego stopnia uszkodzeń porostowych ziarniaków i kontroli uzyskiwały istotne, wzrastające wartości u ziarniaków z silniejszymi uszkodzeniami porostowymi. Ziarniaki kontroli wykazały znacznie niższą lub nieistotną korelację pomiędzy zastosowanymi metodami (tab. 2). Uzyskane wyniki wskazują na możliwość wykorzystania bezpośrednich metod oraz metody konduktometrycznej w ocenie wigoru ziarniaków z uszkodzeniami porostowymi.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotny wpływ uszkodzeń porostowych ziarniaków na obniżenie wigoru oznaczonego na podstawie zdolności kiełkowania, długości i suchej masy pierwszego liścia i najdłuższego korzenia normalnie wykształconych siewek po 8 i 20 miesiącach przechowywania ziarniaków.
2. Oceniając wigor po 20 miesiącach przechowywania ziarniaków wykazano wysoce istotne współdziałanie stopni uszkodzeń porostowych i odmian, które wskazuje na różne kształtowanie się wskaźników wigoru badanych odmian w zależności od stopnia uszkodzeń porostowych.
3. Spośród badanych źródeł zmienności największy wpływ na wskaźniki wigoru wywarły uszkodzenia porostowe na które przypadało od 38,0 do 96,0% ogólnej zmienności.

4. Wysoce istotne współczynniki korelacji pomiędzy zastosowanymi wskaźnikami wigoru u ziarniaków z porostem jawnym (3, 4°) wskazują na ich przydatność w ocenie wigoru ziarniaków z uszkodzeniami porostowymi.

LITERATURA

- Bedford L. V. 1974. Conductivity tests in commercial and hand harvested seed of pea cultivars and their relation to field establishment. *Seed Sci. Technol.* 2: 323 — 335.
- Elias S., Copeland L.O. 1991. Effect of preharvest sprouting on germination, storability and field performance of red and white wheat seed. *J. Seed Technol.* 15: 67 — 78.
- Ferris R. S., Baker J. M. 1990. Relationship between soybean seed quality and performance in soil. *Seed Sci. Technol.* 18: 51 — 73.
- Hampton J. G., Lungwangwa A. L., Hill K. A. 1994. The bulk conductivity test for Lotus seed lots. *Seed Sci. Technol.* 22: 177 — 180.
- Happ K., McDonald M. B., Dannenberger T. K. 1993. Vigour testing in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) seeds. *Seed Sci. Technol.* 21: 375 — 383.
- Hoppe P. E. 1956. Correlation between corn germination in laboratory cold test and stands in the field. *Plant Disease Reporter*, 40: 887 — 889.
- Mahdi M. T., Lofti A. A., Shiltway E., Farag F. F. 1971. Cold test of cotton seed, *Proceed. of ISTA*, 36: 279 — 287.
- Marshall A. H., Naylor R. E. L. 1985. Seed vigour and field establishment in Italian ryegrass *Lolium multiflorum* Lam., *Seed Sci. and Technol.* 13: 781 — 794.
- Moś M. 1999. Wpływ uszkodzeń porostowych na wigor ziarniaków pszenżyta. *Pam. Puł.* 114: 275 — 281.
- Moś M., Binek A., Wójtowicz T. 2000. Estimation of seed vigour in winter triticale using the conductivity method. *Acta Agraria et Silv. Ser. Agraria*, 38: 27 — 33.
- Parera C. A., Cantliffe D., J. 1994. Presowing seed treatments of enhance supersweet sweet corn seed and seedling quality. *Hort. Sci.* 29: 277 — 278.
- Pinthus M. J., Rosenblum J. 1961. Germination and seedling emergence of sorghum at low temperatures. *Crop Sci.*, 1: 293 — 296.
- Ram C., Weisner L. E. 1988. Effect of artificial ageing on physiological and biochemical parameters of seed quality in wheat. *Seed Sci. Technol.* 16: 579 — 587.
- Sobieraj E., Górecki J., Rejowski A. 1988. Vigour of ageing triticale grains at different maturity. *Qualitätsaatgut — Produktion und Ertragsbeeinflussung. Kongress — und Tagungsberichte der M-L- Univ. Halle-Wittenberg*, 2: 388 — 395.
- Stahl M., Steiner A. M. 1996. Das Wurzelneubildungsvermögen von Auswuchskörnern bei Getreidearten. *Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft der Saatzuchtleiter im Gumpenstein*. 109 — 118.

STANISŁAW WĘGRZYN**ANDRZEJ BICHONSKI**

Zakład Roślin Zbożowych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

Ocena przydatności form jęczmienia jarego jako komponentów rodzicielskich w hodowli

Estimation of usefulness of spring barley forms as parental components in breeding

Badano zdolność kombinacyjną 12 odmian i rodów jęczmienia jarego browarnego pod względem lepkości brzezki, procentowej zawartości białka ogółem w ziarnie jęczmienia i ekstraktywności słoju w pokoleniu F₅. Przeprowadzona analiza wariancji wykazała wysoce istotną wartość średniego kwadratu dla wszystkich badanych cech. Przeanalizowano efekty krzyżowania form rodzicielskich i efekty uzyskanych mieszańców. Wykazano większy wpływ kombinacji krzyżowania niż samych rodziców dla lepkości brzezki, procentowej zawartości białka w jęczmieniu i ekstraktywności mąki. Na tej podstawie wskazano grupę odmian korzystnie przekazujących na potomstwo cechy oraz wytypowano perspektywiczne kombinacje krzyżowania.

Słowa kluczowe: analiza wariancji, jakość, jęczmień jary

The combining ability was analyzed for 12 spring barley cultivars and strains in respect of wort viscosity, total protein content of grain and fine grind extract, basing on the F₅ generation derived from crosses made in the years 1996–1998. The analysis of variance proved high significance of mean squares for all the traits. The effects of parental forms and effects of crossing were analyzed. A higher influence was shown for cross combination than for the parents themselves for wort viscosity, total protein content of grain and fine grind extract. Basing on the results, the group of varieties was shown, which transmitted well the characters to progeny, and the prospective cross combinations were selected.

Key words: analysis of variance, spring barley, quality

WSTĘP

Jednym ze sposobów umożliwiających osiągnięcie wysokich efektów hodowlanych jest właściwy dobór rodziców do krzyżowania (Singh i in., 1999; Swanston i in., 2000; Marquez-Cedillo i in., 2000; Pochaba i in., 2000; Schut i Dourleijn, 2000; Virk i in., 2000). Najskuteczniejszym kryterium tego doboru jest zdolność odmiany do tworzenia wartościowego potomstwa, czyli zdolność kombinacyjna (Węgrzyn i in., 1996, 2000; Śmiałowski i Węgrzyn, 2000; Śmiałowski i in., 1999). Oszacowanie tej zdolności dla materiałów wyjściowych pozwala na uniknięcie kosztownych krzyżowań z formami, które

nie przekazują na potomstwo swoich korzystnych cech. Na ogół ocenę zdolności kombinacyjnej przeprowadza się na pokoleniu F_1 lub F_2 , kiedy heterozygotyczność jest bardzo duża. W tym celu trzeba wykonać specyficzne kombinacje krzyżowania. Można również dokonać oceny zdolności kombinacyjnej określonej przydatności form rodzicielskich do krzyżowania, na podstawie rodów hodowlanych. Węgrzyn i wsp. (1993, 1995, 1996), Bhullar i wsp. (1979), Haniš i Hanišova (1983), Lu i wsp. (2000) uważają, że ocenę zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich można przeprowadzić na materiałach hodowlanych starszych pokoleń. Do oceny zdolności kombinacyjnej można stosować różne metody krzyżowań. Jednym z bardziej wszechstronnych modeli krzyżowania jest układ czynnikowy, który pozwala na ocenę ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej (Węgrzyn, 1996). W pracach Bhullarda i wsp. (1979), Haniša i wsp. (1983), w których analizowano kilka cech ilościowych w pokoleniach F_1 – F_5 zaobserwowano podobieństwo uzyskanych wyników oceny efektów ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej dla pięciu pokoleń i sugerowano prowadzenie badań w późniejszych generacjach.

Celem niniejszej pracy było określenie przydatności kilkunastu form jęczmienia jarego browarnego jako komponentów rodzicielskich w hodowli dla trzech cech, tj. procentowej zawartości białka w jęczmieniu, ekstraktywności mąki i lepkości brzezki.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym było 490 rodów jęczmienia jarego browarnego, wyprowadzonych z 25 kombinacji krzyżowania w obrębie 10 form matecznych i 11 form ojcowskich. Wykonano tylko te kombinacje krzyżowania, które miały sens z punktu widzenia hodowlanego. Schemat krzyżowania i liczba rodów dla poszczególnych kombinacji ilustruje tabela 1.

Tabela 1

Liczba rodów biorących udział w krzyżowaniu i schemat krzyżowania
Number of strains participating in the analysis and the scheme of crossing

Matki Female	Ojcowie Male	Rudzik	Maresi	Rodos	Mobek	Atol	Krona	Start	Scarlett	Elisa	Gabi	STH 2196	Liczba rodów dla matek Number of strains for females
NS 84160.11.4.14.6		20	10	6	10								46
Rudzik				6		34	5						45
Maresi				31	7			5					43
Rodos					25		17	21					63
Start					26	28							54
Atol									18				18
Scarlett							22			3	17	60	102
Elisa							14				16		30
Gabi							35					27	62
Krona												27	27
Liczba rodów dla ojców Number of strains for males		20	10	43	68	62	93	26	18	3	33	114	490

Liczebność rodów w kombinacjach krzyżowania była różna i wahała się od 3 do 60. Rody te stanowiły pokolenie F₅. Badaniami objęto trzy cechy tj. procentową zawartość białka w ziarnie, zawartość ekstraktu w słodzie i lepkość brzezki. Oceny tych cech wykonano metodami standardowymi (Bichoński, Burek; 2000) w Pracowni Biochemii i Technologii Zbóż w Krakowie. Uzyskane wyniki badań opracowano statystycznie. W pierwszym etapie analizę wariancji przeprowadzono według modelu jednokierunkowego z różną liczebnością w podklasach. Analiza wariancji polegała na podziale zmienności całkowitej na zmienność pomiędzy kombinacjami krzyżowania i zmienność wewnątrz kombinacji. Ten ostatni składnik stanowi zmienność w podklasie, który nazwano zmiennością „resztową”. W jej skład wchodzi zmienność losowa i zmienność genetyczna między rodami w obrębie podklasy, czyli danej kombinacji krzyżowania. Dla oceny wielkości tej zmienności obliczono współczynnik zmienności, czyli odchylenie standardowe ze składnika „reszta”, wyrażone w procentach średniej arytmetycznej. Jeżeli współczynnik ten będzie miał wartość większą od 5%, to należy wnioskować, że występuje zmienność genetyczna między rodzicami w obrębie krzyżowania. Średni kwadrat zmienności „resztowej” służył również do testowania hipotezy o braku różnic między kombinacjami krzyżowania. Jeśli więc test F wykazał istotność różnic pomiędzy kombinacjami krzyżowania, to przeprowadzono drugi etap analizy wariancji wg modelu:

$$x_{ij} = \mu + g_i + g_j + c_{ij} \quad (1)$$

gdzie:

x_{ij} — jest średnią wartością rodów dla kombinacji krzyżowania i -tej matki z j -tym ojcem,

μ — jest średnią dla wszystkich badanych rodów,

g_i i g_j — są wartościami genetycznymi, odpowiednio dla formy matecznej i ojcowskiej

c_{ij} — jest efektem krzyżowania i -tej matki z j -tym ojcem, a więc wynikiem rekombinacji genów obydwóch rodziców.

Aby znaleźć wartości c_{ij} , które nas najbardziej interesują, należy wcześniej oszacować wartości $\hat{\mu}$, $\hat{g}_i$, $\hat{g}_j$ w równaniu (1). Wartości te znajdziemy z analizy wariancji według dwukierunkowej klasyfikacji, gdzie jeden kierunek wyznaczają formy mateczne, drugi zaś formy ojcowskie. Następnie sumy kwadratów i liczby stopni swobody dla matek i ojców połączono razem, aby otrzymać składnik zmienności rodziców (EGP). Składnik ten jest odpowiednikiem ogólnej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich. Z różnicy zaś pomiędzy sumą kwadratów dla kombinacji, otrzymanej w pierwszym etapie analizy, a sumą kwadratów dla rodziców otrzymano składnik, który charakteryzuje interakcję między formami matecznymi i ojcowskimi (EGC). W klasycznej analizie wariancji jest on składnikiem swoistej zdolności kombinacyjnej. W naszym przypadku istotność tego składnika wskazywać będzie na obecność efektu krzyżowania. Jeśli składnik ten, testowany do średniego kwadratu wewnątrz kombinacji, czyli „reszty” był istotny, to oszacowano efekty c_{ij} z równania (1), czyli:

$$\hat{c}_{ij} = x_{ij} - \hat{\mu} - \hat{g}_i - \hat{g}_j \quad (2)$$

a ich istotność, różną od zera, testowano testem „t”, zaś istotność średnich kwadratów odchyłeń w analizie wariancji weryfikowano testem „F”.

WYNIKI

Analiza wariancji dla trzech cech (tab. 2) wykazała wysoce istotne zróżnicowanie między kombinacjami krzyżowania. Świadczy to o genetycznym zróżnicowaniu badanych odmian, które zostały wykorzystane jako formy rodzicielskie w ocenianych kombinacjach krzyżowania. Z wielkości średnich kwadratów wyliczonych dla rodziców i kombinacji krzyżowania można wnioskować, że odpowiedni dobór form rodzicielskich w przeprowadzonych kombinacjach krzyżowania był bardziej istotny, niż wynikałoby to z oznaczonych efektów krzyżowania dla poszczególnych form rodzicielskich. Podobne zjawisko, ale na materiale heterozygotycznym, zostało opisane w publikacjach Węgrzyna i wsp. (1970, 1980), Lipińskiej (1985), Webera (1991), Eissa i wsp. (1994), Lonca i wsp. (1993, 1995) oraz Scheerena i wsp. (1995), którzy obserwowali przewagę swoistej nad ogólną zdolnością kombinacyjną.

Tabela 2

Analiza wariancji dla trzech cech technologicznych z 25 kombinacji krzyżowania jęczmienia jarego
Analysis of variance for three technological traits in 25 cross combinations of spring barley

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares		
		Lepkość brzezki (mPa.s) Wort viscosity	Białko ogółem jęczmienia (%) Total protein content of grain	Ekstrakt mąki (%) Fine grind extract
Kombinacje krzyżowania Cross combinations	24	0,1151**	6,1026**	9,7832**
Efekty genetyczne rodziców/ EGP Genetic effects of parents	19	0,0950**	3,8284**	6,2459**
Efekty genetyczne krzyżowania/EGC Genetic effects of crossing	5	0,1912**	17,1876**	23,2247**
Wewnątrz kombinacji Within combinations	465	0,0029	0,3296	2,3091
Średnia Mean		1,65	13,07	81,13
CV%		3,3	2,7	2,4

*, ** — Istotne odpowiednio dla 0,05 i 0,01

*, ** — Significant at levels 0.05 and 0.01 respectively

Wyniki oszacowanych efektów form rodzicielskich (EGP) i efektów krzyżowania (EGC) przedstawiono w tabeli 3. Do odmian charakteryzujących się wysokimi efektami EGP w kierunku obniżenia lepkości brzezki można zaliczyć Kronę i NS 84160.11.4.14.6, natomiast EGC mieszańce Maresi × Start i NS 84160.11.4.14.6 × Rodos. Odmiana Scarlett i mieszańce Elisa × Krona, Maresi × Mobek, Scarlett × Gabi oraz Gabi × STH 2196 istotnie zwiększały lepkość. Chociaż niektóre z pozostałych odmian wykazywały tendencje w kierunku zmniejszenia lub zwiększenia lepkości brzezki, a ich efekty były istotnie różne od zera, to jednak nie powodowały większych zmian w lepkości. Podobnie sytuacja przedstawia się u mieszańców (tab. 3).

Tabela 3

Średnie wartości cech jakościowych, efekty rodziców i krzyżowania dla badanych cech
Estimation of the mean values for qualitative traits, effects of parents and their crossing for the investigated traits

Genotyp Genotype	Liczba kombinacji No. of combinations	Liczba rodów No. of strains	Lepkość brzożki Wort viscosity (mPa .s)			Białko ogółem jęczmienia Total protein content of grain (%)			Ekstrakt mąki Fine grind extract (%)		
			wartość cechy value of characters	efekty rodziców effects of parents	efekty krzyżowania effects of crossing	wartość cechy value of characters	efekty rodziców effects of parents	efekty krzyżowania effects of crossing	wartość cechy value of characters	efekty rodziców effects of parents	efekty krzyżowania effects of crossing
				EGP	EGC		EGP	EGC		EGP	EGC
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
NS 84160.11.4.14.6	4	46		-0,0625**			1,0401**			-0,9431**	
Rudzik	4	65		-0,0480**			0,4392**			-0,8907**	
Maresi	4	53		-0,0440**			0,2781**			-0,8048**	
Rodos	6	106		-0,0068			0,7350**			-0,3594**	
Start	4	80		-0,0244**			-0,1498**			-0,8752**	
Atol	3	80		0,0046			-0,1973**			0,8754**	
Scarlett	5	120		0,0959**			-0,4686**			0,9660**	
Elisa	3	33		0,0015			-0,4341**			0,5841**	
Gabi	4	95		-0,0145*			-0,7682**			0,7410**	
Krona	6	120		-0,1829**			-0,5501**			0,8620**	
Mobek	4	68		0,0264**			-0,0479**			0,2099**	
STH 2196	3	114		0,0259**			0,1927**			-0,5395**	
NS 84160.11.4.14.6 × Rudzik		20	1,55		0,0009	14,15		0,0297	80,13		-0,0217
NS 84160.11.4.14.6 × Maresi		10	1,54		0,0009	13,64		0,0297	80,53		-0,0217
NS 84160.11.4.14.6 × Rodos		6	1,54		-0,0599	14,20		-0,1733**	79,74		-0,4150
NS 84160.11.4.14.6 × Mobek		10	1,65		0,0374	14,44		0,1516**	80,41		0,2143
Rudzik × Rodos		6	1,65		0,0324	14,21		0,4374**	80,87		0,3455
Rudzik × Atol		34	1,62		0,0100	13,15		-0,0701	81,18		-0,3873
Rudzik × Krona		5	1,58		-0,0011	14,38		0,5852**	81,15		1,4756**
Maresi × Rodos		31	1,64		0,0210	13,66		0,1451*	80,29		-0,1604
Maresi × Mobek		7	1,70		0,0665	13,64		0,2484**	79,47		-0,5978

c.d. Tabela 3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Maresi × Start	5	1,48			-0,1096*	13,34		0,2734**	81,90		0,5099
Rodos × Mobek	25	1,64			-0,0325	14,03		0,1149*	81,26		0,2451
Rodos × Krona	17	1,62			-0,0017	13,83		-0,1587**	78,91		-0,6577
Rodos × Start	21	1,65			0,0238	13,52		-0,0303	81,33		-0,3573
Start × Mobek	26	1,66			0,0086	12,85		0,0076	79,01		-0,8535*
Start × Atol	28	1,65			0,0131	12,97		0,3618**	81,61		-0,0850
Atol × Scarlett	18	1,63			-0,0293	12,16		-0,5826**	81,90		-0,3074
Scarlett × Krona	22	1,73			0,0054	12,63		0,0270	80,69		-0,7137
Scarlett × Elisa	3	1,57			0,0009	12,57		0,0297	81,37		-0,0217
Scarlett × Gabi	17	1,77			0,0703	12,92		0,0989	81,40		0,0465
Scarlett × STH 2196	60	1,75			-0,0203	12,76		0,0111	81,99		0,2128
Elisa × Krona	14	1,77			0,1429**	12,77		0,1113*	81,58		0,3172
Elisa × Gabi	16	1,59			-0,0150	12,79		-0,0462	81,04		0,1619
Gabi × Krona	35	1,60			-0,0140	12,11		-0,1231*	82,42		0,7869*
Gabi × STH 2196	27	1,73			0,0697	12,34		-0,0498	81,22		-0,1360
Krona × STH 2196	27	1,51			0,0181	12,62		-0,0238	82,18		0,4533
NIR/LSD (0,05)			0,0343			0,0364			0,2552		
NIR/LSD ($m_i - m_j$)				0,0167			0,0178			0,1246	
NIR/LSD ($s_{ij} - s_{ij}$)					0,0343			0,0364			0,2552

*,** — Istotne odpowiednio dla 0,05 i 0,01

*,** — Significant at levels 0.05 and 0.01, respectively

Do odmian wpływających istotnie na zmniejszenie zawartości białka w ziarnie można zaliczyć Gabi i Kronę, zaś z mieszańców jedynie Atol $\times$ Scarlett. Do odmian istotnie zwiększających zawartość białka w ziarnie możemy zaliczyć NS 84160.11.4.14.6 i Rodos, zaś do mieszańców Rudzik $\times$ Krona, Start $\times$ Atol, Maresi $\times$ Start oraz Maresi $\times$ Mobek. Oznacza to, że korzystając z tych komponentów rodzicielskich i wytworzonych mieszańców należy się liczyć z możliwością wzrostu zawartości białka, co będzie niekorzystne z punktu widzenia przemysłu browarnego.

Do form rodzicielskich istotnie zwiększających w potomstwie zawartość ekstraktu uzyskanego z mąki można zaliczyć Scarlett, Atol oraz Kronę. Wśród mieszańców, u których można oczekiwać wzrostu zawartości ekstraktu, można wymienić Rudzik $\times$ Krona, Rudzik $\times$ Rodos, Start $\times$ Atol, Maresi $\times$ Start i Maresi $\times$ Mobek. Natomiast do odmian zmniejszających zawartość ekstraktu z mąki należy zaliczyć NS 84160.11.4.14.6, a spośród mieszańców Atol $\times$ Scarlett. Podobne badania wykonane na innym materiale genetycznym dotyczące ekstraktywności mąki opisali wcześniej Węgrzyn i wsp. (1977), Garcera i wsp. (1991), Winiarski (1998), Lu i wsp. (1995), Węgrzyn i Bichoński (2001), dla lepkości brzezki Vargas i wsp. (1983), Węgrzyn i Bichoński (2001) oraz dla zawartości białka Węgrzyn i wsp. (1982), Winiarski (1998) i Górny (1999).

WNIOSKI

1. Największy wpływ na obniżenie takich cech, jak lepkość brzezki i zawartość białka w ziarnie miał odpowiedni dobór komponentów rodzicielskich użytych do krzyżowania.
2. Do odmian korzystnie zmniejszających lepkość brzezki w uzyskiwanych z nią mieszańcach można zaliczyć Kronę i NS 84160.11.4.14.6, a obniżających poziom zawartości białka w ziarnie Gabi i Kronę, zaś do odmian zwiększających ekstraktywność mąki zaliczyć należy Scarlett, Atol oraz Kronę.
3. Podwyższoną wartość lepkości brzezki przekazywała na potomstwo odmiana Scarlett, zaś odmiany NS 84160.11.4.14.6 i Rodos przekazywały wzrost zawartości białka w ziarnie. Odmiana NS 84160.11.4.14.6 będzie powodować również zmniejszenie zawartości ekstraktu.
4. U mieszańców Maresi $\times$ Start i NS 84160.11.4.14.6 $\times$ Rodos można oczekiwać spadku lepkości brzezki. Natomiast wśród mieszańców Elisa $\times$ Krona, Maresi $\times$ Mobek, Scarlett $\times$ Gabi i Gabi $\times$ STH 2196 możemy oczekiwać zwiększenia lepkości brzezki, co jest cechą niepożądaną.
5. Wśród potomstwa mieszańca Atol $\times$ Scarlett możemy oczekiwać podwyższonej zawartości białka. Natomiast potomstwo mieszańców Rudzik $\times$ Krona, Rudzik $\times$ Rodos, Start $\times$ Atol, Maresi $\times$ Start i Maresi $\times$ Mobek możemy liczyć się ze wzrostem zawartości białka.
6. Spośród potomstwa mieszańców Rudzik $\times$ Krona, Rudzik $\times$ Rodos, Start $\times$ Atol, Maresi $\times$ Start i Maresi $\times$ Mobek można oczekiwać wzrostu zawartości ekstraktu, natomiast w potomstwie mieszańca Atol $\times$ Scarlett istotny spadek zawartości tego składnika.

LITERATURA

- Bhullar G. S., Gill K. S., Khehra A. S. 1979. Combining ability analysis over F₁-F₅ generations in diallel crosses of bread wheat. *Theor. Appl. Genet.* 55: 77 — 80.
- Bichoński A., Burek J. 2000. Wartość browarna i plonowanie rodów jęczmienia ozimego ocenianych w latach 1989–1998. *Biul. IHAR* 215: 153 — 160.
- Haniš M., Hanišová A. 1983. Estimate of the yield potential of winter wheat cross combinations from grain yield in the F₁ generation. *Genet. a Slecht.* 19: 213 — 220.
- Eissa M. M., Kadalousi A. R., Solama S. M. 1994. Combining ability over sowing dates for earliness and some morphophysiological traits in wheat. *J. Agric. Sci.* 19: 1281 — 1291.
- Garcera R., Sarrafi A., Jestin L., Ecochard R. 1991. Variabilité génétique de certains paramètres de la qualité Brassicole de l'Orge. *Plant Breeding* 106: 235 — 241.
- Górny A. G. 1999. Inheritance of nitrogen and phosphorus utilization efficiency in spring barley at the vegetative growth stages under high and low nutrition. *Plant Breeding* 118 (6): 511 — 516.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista wartość kombinacyjna w hodowli roślin. (Przegląd). *Biul. IHAR.* 156: 91 — 101.
- Lonc W., Kadłubiec W., Zalewski D. 1993. Zdolność kombinacyjna cech jakościowych ziarn linii pszenicy ozimej. *Zesz. Nauk. AR Wrocław* 223: 255 — 264.
- Lonc W., Zalewski D. 1995. Zdolność kombinacyjna cech jakościowych kilku linii pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 194: 5 — 12.
- Lonc W., Zalewski D. 1996. Ocena zdolności kombinacyjnej siedmiu linii pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 200: 259 — 265.
- Lu MQ, O'Brien L. Stuart I. M. 1999. Environmental and genetic variation for grain yield and barley malting quality attributes. *Austr. J. Agric. Res.* 50 (8): 1425 — 1434.
- Lu MQ, O'Brien L. Stuart I. M. 2000. Barley malting quality and yield interrelationships and the effect on yield distribution of selection for malting quality in the early generations *Austr. J. Agric. Res.* 51 (2): 247 — 258.
- Marquez-Cedillo L. A., Hayes P. M., Jones B. L., Kleinhofs A., Legge W. G., Rossnagel B. G., Sato K., Ullrich E., Wesenberg D. M. 2000. QTL analysis of malting quality in barley based on the doubled-haploid progeny of two elite North American varieties representing different germplasm groups. *Theor. Appl. Genet.* 101 (1-2): 173 — 184.
- Mihaljev I. 1980. Combining ability for grain yield in F₁-F₆ generations of diallel wheat crosses. *Proc. of 3rd International Wheat Conference. Madrid, Spain:* 102 — 109.
- Pochaba L., Węgrzyn S. 2000. Zmienność i współzależność kilku cech pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 216: 261 — 266.
- Scheeren P. L., Decarvalho F. J. F., Federizzi L. C. 1995. Combining ability of six agronomic traits in wheat (*Triticum aestivum*) *Pesq. Agrop. Brasil.* 30: 831 — 846.
- Schut J. W., Dourleijn C. J. 2000. Prediction of barley progeny performance in the presence of genotype-environment interaction. *Plant Breed.* 119 (1): 47 — 50.
- Singh A., Negi M. S., Rajagopal J., Bhatia S., Tomar U. K., Srivastava P. S. 1999. Lakshmikumar M. Assessment of genetic diversity in *Azadirachta indica* using AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.* 99 (1/2): 272 — 279.
- Swanston J. S., Newton A. C., Guy D. C., Gacek E. S. 2000. Malting performance of barley cultivar mixtures from the UK and Poland. *Journal of the Institute of Brewing.* 106 (4): 239 — 243.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S., Nita Z. 1999. Zdolność kombinacyjna rodów i odmian owsa na podstawie oceny kilku cech. Część I. Owies białoziarnisty (*Avena sativa* L. var. *Aristata*) *Biul. IHAR* 210: 53 — 59.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2000. Zmienność i zależność oraz genetyczne uwarunkowania wybranych cech u odmian i rodów żyta ozimego. *Biul. IHAR* 216: 61 — 68.
- Vargas I., Molina-Cano J. L., Hassan S. 1983. A quality index for the assessment of barley varieties. *Monatsh. Brauwiss.* 12: 481 — 485.
- Virk P. S., Newbury H. J., Jackson M. T., Ford-Lloyd B. V. 2000. Are mapped markers more useful for assessing genetic diversity? *Theor. Appl. Genet.* 100 (3/4): 607 — 613.

- Weber R. 1991. Zdolność kombinacyjna cech użytkowych pszenicy ozimej. Zesz. Nauk. AR Wrocław 207: 189 — 198.
- Węgrzyn S., Nalepa S., Pochaba L. 1979. Ogólna i swoista wartość kombinacyjna dla plonu i jego komponentów u pszenicy ozimej. Hod. Rośl. Aklim. 23 (2): 61 — 71.
- Węgrzyn S., Pochaba L. 1980. Wartość kombinacyjna i sposoby działania genów dla kilku cech odmian i mieszańców pszenicy ozimej. Hod. Rośl. Aklim. 24 (3): 211 — 224.
- 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., Pochaba L., Cygankiewicz A., Witkowski E. 1993. Zdolność kombinacyjna form rodzicielskich na podstawie oceny kilku cech rodów hodowlanych pszenicy ozimej. Biul. IHAR 187: 19 — 28.
- Węgrzyn S., Pochaba L., Witkowska K. 1995. Zdolność kombinacyjna form rodzicielskich pod względem odporności na mączniaka (*Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*) określona na podstawie porażenia rodów hodowlanych pszenicy ozimej. Biul. IHAR 194: 169 — 177.
- Węgrzyn S., Pochaba L., Choma K. 1996. Zdolność kombinacyjna form rodzicielskich określona na podstawie oceny kilku cech rodów hodowlanych pszenicy ozimej. Biul. IHAR 200: 277 — 287.
- Węgrzyn S., Cygankiewicz A., Stachowicz M., Witkowski E. 2000. Zdolność kombinacyjna form rodzicielskich dla liczby sedymentacji i zawartości białka odmian i rodów pszenicy ozimej. Część I. Biul. IHAR. 214: 69 — 78.
- Węgrzyn S., Bichoński A. 2001. Zdolność kombinacyjna jęczmienia jarego dla procentowej zawartości białka, ekstraktu mąki i lepkości brzezki. Biul. IHAR 217: 95 — 105.
- Winiarski J. 1998. Odziedziczalność wybranych cech wartości browarnej jęczmienia jarego. Biul. IHAR 207: 25 — 34.

HELENA GRZESIK
MAGDALENA GUT
STANISŁAW WĘGRZYN
ANDRZEJ CYGANKIEWICZ

Zakład Roślin Zbożowych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

Genetyczne uwarunkowania niektórych cech pszenżyta ozimego

Heritability of some traits of winter tritcale

W latach 1996–1999 oceniano pod względem odporności na porastanie, wczesności (liczba dni do kłoszenia i do kwitnienia), wysokości roślin oraz cech technologicznych — liczby opadania, liczby sedymentacji i zawartości białka ogółem 73 form heksaploidalnego pszenżyta ozimego — 65 linii uzyskanych w Zakładzie Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie oraz 8 odmian. Obliczono współczynniki genetycznego uwarunkowania (H), współczynniki zmienności badanych cech oraz korelacje fenotypowe i genotypowe pomiędzy nimi. Największe zróżnicowanie badanych obiektów zaobserwowano w przypadku liczby opadania, a następnie odporności na porastanie najmniejsze zaś, w odniesieniu do białka. Współczynniki uwarunkowania genetycznego (H) były na ogół wysokie od 0,78 do 0,96. Współczynniki korelacji genotypowych były bardzo zbliżone do współczynników korelacji fenotypowych, co wynika z faktu, że współczynniki odziedziczalności badanych cech były wysokie, zatem korelacja fenotypowa jest warunkowana przede wszystkim korelacją genotypową (Węgrzyn, 1983).

Słowa kluczowe: genetyczne uwarunkowania, korelacje, pszenżyto ozime

The studies on heritability and relationships between some traits in tritcale (plant height, days to heading, preharvest sprouting, falling number, sedimentation value, total protein content and days to flowering) were carried out in the years 1996–1999. The heritability (H) and variation coefficients of the investigated traits and genotypic and phenotypic correlation coefficient between the studied traits were computed. Generally the heritability coefficients were high. The correlation coefficients, both genotypic and phenotypic ones between the analysed traits were significant, being negative in case of plant height, and days to flowering in relation to remained traits.

Key words: correlations, heritability, winter tritcale

WSTĘP

Współczynniki odziedziczalności, określające stopień genetycznego uwarunkowania zmienności cech, interesują zarówno genetyka jak i hodowcę roślin. Wysokie wartości h^2

pozwalają wnioskować o skuteczności selekcji ulepszonych genotypów pod względem badanej cechy. Badania nad genetycznym uwarunkowaniem zmienności cech pszenżyta są nieliczne, a w Polsce opisali je między innymi Węgrzyn i wsp. (1996, 2000), Grzesik i Węgrzyn (2000, 2002), Koczowska i Puzio-Idzikowska (1997).

Celem niniejszej pracy było poznanie genetycznego uwarunkowania zmienności wybranych cech pszenżyta ozimego, a także współzależności pomiędzy tymi cechami.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły 73 formy heksaploidalnego pszenżyta ozimego — 65 linii uzyskanych w Zakładzie Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie oraz 8 odmian.

Materiały te rosły w ZRZb IHAR w Krakowie w latach 1996–1999, na poletkach o powierzchni 1 m² w rozstawie 5 x 25 cm. Oceniano je pod względem odporności na porastanie, wczesności, (czyli liczby dni od 1 maja do kłoszenia oraz liczby dni od kłoszenia do kwitnienia), wysokości roślin oraz cech technologicznych — liczby opadania, liczby sedimentacji i zawartości białka. Odporność na porastanie oznaczano metodą Schmidta (cyt. za Ruebenbauer i Brej, 1957). Porastanie bonitowano w skali 9–1 (9 oznacza całkowitą odporność, 1 — całkowite porośnięcie). Bonitację prowadzono po 3, 6 i 9 dniach a uzyskane wyniki sprowadzano do jednego terminu wg wzoru:

$$W_i = 9 - \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - 9)^2},$$

gdzie:

W_i — stopień porośnięcia w skali

x_i — średnia w poszczególnych terminach

n — liczba terminów (Węgrzyn i in., 1991).

Liczbę opadania oznaczano metodą Hagberga-Pertena wg normy International Cereal Chemists — Falling Number 1800 ICC Standard No 107 AACCC Standard No 58-81B, liczbę sedimentacji oznaczano metodą Zeleny'ego i Greenwaya (1960), a zawartość białka metodą NIR. Ocenę tych cech przeprowadzano w ciągu czterech kolejnych lat. Współczynniki genetycznego uwarunkowania (H) obliczono wg Beckera (1984), a współczynniki zmienności badanych cech oraz korelacje fenotypowe i genotypowe pomiędzy tymi cechami wg Hallauera i Mirindy (1988).

WYNIKI I DYSKUSJA

Obliczenia wykonane na wartościach średnich, czyli po wyeliminowaniu zmienności w poszczególnych latach wykazały, że największe zróżnicowanie badanych obiektów zaobserwowano w przypadku liczby opadania (CV 57,8%), a następnie odporności na porastanie (CV 32,6%), najmniejsze zaś, w odniesieniu do zawartości białka (tab. 1). Obserwowane zjawisko wydaje się zrozumiałe, gdyż zarówno liczba opadania, która jest

wskaźnikiem aktywności alfa-amylazy, jak i porastanie należą do cech silnie modyfikowanych przez warunki pogodowe.

Zestawione w tabeli 1 współczynniki genetycznego uwarunkowania (H) wyliczone są tak jak współczynniki odziedziczalności h^2 na podstawie analizy wariancji ze stosunku wariancji genotypowej do fenotypowej (Becker, 1984). Jednakże nie mamy tu do czynienia z pokoleniami potomnymi lecz z rodami i liniami możemy więc mówić tylko o poziomie genetycznego uwarunkowania danej cechy (De la Roche, Fowler, 1975) lub też o stopniu genetycznego zróżnicowania (Lonc, Biskupski, 1978). Współczynniki (H) cech analizowanych w naszych badaniach były dość wysokie od 0,78 w przypadku zawartości białka do 0,96 w przypadku wysokości roślin. Wysokie współczynniki uwarunkowania genetycznego uzyskano w przypadku liczby dni do kłoszenia ($H = 0,93$), liczby opadania ($H = 0,91$) i porastania ($H = 0,90$). Zakres zmienności badanych cech wynosił odpowiednio: 16,8–33,5, 60,8–303,3 oraz 2,4–8,4 (tab. 1). Cechy o większej zmienności i wysokim współczynniku uwarunkowania genetycznego stwarzają większą możliwość wyodrębnienia dobrych komponentów dla hodowli i uzyskania korzystnych genotypów.

Tabela 1

Średnie wartości cech (x), zakres zmienności, współczynniki zmienności (CV%) i genetycznego uwarunkowania cech (H)
Mean values (x), range of variability, coefficients of variability (CV%) and heritability

Cechy Traits	$\bar{x}$	Zakres Range	CV %	H
Wysokość roślin Plant height	94,03	49,7–133,1	19,8	0,96
Liczba dni do kłoszenia Days to heading (after 1. 05)	23,76	16,8–33,5	19,0	0,93
Porastanie Preharvest sprouting	5,7	2,4–8,4	32,6	0,90
Liczba opadania Falling number	121,7	60,8–303,3	57,8	0,91
Liczba sedimentacji Sedimentation value	19,1	12,3–30,3	19,4	0,86
Białko Protein content	11,65	9,1–14,6	11,4	0,78
Liczba dni do kwitnienia Days from heading to flowering	12,23	7,6–15,2	13,1	0,83

Literatura na temat genetycznego uwarunkowania zmienności cech pszenżyta dotyczy głównie plonu i cech jego struktury, rzadziej wysokości roślin czy zawartości białka. Uzyskany w tej pracy współczynnik genetycznego uwarunkowania (H) wysokości roślin jest bardzo zbliżony do współczynnika odziedziczalności tej cechy otrzymanego przez Grzesik i Węgrzyna (2002), a wyższy od podanego przez Koczowską i Puzio-Idźkowską (1997), Kociubę (2000) oraz Grzesik i Węgrzyna (2000). W przypadku zawartości białka współczynnik (H) obliczony w naszej pracy był znacznie wyższy od opisanego przez Kociubę (1989, 1996, 2000).

W hodowli roślin znane jest zjawisko polegające na tym, że przy zmianie jednej cechy zmienia się równocześnie druga, lub kilka innych. Współzależność ta może być uwarun-

kowana genetycznie lub też przypisana wpływom środowiska. W analizie związków przyczynowo-skutkowych najszerze zastosowanie znalazły metody korelacji. Ocena tych zależności ma znaczenie zarówno poznawcze, jak i praktyczne, bowiem znajomość związków między cechami może być cenną wskazówką w hodowli pszenżyta.

Fenotypowe i genotypowe korelacje w naszych badaniach wykazały znaczną współzależność analizowanych cech. Obliczone współczynniki korelacji fenotypowych (rP) były istotne w przypadku korelacji pomiędzy wszystkimi cechami, z wyjątkiem zależności pomiędzy porastaniem a liczbą sedymentacji oraz liczbą opadania a liczbą sedymentacji (tab. 2).

Tabela 2

Fenotypowe (rP) i genotypowe (rG) współczynniki korelacji kilku cech pszenżyta
Phenotypic (rP) and genotypic (rG) correlation coefficients of some traits of triticale

Cecha Trait		Liczba dni do kłoszenia Days to heading	Porastanie Preharvest sprouting	Liczba opadania Falling number	Liczba sedymentacji Sedimentation value	Białko Protein content	Liczba dni do kwitnienia Days to flowering
Wysokość roślin Plant height	rP	-0,52*	-0,68**	-0,71**	-0,56*	-0,60**	0,63**
	rG	-0,53**	-0,73**	-0,75**	-0,61**	-0,69**	0,67**
Liczba dni do kłoszenia Days to heading	rP		0,56*	0,66**	0,48*	0,56*	-0,94**
	rG		0,61**	0,71**	0,54**	0,68**	-1,00**
Porastanie Preharvest sprouting	rP			0,66**	0,42	0,48*	-0,53*
	rG			0,72**	0,46**	0,56**	-0,64**
Liczba opadania Falling number	rP				0,43	0,62**	-0,63**
	rG				0,49**	0,72**	-0,70**
Liczba sedymentacji Sedimentation value	rP					0,75**	-0,50*
	rG					0,84**	-0,56**
Białko Protein content	rP						-0,54**
	rG						-0,66**

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

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

Korelacje pomiędzy wysokością roślin a pozostałymi cechami były ujemne, z wyjątkiem korelacji pomiędzy wysokością roślin a liczbą dni do kwitnienia. Korelacje liczby dni do kwitnienia z pozostałymi cechami były również ujemne. Wyniki te są na ogół zgodne z wynikami naszych poprzednich prac (Węgrzyn i in., 1998).

Współczynniki korelacji genotypowych (rG) były wysoce istotne w przypadku wszystkich analizowanych współzależności (tab. 2.) a ich wartości były bardzo zbliżone do wartości współczynników korelacji fenotypowych. Wynika to z faktu, że współczynniki genetycznego uwarunkowania (H) badanych cech były wysokie, zatem korelacja fenotypowa jest warunkowana przede wszystkim korelacją genotypową. Wysokie wartości współczynników korelacji genetycznych pomiędzy cechami, które wykazywały wysokie wartości (H) wskazują na silne sprzężenia lub też pleiotropowe działanie genów (Węgrzyn, 1983). Prowadzenie skutecznej selekcji ulepszonych genotypów pod względem tych cech będzie utrudnione.

WNIOSKI

1. Stwierdzono wysokie wartości współczynników genetycznego uwarunkowania badanych cech (od 0,78 do 0,96).
2. Współczynniki korelacji genotypowych (r_G) były bardzo zbliżone do współczynników korelacji fenotypowych, zatem korelacja fenotypowa jest warunkowana przede wszystkim korelacją genotypową.
3. Wysokie wartości współczynników korelacji genetycznych pomiędzy cechami, które wykazywały wysokie wartości współczynników genetycznego uwarunkowania (H) wskazuje na silne sprzężenia, lub też plejotropowe działanie genów. Prowadzenie skutecznej selekcji ulepszonych genotypów pod względem tych cech będzie utrudnione.

LITERATURA

- Becker W. A. 1984. Manual of quantitative genetics. Ed. 4, Pullman, Washington, USA.
- De la Roche I. A., Fowler D. B. 1975. Wheat quality evaluation. I. Accuracy and precision of prediction tests. Can. J. Plant Sci. 55: 241 — 249.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2000. Odziedziczalność niektórych cech struktury plonu pszenżyta ozimego. Folia Univ. Agri. Stetin. 206 Agricultura (82): 89 — 92.
- Grzesik H., Węgrzyn S. 2003. Odziedziczalność elementów struktury plonu pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 226/227: 191 — 195.
- Hallauer A. R., Miranda J. B. 1988. Quantify genetics in maize breeding. Ed. 2, Iowa State University Press/Ames.
- Kociuba W. 1989. Zmienność i współzależność ważniejszych cech ilościowych w kolekcji pszenżyta. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 382: 87 — 93.
- Kociuba W. 1996. Wartość ważniejszych cech krajowych i zagranicznych obiektów kolekcyjnych pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 200: 131 — 138.
- Kociuba W. 2000. Zmienność i współzależność ważniejszych cech plonotwórczych w obrębie heksaploidalnego pszenżyta ozimego X *Triticosecale* Wittmack. Rozprawy Naukowe AR Lublin (232).
- Koczowska I., Puzio-Idźkowska M. 1997. Zmienność wybranych cech czterech odmian pszenżyta jarego. Zesz. Nauk. AR Szczec. 175, Rolnictwo 65: 189 — 194.
- Lonc W., Biskupski A. 1978. Wartość technologiczna odmian pszenicy ozimej. Biul. IHAR 133: 15 — 24.
- Ruebenbauer T., Brej S. 1957. Hodowla roślin zbożowych. PWRiL, Warszawa.
- Węgrzyn S. 1983. Znaczenie korelacji w hodowli roślin. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 290: 15 — 21.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 1996. Odziedziczalność plonu ziarna i cech struktury plonu pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 200: 139 — 143.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 2000. Oszacowanie genetycznych wariancji cech plonowania pszenżyta jarego na podstawie mieszańców F_1 i F_2 . Biul. IHAR 216/1: 137 — 144.
- 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. Ed. P. Juskiw, Red Deer, Alberta, Canada, vol. 2: 354 — 356.
- 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.

HENRYK BUJAK¹**JAN KACZMAREK**¹**BARBARA CHRZANOWSKA-DROŻDŻ**²**MAREK LISZEWSKI**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu² Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Interakcja genotypowo-środowiskowa plonowania jęczmienia ozimego na Dolnym Śląsku*

Genotype-environment interaction for yield of winter barley in Lower Silesia

W ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego badano plonowanie dziewięciu odmian jęczmienia ozimego na Dolnym Śląsku z uwzględnieniem reakcji odmian na różne poziomy agrotechniki. Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zastały założone w latach 1999–2001 w pięciu miejscowościach (Głubczyce, Krościna Mała, Pawłowice k/Wrocławia, Tarnów i Tomaszów Bolesławiecki). Materiałem badawczym były aktualnie zarejestrowane odmiany jęczmienia ozimego: Borwina, Gil, Gregor, Horus, Kos, Kroton, Siga, Tiffany i Tramp. Doświadczenia założono na dwóch poziomach intensywności: poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy gleby, poziom a2 różnił się od poziomu a1 wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, dolistnym dokarmianiem oraz pełną chemiczną ochroną roślin przed chorobami i wyleganiem. Otrzymane wyniki 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 odmian jęczmienia ozimego, zróżnicowanie środowisk oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej dla obydwu wariantów uprawy. Odmiany Gregor i Gil zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariantcie uprawy odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów, jednak wykazywały niską stabilność plonowania.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, jęczmień ozimy, porejestrowe doświadczenia odmianowe

Nine cultivars of winter barley were evaluated in post-registration trials in Lower Silesia. The trials were conducted at five sites (Głubczyce, Krościna Mała, Pawłowice k/Wrocławia, Tarnów and Tomaszów Bolesławiecki) in the years 1999–2001. The recently registered cultivars: Borwina, Gil, Gregor, Horus, Kos, Kroton, Siga, Tiffany and Tramp were grown at two variants of cultivation:

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

standard and intensive. The intensive variant, in comparison with the standard one, differed by a 40 kg/ha higher level of nitrogen fertilisation, application of anti-lodging chemicals, foliar feeding of plants with microelements and complete control of fungal diseases. Statistical analysis was carried out according to the computer program Sergen 3 for a series of experiments. The three-years investigation has shown a significant differentiation of yields and genotype $\times$ environments interaction in the both variants of cultivation. The cultivars Gregor and Gil were the best yielder, but with of low stability of the yields.

Key words: genotype-environment interaction, post-registration variety trial, winter barley

WSTĘP

Postęp hodowlany powoduje coraz bardziej zróżnicowaną reakcję odmian na składniki pokarmowe i ochronę przed chorobami. Odmiany zbóż charakteryzują się wyższą reakcją na czynniki środowiska niż inne grupy roślin (Kaczyński, 1999). Stąd ważne jest dopasowanie cech i wymagań do środowiska przyrodniczego. Respektowanie makrorejonizacji pozwala uniknąć strat plonu nawet do kilkudziesięciu procent, a mikrorejonizacji o dalszych kilka procent. Rolnik analizując wyniki badań celem optymalnego doboru odmiany do warunków konkretnego pola powinien określić możliwości ekonomiczne gospodarstwa do poniesienia dodatkowych kosztów związanych z wyższymi nakładami przy intensywnym poziomie uprawy i porównać je z uzyskanym przyrostem plonów w stosunku do standardowych warunków uprawy (Kotowicz, 2001).

Prace hodowlane dążą do otrzymania dwóch wyraźnie różnych typów jęczmienia ozimego pastewnego i browarnego. W obu przypadkach cechą podstawową są wysokie i stabilne plony (Czembor, 1997). Dodatkową zachętą do uprawy tego gatunku powinno być wprowadzenie na rynek łatwiej omlączalnych odmian dwurzędowych, przydatnych do przetwórstwa spożywczego (Gacek, 1997). W Europie preferuje się odmiany dwurzędowe, niezależnie od przeznaczenia ziarna. Zachodnie odmiany dwurzędowe charakteryzują się wysoką plennością, odpornością na ważniejsze choroby i dobrą wartością technologiczną (Behnke, 1998; Czembor, 1997).

W 2001 roku w rejestrze znajdowało się 10 odmian, w tym sześć o kłosie wielorzędowym ościstym, jedna wielorzędowa bezostna i trzy o kłosie dwurzędowym ościstym (z tego jedna typu browarnego). W ostatnich latach notuje się znaczący postęp hodowlany w grupie odmian dwurzędowych, a wyrazem tego jest poprawa wartości technologicznej (Tiffany) i plenności (Bombay). Jedyną odmianą spełniającą kryteria technologiczne w zakresie przydatności w browarnictwie jest Tiffany, z dobrą oceną syntetyczną.

Celem pracy było określenie interakcji genotypowo-środowiskowej plonowania odmian jęczmienia ozimego w warunkach standardowej i intensywnej uprawy w doświadczeniach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego na Dolnym Śląsku.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były przyjęte do programu PDO odmiany jęczmienia ozimego: Borwina, Gil, Gregor, Horus, Kos, Kroton, Siga, Tiffany i Tramp.

Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone w latach 1999–2001 w pięciu miejscowościach (Głubczyce, Krościna Mała, Pawłowice k/Wrocławia, Tarnów i Tomaszów Bolesławiecki) na dwóch poziomach intensywności (a1, a2) metodą pasów prostopadłych w dwóch powtórzeniach. Poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy gleby, poziom 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 w poszczególnych latach i miejscowościach poddano obliczeniom statystycznym według programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych. Plony badanych odmian analizowano odrębnie dla standardowego i intensywnego poziomu uprawy.

WYNIKI

Średnie wartości plonów 9 odmian jęczmienia ozimego w 5 miejscowościach w standardowym i intensywnym wariancie uprawy przedstawiono w tabeli 1. Z zestawienia wyników wyraźnie widać korzystną reakcję odmian na wyższy poziom nawożenia i ochrony roślin. Najwyższe plony powyżej 100 dt/ha uzyskano u odmiany Gregor w Głubczycach, a zdecydowanie najniższe plony zanotowano dla odmiany Tiffany w Pawłowicach (42,0 dt/ha).

Tabela 1

Średnie wartości plonów (dt/ha) odmian w wariancie standardowym i intensywnym uprawy
Mean yield values (dt/ha) for the analyzed genotypes

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy Standard variant				
	Głubczyce	Krościna Mała	Tarnów	Pawłowice	Tomaszów Bolesławiecki
Kos	82,96	57,61	71,47	50,26	56,79
Sigra	77,39	65,74	77,01	58,34	67,09
Gil	90,52	72,80	87,72	60,34	64,97
Gregor	106,23	70,58	86,15	61,58	64,45
Horus	95,80	67,19	86,47	58,38	66,02
Tramp	89,88	67,23	74,44	62,45	67,59
Borwina	81,93	56,50	73,82	48,47	52,43
Kroton	95,65	70,45	81,74	57,87	64,09
Tiffany	85,51	53,10	71,60	48,12	59,03
Genotypy Genotypes	wariant intensywny intensive variant				
	Głubczyce	Krościna Mała	Tarnów	Pawłowice	Tomaszów Bolesławiecki
Kos	96,19	83,46	88,48	63,01	69,30
Sigra	89,44	87,46	83,11	57,37	76,63
Gil	96,93	86,55	93,44	66,22	72,33
Gregor	107,18	91,61	98,22	61,79	70,76
Horus	97,61	81,23	93,37	63,64	69,25
Tramp	89,18	81,11	82,55	67,14	65,18
Borwina	85,47	71,44	78,28	50,29	57,48
Kroton	99,13	84,59	86,69	63,52	70,80
Tiffany	85,32	64,41	73,54	41,96	58,70

Tabela 2

Średnie kwadraty zmienności w łącznej analizie wariancji
Mean square variation in the overall analysis of variances

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees freedom	Średnie kwadraty Mean square	
		wariant podstawowy standard variant	wariant intensywny intensive variant
Lata Years	2	2419,51	1227,38
Doświadczenia Experiment	4	3896,87	3932,99
Środowiska Environments	7	4002,62**	5569,99**
Genotypy Genotypes	8	465,24**	639,77**
Genotypy × lata Genotypes × years	16	37,86**	33,55**
Genotypy × doświadczenie Genotypes × station	32	44,92**	41,65**
Genotypy × środowiska Genotypes × environments	56	36,87**	38,70**
Regresja względem środowiska Regression on explanatory variability	8	32,39	62,19
Odchylenie od regresji Regression deviation	48	37,62**	34,79**
Błąd doświadczeń Experimental error	74	11,51	7,24

W tabeli 2 przedstawiono średnie kwadraty z analizy wariancji, które pozwoliły na weryfikację hipotez ogólnych dotyczących różnicowania środowisk, genotypów oraz interakcji genotypowo-środowiskowych ($G \times E$). Jak wynika z danych zawartych w tej tabeli wszystkie hipotezy zerowe zostały odrzucone. Analizy dotyczące poszczególnych odmian i ich współdziałania ze środowiskami glebowo-klimatycznymi przedstawiono w tabeli 3.

Oceniając przeciętną wysokość plonowania genotypów wyrażoną efektami głównymi oraz odpowiednimi wartościami statystyki F można stwierdzić, że zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie uprawy odmiany Gregor i Gil odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów. Wymienione odmiany wykazywały się jednak niższą stabilnością plonowania o czym świadczą istotne wartości statystyki F dla interakcji ze środowiskiem (tab. 2). Jedynie odmiana Horus w standardowych warunkach uprawy wykazywała się wyższą stabilnością. Na poprawę warunków środowiskowych bardzo korzystnie zareagowała odmian Kos, która obok wysokiego plonu charakteryzowała się też jego wysoka stabilnością.

Dalszą analizę badanych odmian przeprowadzono za pomocą testowania regresji poszczególnych genotypów i ich interakcji względem środowiska (tab. 4).

Niskie, nieistotne współczynniki regresji zarówno w standardowym jak i intensywnym wariancie uprawy świadczą o braku regresyjnej zależności między plonami analizowanych odmian a środowiskami. Jedynie odmiana Tiffany w standardowym wariancie uprawy i odmiana Horus w intensywnym odznaczały się istotnymi wartościami tych

współczynników oraz niskimi odchyleniami od regresji. Wyniki te świadczą o większej stabilności plonu tych odmian w trzyletnim okresie badań. Odmiana Horus w intensywnym wariancie uprawy odznaczała się istotnymi wartościami współczynnika regresji oraz istotnym, ale niskim odchyleniem od regresji i wobec wysokiego efektu głównego może być rekomendowana do uprawy w warunkach Dolnego Śląska.

Tabela 3

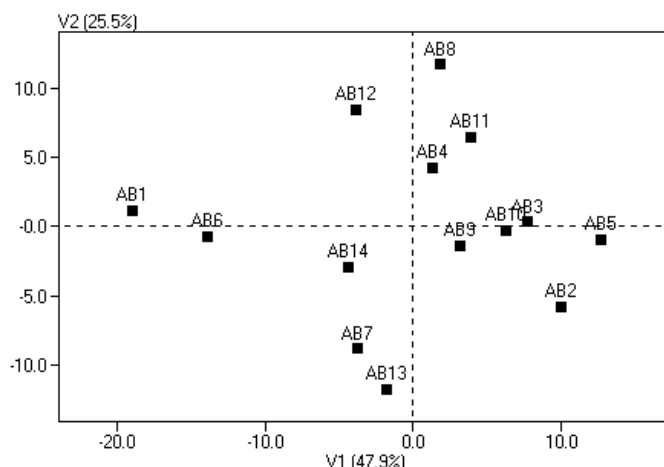
Testowanie odmian jęczmienia ozimego i ich interakcji ze środowiskami
Testing of genotypes of winter barley and their interaction with environments

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy Standard variant			Wariant intensywny Intensive variant		
	ocena efektu głównego estimate of main effect	statystyka F dla: statistic F for:		ocena efektu głównego estimate of main effect	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
Kos	-6,67	31,69	1,83	2,31	15,89	0,69
Sigra	-1,94	0,70	7,07	0,46	0,06	6,71
Gil	4,92	6,92	4,56	5,52	9,22	6,83
Gregor	7,83	14,10	5,67	8,40	12,38	11,79
Horus	4,65	19,50	1,44	3,13	3,25	6,26
Tramp	2,15	5,18	1,16	-0,61	0,15	5,11
Borwina	-7,71	103,86	0,74	-9,13	725,46	0,24
Kroton	3,61	4,86	3,49	3,13	5,09	3,98
Tiffany	-6,83	21,28	2,86	-13,19	55,55	6,49
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$		5,59	2,14	5,59		2,13
Critical value for $\alpha = 0,05$		5,59	2,14	5,59		2,13

Tabela 4

Testowanie regresji interakcji genotypów jęczmienia ozimego względem środowiska
Testing regression of interaction on environments for the winter barley genotypes

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	odchyień deviations	regresji regression	determinacji% determination	regresji regression	odchyień deviations
Kos	0,018	0,76	0,05	2,12	-0,06	0,58	0,04	0,80
Sigra	0,005	0,01	0,00	8,25	0,178	45,33	4,97	4,28
Gil	0,137	17,95	1,31	4,37	0,138	26,76	2,19	5,84
Gregor	0,048	1,76	0,11	6,50	0,001	0,00	0,00	13,75
Horus	-0,001	0,00	0,00	1,68	-0,198	60,06	9,02	2,92
Tramp	-0,070	18,37	1,35	1,11	0,040	3,07	0,19	5,78
Borwina	-0,015	1,23	0,07	0,86	-0,017	11,94	0,81	0,24
Kroton	0,096	11,44	0,78	3,60	0,015	0,56	0,03	4,61
Tiffany	-0,218	72,11	15,51	0,93	-0,151	33,93	3,08	5,00
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$			5,99	2,22	5,99			2,22
Critical values $\alpha = 0,05$			5,99	2,22	5,99			2,22



Środowiska — Environments:

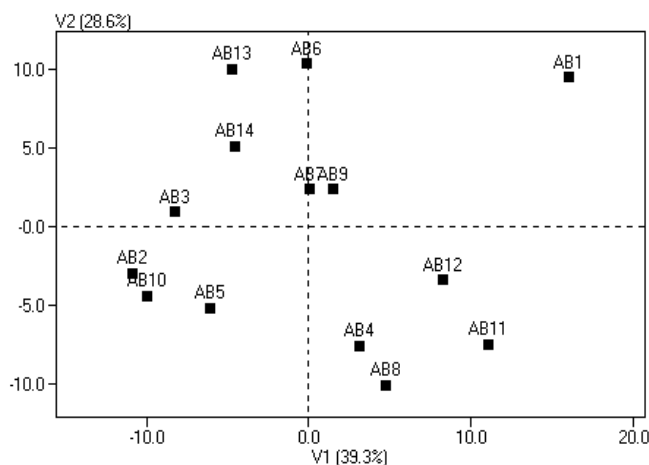
AB1 — Głubczyce1999; AB2 — Krościna Mała 1999; AB3 — Tarnów 1999
 AB4 — Tomaszów Bolesławiecki 1999; AB5 — Głubczyce 2000; AB6 — Krościna Mała 2000
 AB7 — Tarnów 2000; AB8 — Pawłowice 2000; AB9 — Tomaszów Bol. 2000
 AB10 — Głubczyce 2001; AB11 — Krościna Mała 2001; AB12 — Tarnów 2001
 AB13 — Pawłowice 2001; AB14 — Tomaszów Bol.

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

W celu uzyskania większej ilości informacji o zachowaniu się badanych odmian jęczmienia ozimego w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych przeprowadzono badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) za pomocą analizy składowych głównych. Aby wykonać tę analizę należy dokonać podziału statystyki F na składowe główne odpowiadające kontrastom między genotypami.

Uwzględniając dwa pierwsze kontrasty o najwyższym udziale w statystyce F, przedstawiono graficznie rozmieszczenie środowisk na płaszczyźnie przy pomocy dwóch pierwszych składowych głównych. Środowiska o wysokim udziale interakcji $G \times E$ odznaczają się dużą odległością od początku układu współrzędnych (rys. 1 i 2). W standardowym wariantcie uprawy miejscowości Głubczyce i Pawłowice charakteryzowały się wysokim wkładem w wielkość interakcji genotypowo-środowiskowej. W Głubczycach badane odmiany jęczmienia plonowały na najwyższym, a w Pawłowicach na najniższym poziomie w porównaniu do pozostałych miejscowości. Znaczne odległości między punktami AB1 i AB5 wskazują na dużą zmienność plonowania odmian jęczmienia ozimego w Głubczycach w 1999 i 2000 roku, natomiast w Pawłowicach duża zmienność plonów odmian wystąpiła w roku 2000 i 2001 (punkty AB8 i AB13 na rys. 1). Na uwagę zasługuje duża stabilność plonów badanych odmian w środowisku Tomaszowa Bolesławieckiego w całym okresie badań. Analizując uzyskane dane dla intensywnego wariantu uprawy można zauważyć znaczną zmienność plonu badanych odmian jęczmienia ozimego w Głubczycach oraz Pawłowicach (rys. 2). Stwierdzono duże różnice

w plonowaniu badanych genotypów w poszczególnych latach, o czym świadczą odległości od początku układu współrzędnych oraz między sobą punktów obrazujących miejscowości Głubczyce (AB1, AB10), Pawłowice (AB8, AB13) i Krościna Mała (AB2, AB11).



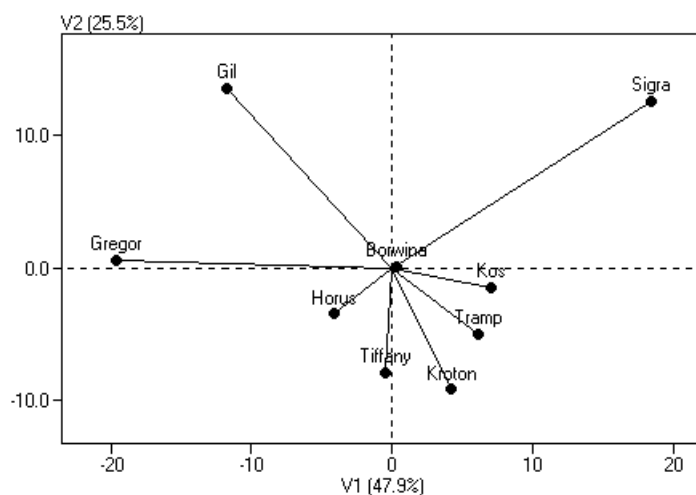
Środowiska — Environments:

AB1 — Głubczyce 1999; AB2 — Krościna Mała 1999; AB3 — Tarnów 1999
 AB4 — Tomaszów Bolesławiecki 1999; AB5 — Głubczyce 2000; AB6 — Krościna Mała 2000
 AB7 — Tarnów 2000; AB8 — Pawłowice 2000; AB9 — Tomaszów Bol. 2000
 AB10 — Głubczyce 2001; AB11 — Krościna Mała 2001; AB12 — Tarnów 2001
 AB13 — Pawłowice 2001; AB14 — Tomaszów Bol.

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

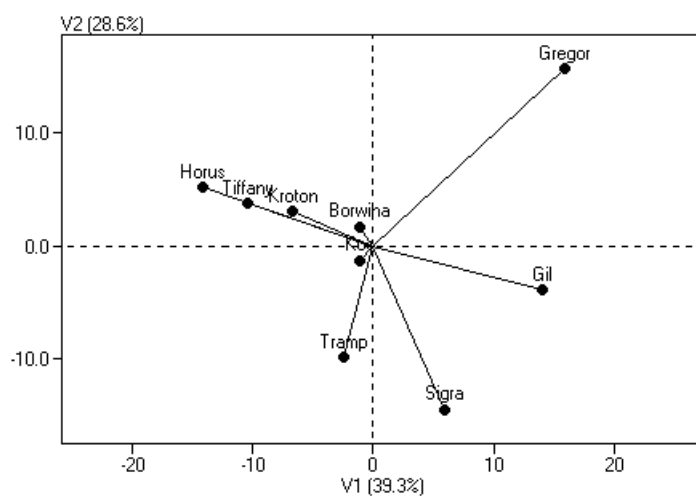
Wektorowe rozmieszczenie genotypów jęczmienia ozimego w układzie dwóch pierwszych składowych głównych dla standardowych warunków uprawy przedstawiono na rysunku 3.

Znaczne oddalenie odmian Sигра, Gregor i Gil od początku układu współrzędnych wskazuje na dużą interakcję tych odmian z badanymi środowiskami. Genotypy te odznaczają się większym od pozostałych obiektów zróżnicowaniem plonowania w poszczególnych środowiskach glebowo-klimatycznych. Najniższą interakcję genotypowo-środowiskową wykazała się odmiana Borwina, natomiast pozostałe charakteryzowały się nieco wyższą ale zbliżoną do siebie interakcją $G \times E$. Intensywny wariant uprawy (rys. 4) w badanych środowiskach spowodował znaczne zróżnicowanie w plonowaniu odmian Gregor, Horus, Sигра i Gil o czym świadczą duże odległości od początku układu współrzędnych. Niższą interakcję genotypowo-środowiskową zaobserwowano u odmian Borwina i Kos. Znaczne odległości między punktami obrazującymi badane genotypy jęczmienia ozimego w obu wariantach uprawy wskazują, że różnice w ich plonowaniu są wyrazem wpływu warunków glebowo-klimatycznych.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie genotypów jęczmienia ozimego w układzie składowych głównych – wariant standardowej uprawy

Fig. 3. Vector representation of the winter barley genotypes in the system of principal components – standard cultivation variant



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie genotypów jęczmienia ozimego w układzie składowych głównych – wariant intensywnej uprawy

Fig. 4. Vector representation of the winter barley genotypes in the system of principal components – intensive cultivation variant

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych odmian jęczmienia ozimego we wszystkich doświadczeniach. Wykazano istotne zróżnicowanie środowisk oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) dla obydwu wariantów uprawy.
2. Odmiany Gregor i Gil zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie uprawy odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów, jednak wykazywały się niższą stabilnością plonowania.
3. Stwierdzono, że obok wpływu poziomu agrotechniki istotne znaczenie na plonowanie odmian jęczmienia ozimego miały również warunki glebowo-klimatyczne.

LITERATURA

- Behnke M. 1998. Charakterystyka i ocena wartości gospodarczej zarejestrowanych odmian jęczmienia jarego i ozimego. Hodowla jęczmienia w Polsce i Europie. Agrotechnika i wykorzystanie jęczmienia. Pamiętnik Puławski, z. 112: 7 — 18.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski J. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. IGR Poznań.
- Czembor H. J. 1997. Hodowla jęczmienia w Polsce i Europie. Agrotechnika i wykorzystanie jęczmienia. Puławy 23-24 października 1997: 41 — 48.
- Gacek E. 1997. Nie rezygnować z jęczmienia ozimego. Top Agrar Polska, 7/8: 35.
- Kaczyński L. 1999. Reakcja odmian roślin rolniczych na czynniki środowiska, niezbędny zakres doświadczeń PDO na Dolnym Śląsku. Podstawy organizacji i planowania doświadczeń z zarejestrowanymi odmianami roślin rolniczych na Dolnym Śląsku. Zeszyt 1: 35 — 46.
- Kotowicz L. 2001. Jęczmień ozimy. Wyniki doświadczeń 1999–2001. Zeszyt 1 (3)-DZPDO, Tomaszów Bolestawiecki.

WOJCIECH RYBIŃSKI**TADEUSZ ADAMSKI****MARIA SURMA**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Zmienność dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia jarego pod względem cech struktury plonu

The variability of two- and six-rowed DH lines of spring barley for yield structure parameters

Obiektem badań były dwu- i sześciorzędowe linie DH jęczmienia jarego uzyskane w metodzie bulbosowej z mieszańców pokolenia F₂ z wykorzystaniem traktowania ziarniaków światłem lasera i chemomutagenu — MNU. Linie DH bez powyższych traktowań stanowiły kombinację kontrolną. Analiza struktury plonu uzyskanych linii z doświadczeń polowych przeprowadzonych w trzech kolejnych latach wskazuje na szerszy zakres wartości skrajnych, wyższy współczynnik zmienności oraz istotnie wyższą wariancję w grupie linii DH z traktowaniem niż bez. Wskazuje to na większą zmienność genetyczną badanych cech dla linii DH uzyskanych z traktowań mutagennych i światłem lasera oraz wystąpienie dodatkowej zmienności, której źródłem był zastosowany mutagen.

Słowa kluczowe: chemomutagen, jęczmień jary, laser, linie DH, struktura plonu, zmienność genetyczna

The object for the performed studies constituted two- and six- rowed DH lines of barley obtained from F₂ progeny with the use of *Hordeum bulbosum* method. Before haploid productions the grains were treated with laser light and chemomutagen — MNU. The lines obtained without treatment constituted the control combination. The analysis of yield structure parameters from three years field trails indicated that extreme values, coefficient of variability and variance were higher for the DH lines derived from the mutagenic treatment. It indicates on broader genetic variability of traits in DH lines with the treatment and appearance of additional variability as result of chemomutagen activity.

Key words: chemomutagen, DH lines, genetic variability, laser, spring barley, yield structure

WSTĘP

W wyniku krzyżowania niektórych gatunków w rozwijającym się zarodku następuje eliminacja chromosomów jednej z form rodzicielskich. Szczególnie interesujące są te kombinacje, w których eliminacja chromosomów jednej z form jest całkowita, ponieważ

daje to możliwość uzyskania form haploidalnych tego gatunku, którego chromosomy nie są eliminowane (Surma, 1997).

Prowadząc prace hodowlane szczególne znaczenie mają te kombinacje krzyżowań *Hordeum bulbosum* z innymi gatunkami, gdzie dochodzi do eliminacji gatunku dzikiego. Krzyżowanie *H. vulgare* z *H. bulbosum* umożliwiło uzyskanie stosunkowo wysokiej częstotliwości występowania haploidów jęczmienia (Kasha i Kao, 1970), co z powodzeniem wykorzystuje się do dzisiaj w praktyce do uzyskiwania dihaploidalnych linii jęczmienia.

Jednym z najczęściej wykorzystywanych materiałów wyjściowych do uzyskiwania linii DH w metodzie bulbosowej są mieszańce jęczmienia, głównie z uwagi na fakt, że w krótkim czasie z dowolnej formy heterozygotycznej uzyskiwać można formę całkowicie homozygotyczną. Oprócz utrwalenia efektu rekombinacji w systemie DH, interesujące jest włącznie w proces haploidyacji zmienności mutacyjnej. Coraz częściej do generowania zmienności genetycznej w systemie DH stosuje się traktowania mutagenne z wykorzystaniem różnych źródeł promieniowania lub chemomutagenów (Chen, 1986; Beversdorf i Kott, 1987; Zapata i Aldemita, 1989; Swanson i in., 1989; Umba Di-Umba i in., 1991; Laib i in., 1996).

Donorem mutacji mogą być naświetlane promieniami gamma pylniki i mikrospory (Szarejko i in., 1991; Laib i in., 1996). Jako bardzo efektywnego donora mutacji w tej metodzie wykorzystywać można również rośliny M_1 , gdzie mutagennemu traktowaniu poddaje się ziarniaki (Umba Di-Umba i in., 1991). W zastosowanej przez nas metodzie bulbosowej donorem mutacji były rośliny pokolenia M_1 . Koncepcja dodatkowego naświetlania ziarniaków światłem lasera miała na celu zwiększenie liczby osadzanych ziarniaków po krzyżowaniu z *H. bulbosum* oraz wzrost liczby uzyskiwanych haploidów. Obecnie biostymulujące właściwości lasera z powodzeniem wykorzystuje się do przedsiwiewnego traktowania nasion (Podleśny, 1997; Drozd i in., 1999) oraz w kulturach *in vitro* (Rybiński, 1998; Rybiński i in., 2001).

Z uwagi na fakt, że materiałem wyjściowym do traktowania mutagenem były mieszańce jęczmienia pokolenia F_2 , można oczekiwać, że u uzyskanych linii DH zmienności rekombinacyjnej towarzyszyć może zmienność mutacyjna. Celem badań było określenie zmienności genetycznej cech struktury plonu u linii DH uzyskanych z traktowań mutagenem w porównaniu z liniami otrzymanymi bez wykorzystania mutagenu.

MATERIAŁ I METODY

Materiał wyjściowy do uzyskanych linii DH jęczmienia stanowiły mieszańce F_2 otrzymane z krzyżowania dwurzędowej odmiany Maresi z odmianą sześciorzędową Klimek. Nasiona mieszańców przed krzyżowaniem z *Hordeum bulbosum* traktowano biostymulującą dawką światła lasera helowo-neonowego oraz mutagenem N-nitroso-N-metylomocznikiem (MNU) w stężeniu 0,9 mM przez 3 godziny. Uzyskane niedojrzałe zarodki hodowano dalej w kulturze *in vitro* aż do uzyskania roślin haploidalnych. Linie DH pochodzące z kombinacji bez traktowania stanowiły formę kontrolną.

Po rozmnożeniu uzyskanych dwu- i sześciorzędowych linii DH, w roku 1998 wysiewano je w doświadczeniu polowym założonym metodą bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Doświadczenia kontynuowano w dwu kolejnych latach. Analizowano wysokość roślin oraz cechy struktury plonu w odniesieniu do długości kłosa, liczby i masy ziaren w kłosie oraz masy 1000 ziaren. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie dla każdego roku badań i łącznie za okres trzech kolejnych lat określając średnie, wartości skrajne oraz wartości współczynnika zmienności. Porównanie między grupami linii DH dwu- i sześciorzędowych oraz liniami a formami rodzicielskimi prowadzono poprzez ocenę i testowanie kontrastów (Caliński i Kaczmarek, 1973).

WYNIKI

Wartości średnie, wartości skrajne oraz wielkość współczynnika zmienności podano w tabeli 1.

Tabela 1

Charakterystyka statystyczna dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia jarego
Statistical characteristics of two- and six- rowed barley DH lines

Linie DH Lines	Średnia Mean			Wartości skrajne Extreme values			Współczynnik zmienności Coefficient of variation		
	1*	2	3	1	2	3	1	2	3
wysokość roślin (cm) — plant height									
K2	53,6	58,9	51,2	44,0–77,0	49,0–81,0	42,0–74,0	10,9	9,7	10,7
K6	50,2	55,6	48,2	39,0–61,0	42,0–55,0	41,0–55,0	10,4	9,5	7,3
M2	54,4	60,1	51,9	28,0–80,0	33,0–88,0	32,0–75,0	17,7	17,9	15,6
M6	49,8	57,1	48,8	37,0–57,0	43,0–70,0	37,0–57,0	11,7	12,4	11,2
długość kłosa (cm) — spike length									
K2	7,5	9,3	8,8	6,4–8,9	8,1–10,8	7,1–10,9	5,9	7,0	8,4
K6	5,6	6,9	7,0	4,6–6,9	6,0–8,6	5,3–9,5	10,5	10,1	14,2
M2	7,9	9,2	9,2	5,6–9,5	6,8–11,5	7,5–11,4	9,5	9,3	7,5
M6	5,4	7,2	6,6	3,6–7,0	5,6–8,5	5,1–8,2	15,5	10,6	12,7
liczba ziaren z kłosa — grain number per spike									
K2	1,4	24,3	21,6	15,8–23,6	21,1–27,6	17,8–24,9	6,1	6,3	6,6
K6	35,7	42,3	45,3	26,6–45,0	30,2–53,0	34,4–59,8	14,6	14,7	13,9
M2	22,0	23,9	22,9	13,4–26,1	13,0–28,4	15,5–29,7	11,1	13,0	10,6
M6	35,8	45,8	42,8	20,8–43,3	38,6–59,0	32,8–54,6	16,4	12,4	12,8
masa ziaren z kłosa (g) — grain weight per spike									
K2	1,13	1,23	0,71	0,91–1,87	0,89–1,48	0,58–0,85	10,4	10,9	9,2
K6	1,35	1,56	1,06	1,04–1,68	1,21–2,07	0,80–1,48	12,3	15,8	15,9
M2	1,16	1,18	0,73	0,45–1,90	0,33–1,73	0,34–0,95	18,7	21,8	16,7
M6	1,54	1,96	1,15	0,97–1,87	1,33–2,60	0,86–1,63	15,7	18,8	18,0
masa 1000 ziaren (g) — weight of 1000 grains									
K2	51,6	50,8	33,2	46,2–56,5	42,1–59,6	28,9–37,4	4,7	7,6	6,3
K6	38,3	36,4	23,9	32,0–43,3	27,2–48,7	21,0–27,5	6,8	13,5	6,1
M2	52,2	49,6	32,5	33,7–59,9	25,8–64,6	19,9–42,7	13,4	15,7	13,6
M6	43,8	42,0	27,4	39,4–49,2	34,5–49,3	23,8–31,2	7,2	9,3	7,1

1*–3 — Lata badań; years of study

K2 i K6 — Linie 2- i 6-rzędowe kontrolne; 2- and 6-rowed control lines

M2 i M6 — Linie 2- i 6-rzędowe z traktowaniem mutagennym; 2- and 6-rowed lines with mutagenic treatment

Mimo obserwowanych różnic w wartościach badanych cech między latami badań, średnie wartości w grupach dwu- oraz sześciorzędowych linii DH z traktowaniem i bez traktowania (K2–M2 i K6–M6) w poszczególnych latach są zbliżone. Zaobserwować można jednak, że wartości średnich dla grup linii DH z traktowaniem są w większości wypadków wyższe aniżeli dla grup bez traktowania. Najniższe wartości średnich obserwowano dla trzeciego roku badań. Mimo że wartości średnich w poszczególnych latach w porównaniu grup linii DH z traktowaniem i bez były zbliżone, wartości skrajne wskazują na wystąpienie szerszej zmienności genetycznej dla grup DH z traktowaniem mutagenem. Na szczególną uwagę zasługuje grupa linii dwurzędowych z traktowaniem w odniesieniu do wysokości roślin. Oprócz wartości skrajnych, większą zmienność genetyczną cech w grupach linii z traktowaniem potwierdziła wartość współczynnika zmienności. Największą jego wartość dla linii dwurzędowych z traktowaniem (niezależnie od roku badań) uzyskano pod względem wysokości roślin i masy ziaren z kłosa.

Ocenę i wyniki testowania kontrastów między grupami linii DH dwu i sześciorzędowymi oraz liniami i formami rodzicielskimi dla badanych cech i lat łącznie przedstawiono w tabeli 2.

Tabela 2

Ocena i wyniki testowania kontrastów między grupami dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia oraz liniami a formami rodzicielskimi
Estimation and testing results of contrasts in comparison between two- and six rowed barley DH lines and their initial forms

Kontrast Contrast	Wysokość roślin (cm) Plant height		Długość kłosa (cm) Spike length		Liczba ziaren z kłosa No. of grains/spike		Masa ziaren z kłosa (g) Grains weight/spike		Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	
	ocena	F	ocena	F	ocena	F	ocena	F	ocena	F
K–M	-0,84	13,68	-0,16	14,42	-0,02	0,01	-0,06	27,88	-1,35	51,70
K2–K6	3,27	99,45	2,07	1097,20	-18,33	3533,07	-0,29	379,07	12,36	2113,23
M2–M6	3,54	91,5	2,39	1217,7	-18,56	2814,71	-0,53	943,00	6,95	520,25
K2–M2	-0,85	9,58	-0,22	20,12	-0,40	2,38	0,06	0,28	0,56	6,70
K6–M6	-0,56	1,90	0,16	4,57	-0,63	2,66	-0,22	141,3	-4,83	205,0
K2–Maresi	-6,05	40,34	-0,44	6,44	-1,45	2,64	-0,02	0,20	1,64	4,41
K6–Klimek	-2,22	5,21	-0,15	0,74	-3,64	15,90	-0,52	133,9	-8,63	117,4
M2–Maresi	-5,20	29,52	-0,21	1,51	-1,05	1,38	-0,03	0,36	1,07	1,87
M6–Klimek	-1,65	2,82	-0,31	3,04	-3,03	10,60	-0,29	41,67	-3,79	22,15
Maresi–Klimek	7,11	28,90	2,30	88,77	-20,52	273,00	-0,80	169,7	2,07	3,92

Wartości krytyczne $F_{0,05} = 3,86$; $F_{0,01} = 6,70$; critical values $F_{0,05} = 3,86$; $F_{0,01} = 6,70$

K i M — linie kontrolne i z traktowaniem MNU, control lines and those with MNU treatment

K2 i K6 — linie DH kontrolne 2- i 6-rzędowe, control DH lines 2- and 6-rowed

M2 i M6 — linie DH 2- i 6-rzędowe z traktowaniem MNU, 2- and 6-rowed DH lines with MNU treatment

Maresi i Klimek — 2- i 6-rzędowe formy wyjściowe, 2- and 6-rowed initial forms

Porównując linie dwurzędowe bez traktowania i z traktowaniem (K2–M2) istotną wartość kontrastu uzyskano dla wysokości roślin, długości kłosa oraz masy 1000 ziaren. W podobnych porównaniach, ale między formami sześciorzędowymi (K6–M6), istotną wartość kontrastu obserwowano dla długości kłosa, masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren. Dla porównań między liniami dwurzędowymi (K2–M2) dla wysokości roślin i długości kłosa wartość kontrastu była ujemna i statystycznie istotna. Dodatnią i istotną

wartość kontrastu obserwowano dla masy 1000 ziaren. Pośród istotnych wartości kontrastu w porównaniach linii sześciorzędowych (K6–M6) ujemne wartości uzyskano dla masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren.

Porównanie wariancji badanych cech w obrębie grup dwu- i sześciorzędowych pochodzących z traktowań i bez przedstawiono w tabeli 3. W porównaniach grup linii dwurzędowych, z wyjątkiem długości kłosa w trzecim roku badań linii uzyskanych po traktowaniu mutagenem była istotnie wyższa od wariancji linii otrzymanych bez traktowania. Tak jednoznacznej tendencji nie obserwowano w porównaniach grup linii sześciorzędowych.

Tabela 3

Porównanie wariancji badanych cech w obrębie grup dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia uzyskanych po traktowaniu mutagenem i bez traktowania
Comparison of variance of the analyzed traits for two- and six rowed DH lines obtained after mutagenic treatment and without treatment

Cechy Traits	Statystyka F F-statistic					
	M2–K2			M6–K6		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000
Wysokość roślin Plant height	2,69	3,52	2,19	1,26	1,89	2,38
Długość kłosa Spike length	2,80	1,77	0,88	2,03	1,12	0,68
Liczba ziaren z kłosa Grain number per spike	3,40	4,05	2,92	1,24	0,82	0,75
Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike	3,32	3,61	3,36	2,08	2,21	2,08
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	8,16	4,04	4,40	1,45	1,02	1,85
Wartości krytyczne Critical values	$F_{0,05}$	1,49			1,83	
	$F_{0,01}$	1,74			2,33	

K2 i K6 — dwu- i sześciorzędowe kontrolne linie DH, two- and six-rowed control DH lines

M2 i M6 — dwu- i sześciorzędowe linie DH uzyskane z traktowania mutagenem, two- and six-rowed DH lines obtained after mutagenic treatment

DYSKUSJA

Podstawową korzyścią wynikającą z stosowania mutagenezy w systemie DH jest możliwość uzyskania zarówno dominujących jak i recesywnych mutacji już w pierwszym pokoleniu po traktowaniu mutagenem, z pominięciem negatywnego zjawiska chimeryzmu. Mimo tej niewątpliwej zalety, pewną trudność w porównaniu z klasyczną metodą uzyskiwania mutantów stanowi jej pracochłonność wynikająca z konieczności dysponowania znaczną liczebnością linii dihaploidalnych. Stąd niewątpliwie istotna jest możliwość wysoka efektywność zastosowanej metody haploidyzacji. Dla przykładu w metodzie pylnikowej pylniki mogą być tak bardzo wrażliwe na promieniowanie gamma, że nawet niska dawka promieni silnie redukowała liczbę reagujących pylników i otrzymanych zielonych roślin (Laib i in., 1996). Jeśli donorem mutacji, jak w zastosowanej przez nas metodzie bulbosowej, jest roślina M_1 uzyskana z mutagennego traktowania ziarniaków,

plodność rośliny jest silnie redukowana przez występowanie uszkodzeń somatycznych wywołanych działaniem mutagenu. Krzyżowanie tego rodzaju roślin z *H. bulbosum* może rzutować na niską liczbę uzyskiwanych zarodków w stosunku do liczby zapylnych kwiatków. W celu zminimalizowania tego efektu (Rybiński, 1998) wykorzystaliśmy biostymulujące właściwości światła lasera helowo-neonowego naświetlając ziarniki przed traktowaniem mutagenem. Obecnie, w praktyce wykorzystuje się tę specyficzną właściwość światła lasera do przedświeceniowej biostymulacji nasion u różnych gatunków roślin (Koper, 1993; Koper, 1997). Wykorzystanie światła lasera umożliwiło wzrost efektywności metody bulbosowej, wyrażonej liczbą uzyskanych linii DH (Rybiński, 1998).

Z uwagi na fakt, że materiałem wyjściowym do indukowania mutacji w systemie DH były mieszańce jęczmienia w pokoleniu F₂, zmienności rekombinacyjnej może towarzyszyć zmienność mutacyjna. Jeśli uzyskano ten efekt, to zmienność genetyczna cech w liniach DH otrzymanych z traktowań mutagennych winna być większa aniżeli w liniach bez traktowania. Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała szerszy zakres wartości skrajnych i wyższą wartość współczynnika zmienności dla linii DH uzyskanych przy działaniu mutagenu. Ponadto dla porównań grup linii DH z traktowaniem mutagenem i bez, dla większości cech w latach wariancja była istotnie wyższa. Wskazuje to na wystąpienie obok zmienności rekombinacyjnej, dodatkowej zmienności, której źródłem mógł być zastosowany mutagen. Połączenie obu rodzajów zmienności i uzyskanie form homozygotycznych jest podstawową zaletą zastosowanego systemu DH.

Otrzymane wyniki, zwłaszcza wartości skrajne, wskazują na wyraźne obniżenie wysokości roślin DH, pochodzących z traktowań mutagenem. Jak wskazują dane literaturowe (Rybiński, 1981; Rybiński i in., 2000) chemomutagen MNU z wysoką częstotliwością indukuje formy karłowe i półkarłowe. Pośród mutantów DH uzyskanych w metodzie pylnikowej jęczmienia, w spektrum mutacji również obserwowano znaczną ilość form o skróconej długości źdźbła (Umba Di-Umba i in., 1991; Laib i in., 1996).

WNIOSKI

1. Wartości skrajne dla badanych cech niezależnie od roku badań, wskazują na poszerzenie zmienności genetycznej cech struktury plonu w liniach DH, pochodzących z traktowania mutagenem i możliwość wyboru form DH przewyższających pod tym względem linie kontrolne.
2. Linie DH pochodzące z traktowań z mutagenem w porównaniu z liniami kontrolnymi charakteryzowały się wyraźnie skróconą długością źdźbła, co umożliwiło wybór form karłowych i półkarłowych.
3. Wyższe wartości współczynnika zmienności a zwłaszcza wariancja dla badanych cech w grupie linii DH pochodzących z traktowań mutagenem wskazują, że obok zmienności rekombinacyjnej wystąpiła dodatkowa zmienność mogąca wynikać z działania chemomutagenu.

LITERATURA

- Beversdorf D., Kott L. S. 1987. An *in vitro* mutagenesis/selection system for *Brassica napus*. Iowa State J. Res. 61: 435 — 443.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego. Trzecie Colloquium z Agrio-Biometrii, Warszawa, PAN: 256 — 320.
- Chen Y. 1986. The inheritance of rice pollen plant and its applications in crop improvement. Haploids of higher plants *in vitro*. China Academic Publishers, Beijing: 118 — 136.
- Drozd D., Szajsner H., Laszkiewicz E. 1999. Wykorzystanie biostymulacji laserowej w uprawie pszenicy jarej. Biul. IHAR 211: 85 — 90.
- Kasha K. J., Kao K. N. 1970. High frequency haploid production in barley (*Hordeum vulgare* L.). Nature 225: 874 — 876.
- Koper R. 1993. Pre-sowing laser biostimulation of seeds of cultivated plants and its results in agrotechnics. Proc. ICPP AM 5, Bonn 1993: 65.
- Koper R. 1997. Stymulacja laserowa nasion pomidorów. Owoce, Warzywa, Kwiaty 21: 16.
- Laib Y., Szarejko I., Polok K., Małuszyński M. 1996. Barley anther culture for doubled haploid mutant production. Mut. Breed. Newsletter 42: 13 — 15.
- Podleśny J. 1997. Wpływ przedsewnego traktowania nasion światłem laserowym na kształtowanie się cech morfologicznych i plonowanie bobiku. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 446: 435 — 439.
- Rybiński W. 1981. Short-strow forms of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) obtained as results of MNUA — induced mutations. Genet. Pol. 22: 271 — 278.
- Rybiński W. 1998. Wykorzystanie światła lasera w badaniach nad roślinami wyższymi. Zastosowanie kultur *in vitro* w fizjologii roślin. F. Dubert, M. Rapacz (red.), Kraków: 169 — 179.
- Rybiński W., Jeżowski S., Krajewski P. 2000. Analiza cech ilościowych warunkujących odporność na wyleganie i parametrów struktury plonu u mutantów jęczmienia jarego. Biul. IHAR 216: 229 — 235.
- Rybiński W., Surma M., Adamski T. 2001. Wykorzystanie światła lasera do uzyskiwania haploidów jęczmienia metodą *H. bulbosum*. Biotechnologia 1 (52): 143 — 147.
- Surma M. 1997. Wykorzystanie zjawiska eliminacji chromosomów w hodowli jęczmienia. Seminaria Wydziału Rolniczego, AR Poznań 3: 156 — 174.
- Swanson E. B., Herrgesell M. J., Arnoldo M., Sippell D. W., Wong R. S. C. 1989. Microspore mutagenesis and selection. Theor. Appl. Genet. 78: 525 — 530.
- Szarejko I., Małuszyński M., Polok K., Kiljan A. 1991. Doubled haploids in the mutation breeding of selected crops. Plant mutation breeding for crop improvement. Proceedings of a Symposium, Vienna 1990, IAEA: 355 — 378.
- Umba Di-Umba, Małuszyński M., Szarejko I., Zbieszczek J. 1991. High frequency of barley DH-mutants from M₁ after mutagenic treatment with MNU and sodium azide. Mut. Breed. Newsletter 38: 8 — 9.
- Zapata F. J., Aldemita R. R. 1989. Induced of salt tolerance in high-yielding rice varieties through mutagenesis and anther culture. Current options for cereal improvement. Małuszyński M. (ed.). Kluwer Academic Publishers, Dordrecht: 193 — 202.

STANISŁAW JEŻOWSKI

PAWEŁ KRAJEWSKI

MARIA SURMA

TADEUSZ ADAMSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Wpływ środowiska na efekty działania genów warunkujących odporność linii DH jęczmienia na wyleganie

The influence of environment on effects of genes controlling lodging resistance of barley DH lines

W pracy przedstawiono wyniki badań dotyczących oceny efektów działania genów kontrolujących morfologiczne i fizyczne cechy źdźbła jęczmienia w różnych warunkach środowiska (latach). Obiektem badań były linie podwojonych haploidów (DH) uzyskane z mieszańców między oplewioną linią RK63/1 i nieoplewionym rodem 1N86. Linie DH, formy wyjściowe oraz mieszańce F₁ i F₂ badano w 3-letnich w doświadczeniach polowych. Analizowano długość, średnicę i grubość ścianki źdźbła oraz elastyczność źdźbła i stopień wylegania. Na podstawie danych uzyskanych w poszczególnych latach oraz średnich z lat oszacowano efekty addytywnego działania genów [d], dominacji [h] oraz nieallelicznej interakcji *loci* w stanie homo- [i] i heterozygotycznym [l], a następnie testowano istotność interakcji efektów działania genów z warunkami środowiska. Dla wszystkich analizowanych cech stwierdzono istotność efektów addytywnego działania genów oraz występowanie znaczącej interakcji tych efektów ze środowiskiem. Efekty dominacji istotne okazały się tylko w odniesieniu do długości źdźbła i grubości jego ścianki, przy czym dla długości źdźbła istotna była także interakcja tych efektów ze środowiskiem. Uzyskane rezultaty wskazują, że efekty *loci* w stanie homozygotycznym są mniej stabilne w zróżnicowanych warunkach środowiska, niż efekty *loci* heterozygotycznych.

Słowa kluczowe: interakcja, jęczmień, linie DH, odporność na wyleganie, parametry genetyczne

In the paper estimates of gene effects are presented for barley morphological and physical traits and their interaction with environments. Material for the studies constituted barley doubled haploid (DH) lines derived from a cross between hulled line RK63/1 and naked breeding line 1N86. DH lines along with their parental genotypes and F₁, F₂ hybrids were examined in a 3-year experiment conducted under field conditions. The following traits were observed: length and diameter of stem, stem wall thickness, stem elasticity and lodging grade. On the basis of the data obtained for each year as well as for means over three years effects of additive, dominance and epistatic gene action were estimated and their interaction with environments (years) were tested. For all the studied traits additive effects and their interaction with environments revealed to be significant. Dominance effects were significant for stem length and stem wall thickness and their interaction with environments was important for stem length

only. The results presented in this paper indicate that effects of homozygous *loci* are less stable than heterozygous *loci* effects in various environmental conditions.

Key words: barley, DH lines, lodging resistance, genetic parameters, interaction

WSTĘP

Odporność na wyleganie jest jedną z podstawowych właściwości odmian zbóż, decydujących o ich przydatności gospodarczej. Jest ona uwarunkowana genetycznie, lecz ekspresja odporności uzależniona jest od warunków środowiska (opady deszczu, wiatry, temperatura). Badania przeprowadzone przez wielu autorów wykazały, że odporność zbóż na wyleganie związana jest z budową morfologiczną i fizyczną źdźbła (Zeniščeva, 1972, 1986; Jeżowski, 1981, 1996; Jeżowski i El Bassam, 1985; Vazquez i Sanchez-Menge, 1989; Mazurek i in., 1985; Müller, 1989; Żebrowski, 1992; Doliński, 1995).

Celem niniejszej pracy było zbadanie, czy efekty działania genów kontrolujących cechy morfologiczne i fizyczne źdźbła jęczmienia są podobne w różnych warunkach środowiskowych (latach), czy też wykazują interakcję ze środowiskiem.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach wykorzystano 48 linii podwojonych haploidów (DH) jęczmienia. Linie otrzymano metodą *H. bulbosum* z mieszańców F_1 oplewionego rodu RK63/1 z rodem nagoziarnistym 1N86. Linie DH, formy rodzicielskie oraz mieszańce F_1 i F_2 badano w 3-letnim (1999–2001) doświadczeniu polowym założonym w układzie bloków losowanych kompletnych, w trzech powtórzeniach. Poletka o powierzchni 4 m^2 każde obsiano nasionami analizowanych genotypów w gęstości 330 ziaren na 1 m^2 . W fazie dojrzałości pełnej oszacowano stopień wylegania stosując skalę bonitacyjną 1–9, gdzie 1 — oznaczał brak wylegania, a 9 — największe wyleganie. Po zbiorach wykonano pomiary długości, średnicy oraz grubości ścianek źdźbła. Ponadto wyznaczono elastyczność źdźbła (moduł Younga) metodą ultradźwięków (Gawda i Haman, 1983; Jeżowski, 1996).

Uzyskane z doświadczeń dane opracowano statystycznie stosując 2-czynnikową analizę wariancji. Wyboru linii o maksymalnych i minimalnych wartościach analizowanych cech dokonano wyszukując linie o średnich trzyletnich zbliżonych (biorąc pod uwagę najmniejszą różnicę istotną) do linii o największej i najmniejszej średniej. Na podstawie średnich dla linii ekstremalnych oraz średnich dla form rodzicielskich i mieszańców F_1 , F_2 oszacowano efekty addytywnego działania genów (parametr $[d]$) i dominacji (parametr $[h]$), a także współdziałania genów z różnych loci (parametry $[i]$ i $[l]$), dla każdego roku oddzielnie oraz na podstawie średnich z trzech lat (Surma i in., 1984). Istotność efektów oraz istotność ich interakcji ze środowiskiem badano testem F w analizie wariancji.

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono wartości średnie badanych cech dla linii DH, form rodzicielskich oraz mieszańców F₁ i F₂.

Tabela 1

Wartości analizowanych cech źdźbła oraz stopnia wylegania linii DH jęczmienia uzyskanych z mieszańców RK63/1 × 1N86 (średnie z 3 lat)
Values of stem characters and lodging grade of barley DH lines derived from the cross RK63/1 × 1N86 (means over 3 years)

Cecha Character	Linie DH DH lines			Formy rodzicielskie Parental genotypes		Mieszańce Hybrids	
	maks. max	min. min.	średnia mean	RK63/1	1N86	F ₁	F ₂
Długość źdźbła (cm) Stem length	89,9	73,2	80,6	77,3	78,4	78,6	79,9
Średnica źdźbła (mm) Stem diameter	2,93	2,57	2,71	2,83	2,65	2,65	2,71
Grubość ścianki źdźbła (mm) Wall thickness	0,23	0,19	0,21	0,22	0,21	0,21	0,22
Elastyczność źdźbła (MPa) Stem elasticity	29,02	24,12	26,84	29,3	26,4	27,9	26,9
Stopień wylegania (1–9) Lodging grade	5,16	2,03	3,62	2,22	3,44	3,00	3,22

Oceny efektów działania genów kształtujących cechy źdźbła linii DH jęczmienia w poszczególnych latach badań zaprezentowano w tabelach 2–6. Oceny efektów addytywnego działania genów okazały się istotne dla wszystkich analizowanych cech we wszystkich trzech latach, z wyjątkiem stopnia wylegania w pierwszym roku badań. Jednakże wielkość tych efektów była wyraźnie zależna od warunków środowiska, na co wskazują wysokie wartości statystyki F dla interakcji: dla czterech spośród pięciu analizowanych cech wyższe od wartości krytycznej F na poziomie P = 0,01, dla jednej na P = 0,05 (tab. 2–6).

Tabela 2

Oceny parametrów genetycznych dla długości źdźbła jęczmienia
Estimates of genetic parameters for stem length in barley

Rok Year	Parametr Parameter			
	[d]	[i]	[h]	[l]
1999	11,10**	1,38**	19,50**	-20,60*
2000	7,24**	-0,77	-20,10*	16,50
2001	6,77**	1,81**	-3,20	1,20
Średnia Mean	8,37**	0,81*	-1,30	-0,90
F dla interakcji F for interaction	13,99**	5,79**	6,40**	4,82*

* P < 0,05

** P < 0,01

Oceny efektów dominacji (parametr [h]) okazały się istotnie większe od zera tylko w trzech wypadkach, to jest dla długości źdźbła w dwóch latach i dla grubości ścianki źdźbła w jednym roku. W przypadku długości źdźbła widoczne są duże różnice w latach, tak co do wartości parametru [h], jak i jego znaku, przez to średni efekt dominacji był nieistotny, natomiast wysoce istotna okazała się interakcja efektów dominacji ze środowiskiem (tab. 2). Dla grubości ścianki źdźbła średni efekt dominacji był dodatni i istotnie różny od zera. Wartość statystyki F dla interakcji okazała się niższa od wartości krytycznej F (tab. 4).

Tabela 3

Oceny parametrów genetycznych dla średnicy źdźbła jęczmienia
Estimates of genetic parameters for stem diameter in barley

Rok Year	Parametr Parameters			
	[d]	[i]	[h]	[l]
1999	0,155**	0,043**	0,020	-0,120
2000	0,118**	0,017**	0,000	-0,120
2001	0,269**	0,046**	0,100	-0,070
Średnia Mean	0,181**	0,036**	0,040	-0,100
F dla interakcji F for interaction	25,64**	1,75**	0,04	0,01

*P < 0,05

** P < 0,01

Tabela 4

Oceny parametrów genetycznych dla grubości ścianki źdźbła jęczmienia
Estimates of genetic parameters for stem wall thickness in barley

Rok Year	Parametr Parameters			
	[d]	[i]	[h]	[l]
1999	0,015**	0,000	0,044	-0,047
2000	0,018**	0,000	0,000	-0,005
2001	0,023**	-0,004	0,058*	-0,057*
Średnia Mean	0,018**	0,001	0,034*	-0,036*
F dla interakcji F for interaction	3,30*	0,85	1,50	1,08

* P < 0,05

** P < 0,01

Efekty współdziałania *loci* w stanie homozygotycznym (parametr [i]) były istotne dla długości i średnicy źdźbła oraz modułu Younga w dwóch spośród trzech lat badań. Średnie oceny parametru [i] dla tych cech również różniły się istotnie od zera, przy czym dla długości i średnicy źdźbła były dodatnie, natomiast dla elastyczności źdźbła ujemne (tab. 2, 3 i 5). Oceny parametru [i] dla długości źdźbła i modułu Younga znacznie różniły się w poszczególnych latach; w obu wypadkach wartości statystyki F dla interakcji były wyższe od wartości krytycznej F. Efekty nieallelicznej interakcji *loci* homozygotycznych dla średnicy źdźbła były stabilne i nie wykazywały interakcji ze środowiskiem.

Tabela 5

Oceny parametrów genetycznych dla modułu Younga u jęczmienia
Estimates of genetic parameters for Young's modulus in barley

Rok Year	Parametr Parameter			
	[d]	[i]	[h]	[l]
1999	1,46**	-0,92**	0,40	0,80
2000	2,45**	0,37*	-4,20	5,10
2001	3,43**	-0,07	2,00	-0,50
Średnia Mean	2,45**	-0,21*	-0,60	1,80
F dla interakcji F for interaction	23,67**	14,54**	1,09	0,79

* P < 0,05

** P < 0,01

Efekty współdziałania *loci* w stanie heterozygotycznym, określane za pomocą parametru [l], w większości przypadków nie różniły się istotnie od zera. Znaczące wartości parametru [l], istotnie mniejsze od zera, zanotowano tylko dla długości źdźbła w pierwszym roku i grubości ścianki źdźbła w trzecim (tab. 2 i 4). Średni efekt okazał się istotny jedynie dla grubości ścianki, przy czym nie wykazywał on interakcji ze środowiskiem (tab. 4).

Zbliżone wyniki dotyczące efektów działania genów uzyskano wcześniej dla mieszańców form dwu- i sześciorzędowych, a także dla form oplewionych i nieoplewionych (Jeżowski i in., 1993, 1996, 2000; Jeżowski, 1996). W badaniach tych również stwierdzono, że długość źdźbła, średnica źdźbła, grubość ścianki źdźbła i jego elastyczność (moduł Younga) oraz stopień wylegania były determinowane przede wszystkim addytywnym działaniem genów (tab. 6).

Tabela 6

Oceny parametrów genetycznych dla stopnia wylegania jęczmienia
Estimates of genetic parameters for lodging grade in barley

Rok Year	Parametr Parameter			
	[d]	[i]	[h]	[l]
1999	0,21	-0,17	-0,70	0,50
2000	2,21**	-0,10	0,70	-2,20
2001	2,26**	0,03	-3,40	3,10
Średnia Mean	1,56**	-0,08	-1,10	0,50
F dla interakcji F for interaction	55,88**	0,62	0,71	1,05

* P < 0,05

** P < 0,01

Większość ocenianych w niniejszej pracy efektów działania genów kontrolujących cechy związane z odpornością jęczmienia na wyleganie wykazywała istotną interakcję ze środowiskiem. Dotyczyło to głównie efektów *loci* w stanie homozygotycznym, które wykazywały istotną zależność od warunków środowiska w odniesieniu do wszystkich

badanych cech. Znaczącą interakcję ze środowiskiem *loci* (QTL) warunkujących odporność jęczmienia na wyleganie stwierdził także Tinker i wsp. (1996) badając linie DH uzyskane z mieszańców Harrington $\times$ TR306. Uzyskane w niniejszej pracy wyniki wskazują, że efekty homozygotycznych *loci* w porównaniu z efektami genów w stanie heterozygotycznym są mniej stabilne w zróżnicowanych warunkach środowiska. Podobną niestabilność efektów addytywnych stwierdzono także dla innych cech ilościowych u jęczmienia (Kaczmarek i in., 2002). Sugeruje to, że genotypy homozygotyczne mogą mieć mniejszą zdolność adaptacyjną do zmiennych warunków środowiskowych, niż heterozygotyczne.

WNIOSKI

1. Cechy źdźbła determinujące odporność jęczmienia na wyleganie uwarunkowane są głównie genami o działaniu addytywnym.
2. Wyniki badania interakcji efektów działania genów z warunkami środowiskowymi wskazują, że efekty *loci* w stanie homozygotycznym w większym stopniu są zależne od środowiska, niż efekty *loci* heterozygotycznych. Oznacza to, że linie całkowicie homozygotyczne (np. podwojone haploidy) mogą być bardziej wrażliwe pod względem wylegania na zmienne warunki środowiska, aniżeli nie w pełni homozygotyczne rody wyselekcjonowane na wczesnym etapie hodowli.

LITERATURA

- Gawda H., Haman J. 1983. An ultrasonic method of determining Young's modulus in cereal plants. ASAE 26: 250 — 254.
- Doliński R. 1995. Zmienność, odziedziczalność i współzależność właściwości mechanicznych i cech morfologicznych źdźbła pszenicy zwyczajnej warunkujących odporność na wyleganie. Wyd. AR Lublin 3: 1 — 67.
- Jeżowski S. 1981. Analysis of relationship between lodging grade and some morphological characters of spring barley varieties. Genet. Pol. 1: 45 — 61.
- Jeżowski S. 1996. Analiza genetyczna cech determinujących odporność na wyleganie jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.). IGR Poznań, Seria: Rozprawy i Monografie 4: 1 — 58.
- Jeżowski S., El Bassam N. 1985. Analysis of relationship between the lodging grade and some morphological characters at early stages of plant development. Genet. Pol. 2: 233 — 241.
- Jeżowski S., Adamski T., Surma M. 1993. Parametry genetyczne wybranych cech morfologicznych i fizycznych źdźbła linii DH jęczmienia. Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu 223: 215 — 221.
- Jeżowski S., Surma M., Adamski T. 1996. Analiza genetyczna cech warunkujących odporność na wyleganie dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia. Biuletyn IHAR 2000: 169 — 173.
- Jeżowski S., Surma M., Adamski T. 2000. Genetyczne uwarunkowanie cech determinujących odporność na wyleganie oplewionych i nieoplewionych linii DH jęczmienia. Biul. IHAR 216: 185 — 188.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T., Jeżowski S., Madajewski R., Krystkowiak K., Kuczyńska A. 2002. Interaction of gene effects with environments for malting quality of barley doubled haploids. J. Appl. Genet. 43: 33 — 42.
- Mazurek J., Marszałkowski G., Molski B., Ślusarczyk M. 1985. Badania nad wyleganiem żyta. Biul. IHAR 156: 63 — 68.
- Müller Z. 1989. An investigation on the relation between the geometrical dimensions and the stability of wheat stalk. Zesz. Probl. Nauk Rol. 378: 79 — 83.

- Tinker N. A., Mather D. E., Rosnagel B. G., Kasha K. J., Kleinhofs A., Hayes P. M. *et al.* 1996. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. *Crop Sci.* 36: 1053 — 1062.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 1984. The use of doubled haploid lines for estimation of genetic parameters. *Genet. Pol.* 25: 27 — 32.
- Vazquez J. F., Sanchez-Monge E. 1989. Genetic analysis of plant height and internode length in a diallel cross of barley. *J. Genet. and Breed.* 43: 231 — 236.
- Zeniščeva L. S. 1968. Heritability of quantitative characters determining lodging resistance in plants. *Adv. in Agronomy* 25: 209 — 263.
- Zeniščeva L. S. 1972. Nasledowanie u nasledujemosti priznaka procznosti stieblja u jaczmenia pri skreszczivaniu korotkostebielnych mutantov s dlinnostebielnymi sortami. *Genetika* 12: 76 — 81.
- Żebrowski J. 1992. Strukturalno-mechaniczne uwarunkowania i kryteria odporności roślin zbożowych na wyleganie. *Biul. IHAR* 183: 73 — 93.

WOJCIECH RYBIŃSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Analiza cech ilościowych u mutantów jęczmienia jarego uzyskanych przy wykorzystaniu metody *H. bulbosum*

The analysis of quantitative traits for spring barley mutants obtained with use of the *Hordeum bulbosum* method

Donorem mutacji były rośliny pokolenia M_1 uzyskane z dwu- i sześciorzędowej odmiany jęczmienia jarego a środkiem mutagennym którym traktowano ziarniaki był N-nitroso-N-metylomocznik (MNU). Rośliny M_1 krzyżowano z *Hordeum bulbosum*, a po 14 dniach niedojrzałe zarodki hodowano w kulturze *in vitro* doprowadzając do uzyskania roślin DH. Pośród uzyskanych roślin wybierano zmutowane formy które po rozmnożeniu były przedmiotem doświadczeń polowych i opracowań statystycznych. Przeprowadzona analiza statystyczna w okresie trzech kolejnych lat wykazała, że dla cech struktury plonu pod względem wartości średnich, wartości skrajnych i współczynnika zmienności zmutowane linie DH znacznie różniły od wartości uzyskanych dla form wyjściowych. Analizując wartości kontrastu między mutantami dwurzędowymi i dwurzędową odmianą Maresi najwyższe, statystycznie istotne wartości kontrastu uzyskano dla półkarłowatych mutantów M53 i M50. Mutanty te ponadto charakteryzowały się poprawioną odpornością na wyleganie i zbliżonym do formy wyjściowej terminem dojrzewania. Pośród mutantów sześciorzędowych najbardziej od odmiany Klimek pod względem badanych cech różniły się mutanty o skróconej długości źdźbła: M62 i M63.

Słowa kluczowe: *Hordeum bulbosum*, jęczmień jary, laser, linie DH, mutanty, N-nitroso-N-metylomocznik, parametry plonowania, zmienność cech

Seed of two barley cultivars: Maresi (two-rowed) and Klimek (six-rowed) was subjected to mutagenic treatment with N-nitroso-N-methylurea (MNU). The M_1 plants were crossed with *Hordeum bulbosum* and after 14 days the unripened embryos were cultured *in vitro* until DH plants were obtained. Among the plants mutant genotypes were selected, propagated and used in field experiments during three years. The statistical parameters (means, extremes, coefficients of variation) for the yield structure components showed significantly higher variability among the DH mutants as compared to their initial forms. In the group of two-rowed barleys, the highest significance contrasts between Maresi and its mutants were recorded for the semi-dwarf mutants M53 and M50. These forms were additionally more resistant to lodging and their ripening time was similar to the cultivar Maresi. Among the six-rowed forms, the most significant differences with the cultivar Klimek were found for the short-straw mutants M62 and M63.

Key words: DH lines, *Hordeum bulbosum*, laser, mutants, N-nitroso-N-methylurea, variability of traits, yield structure

WSTĘP

W celu zwiększenia częstotliwości mutacji punktowych środki mutagenne mogą być stosowane w różnych fazach kultur *in vitro* lub wykorzystuje się rośliny jako donora mutacji. Jedną z metod uzyskiwania mutantów DH jest wykorzystywanie roślin M_1 jako donora mutacji. Stosując chemomutageny: N-nitroso-N-metylomocznik (MNU) i azydek sodu (NaN_3) oraz wzajemne kombinacje obu mutagenów donorem mutacji w kulturach pylnikowych były rośliny uzyskane z mutagennego traktowania ziarniaków (Szarejko i in., 1991). Wysoką częstotliwość mutantów DH w metodzie pylnikowej obserwował Umba Di-Umba i wsp. (1991) gdzie także donorem mutacji były rośliny M_1 . Autorzy wskazują ponadto, że uzyskiwanie roślin DH z zmutowanych gamet może nie tylko skrócić cykl hodowlany jęczmienia, ale pozwala także pomóc w przezwyciężeniu występowania efektu chimeryzmu który zwykle powstaje jeśli mutagenne traktowanie prowadzone jest na wielokomórkowych strukturach w kulturze *in vitro*.

Oprócz metody pylnikowej, u jęczmienia linie DH uzyskiwać można stosując tzw. metodę bulbosową (Adamski i in., 1995; Surma, 1997). Tę właśnie metodę wykorzystano do generowania zmienności mutacyjnej w systemie DH. Podobnie jak w wyżej przedstawionych badaniach, donorem mutacji były rośliny M_1 (mutagenne traktowanie ziarniaków) krzyżowane dalej z *Hordeum bulbosum*.

Jednym z negatywnych efektów traktowań mutagennych jest wystąpienie u roślin pokolenia M_1 uszkodzeń somatycznych (Rybiński, 2001) redukujących między innymi płodność roślin, a w następstwie tego liczbę uzyskiwanych ziarniaków. W celu zminimalizowania wystąpienia tego efektu i uzyskania możliwie dużej liczby zarodków po krzyżowaniach z *Hordeum bulbosum*, ziarniaki przed traktowaniem mutagenem (MNU) dodatkowo naświetlano biostymulującą dawką światła lasera. Okazuje się, że światło lasera helowo-neonowego przy krótkich czasach ekspozycji ma właściwości biostymulujące (Rybiński i Pokora, 2002), co obecnie z powodzeniem wykorzystuje się dla podniesienia plonowania takich roślin, jak łubin (Podleśny, 1997), bobik (Podleśny, 1997), pszenica (Drozd i in., 1999), kukurydza (Gieroba i in., 1995) i jęczmień (Rybiński i in., 1993).

Celem pracy była analiza zmienności cech ilościowych dotyczących cech struktury plonu u dwu- i wielorzędowych mutantów DH jęczmienia jarego.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem wyjściowym do badań była dwu- i sześciorzędowa odmiana jęczmienia jarego — Maresi i Klimek. Przed traktowaniem mutagennym, ziarniaki poddawano naświetlaniu światłem lasera przez okres 30 minut. Do naświetlania wybrano laser helowo-neonowy o długości fali 632 nm i mocy 24 mW przygotowany do pracy przez Centrum Techniki Laserowej w Warszawie. Po zakończeniu naświetlania ziarniaki przez okres 3 godzin traktowano wodnym roztworem mutagenu N-nitroso-N-metylomocznika (MNU) w stężeniu 0,9 mM. Ziarniaki nie poddawane działaniu lasera i MNU stanowiły kombinację kontrolną.

Uzyskane z ziarniaków w warunkach szklarniowych rośliny M_1 krzyżowano z *Hordeum bulbosum* a otrzymane niedojrzałe zarodki hodowano dalej w kulturze *in vitro* aż do uzyskania roślin haploidalnych, a następnie form DH (Surma, 1997). Po ich rozmnożeniu wybierano zmutowane genotypy dwu- i sześciorzędowe, które były obiektem doświadczeń polowych założonych metodą bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Doświadczenia prowadzono latach 1998–2000.

Po zbiorze roślin analizowano ich zmienność genetyczną pod względem wysokości roślin oraz cech struktury plonu — długości kłosa, liczby i masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie określając wartości średnich, wartości skrajne, współczynnik zmienności oraz wartości kontrastu w porównaniach mutantów z ich formami wyjściowymi.

WYNIKI

Wartości średnich dla badanych cech w za okres trzech kolejnych lat dla mutantów DH oraz odmian Maresi i Klimek przedstawia tabela 1. Uzyskane wyniki wskazują na znaczne różnice w zmienności cech między mutantami i odmianami wyjściowymi. Dotyczy to w szczególności wysokości roślin u form dwurzędowych gdzie większość mutantów charakteryzuje się redukcją długości źdźbła. Najsilniejszą redukcję obserwowano u półkarłowych mutantów M53 i M50. O ile pośród mutantów dwurzędowych część mutantów charakteryzuje się poprawionymi wartościami cech struktury plonu w porównaniu z odmianą Maresi, to mutanty wielorzędowe wyraźnie ustępują w tym względzie wielorzędowej odmianie Klimek. Jedynie mutant M65 pod względem badanych cech przewyższa swą formę wyjściową.

Mimo że wartości średnich dla mutantów łącznie i ich form wyjściowych w poszczególnych latach są zbliżone (tab. 2), wartości skrajne wskazują na znaczne zróżnicowanie mutantów w porównaniu do materiału wyjściowego. Potwierdzają to wartości współczynnika zmienności które są wyższe dla mutantów aniżeli odmian. Niezależnie od roku badań najwyższe wartości współczynnika zmienności u mutantów uzyskano dla masy ziaren z kłosa, a najmniejsze dla długości kłosa. Na szczególną uwagę zasługują niskie wartości średnich dla trzeciego roku badań co związane było z wystąpieniem silnej suszy wiosennej. Wpłynęło to na wyraźne obniżenie liczby i masy ziaren z kłosa a zwłaszcza masy 1000 ziaren.

Porównując wartości kontrastu dla cech między grupami mutantów a ich formami wyjściowymi w poszczególnych latach (tab. 3) wykazano, że pod względem badanych cech struktury plonu mutanty dwurzędowe nie różniły się istotnie od formy wyjściowej. We wszystkich latach i dla każdej z cech uzyskano statystycznie nieistotne wartości kontrastu mimo, że w niektórych latach i dla pewnych cech mutanty przewyższały formę wyjściową. W porównaniach grup mutantów sześciorzędowych z odmianą Klimek istotne wartości kontrastu, we wszystkich latach, uzyskano dla wysokości roślin oraz masy ziaren z kłosa. Porównując mutanty sześci- i dwurzędowe (M6–M2) dla wszystkich cech i lat uzyskano istotne wartości kontrastu.

Wartości kontrastu dla cech w porównaniach między mutantami a formami wyjściowymi w badanych latach łącznie przedstawiono w tabeli 4. Pośród mutantów dwurzędowych najwięcej istotnych wartości kontrastu w porównaniu z formą wyjściową Maresi obserwowano dla cechy wysokości roślin. Z reguły były to ujemne wartości kontrastu wskazujące, że mutagen efektywnie wpływał na skrócenie długości źdźbła. Umożliwiło to wybór dwóch mutantów półkarłowych — M53 i M50 o poprawionej odporności na wyleganie. Dodatkowo, istotne wartości kontrastu uzyskano jedynie dla mutantu M47, a zwłaszcza M56. Mniejszą liczbę ujemnych, istotnych wartości kontrastu obserwowano dla długości kłosa oraz liczby i masy ziaren z kłosa.

Tabela 1

Wysokość roślin i wartości cech struktury plonu dla wybranych mutantów oraz odmian wyjściowych w trzyletnim okresie badań

The plant height and values of yield structure characters for mutants and initial forms in the three years period

Odmiany i mutanty Cultivars and mutants	Wysokość roślin Plant height (cm)	Długość kłosa /cm/ Spike length (cm)	Liczba ziaren z kłosa No. of grains per spike	Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike (g)	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)
Maresi	60,7	9,0	23,9	1,05	43,6
M38	56,3	9,1	24,6	1,11	46,4
M39	51,2	8,8	23,5	1,01	43,8
M40	61,1	9,0	22,5	1,07	47,1
M41	53,4	8,5	24,6	1,06	43,0
M42	48,2	8,7	22,3	1,07	49,3
M43	53,9	9,2	24,8	1,00	40,1
M44	61,7	9,3	21,8	0,89	45,3
M45	51,7	8,6	22,8	1,04	44,4
M46	58,7	9,4	24,0	1,23	51,0
M47	69,4	9,2	23,7	1,20	50,5
M48	57,7	8,7	23,8	1,15	45,6
M49	61,5	8,0	18,4	1,04	56,8
M50	42,4	8,9	23,4	1,10	47,6
M51	49,4	8,6	23,8	0,91	41,5
M52	54,3	8,8	23,6	0,77	32,6
M53	33,1	7,1	16,6	0,50	29,7
M54	54,6	8,8	24,5	1,11	44,3
M55	53,5	8,6	23,7	0,92	39,0
M56	79,1	9,5	22,6	1,10	48,1
M57	55,3	8,4	21,9	1,00	46,6
M58	57,2	8,4	23,3	1,00	44,8
Klimek	53,5	6,7	44,4	1,85	41,5
M59	55,6	6,3	41,5	1,44	35,4
M60	57,5	6,3	42,7	1,47	35,3
M61	55,4	6,1	40,2	1,52	38,6
M62	41,1	6,4	36,5	1,40	36,2
M63	44,1	5,4	35,7	1,41	39,8
M64	50,3	6,3	44,5	1,76	39,7
M65	51,2	7,1	45,7	1,83	41,0
M66	58,6	6,7	43,7	1,50	35,3
M67	53,0	6,5	42,2	1,65	37,9

Tabela 2

Wartości średnich, skrajnych i współczynnika zmienności dla grup mutantów dwurzędowych (M2) i sześciorzędowych (M6) oraz odmian wyjściowych

The values of means, extreme values and coefficients of variation for the two- and six-rowed (M2, M6) mutants and their initial forms

Mutanty i odmiany Mutants and varieties	Średnia Mean			Wartości skrajne Extreme values			Współczynnik zmienności Coefficient of variation		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000
wysokość roślin plant height (cm)									
M2	54,4	60,1	51,9	28,0–80,0	33,0–88,0	32,0–75,0	17,75	17,93	15,66
M6	49,8	57,1	48,8	37,0–57,0	43,0–70,0	37,0–57,0	11,72	12,39	11,23
Maresi	57,0	66,3	58,6	54,0–59,0	64,0–68,0	58,0–63,0	4,64	3,14	0,98
Klimek	51,3	56,0	53,3	48,0–55,0	53,0–59,0	52,0–56,0	6,84	5,36	2,86
długość kłosa spike length (cm)									
M2	7,84	9,19	9,24	5,6–9,5	6,8–11,5	7,5–11,4	9,51	9,35	7,56
M6	5,38	7,15	6,54	3,6–7,0	5,6–8,5	5,1–8,2	15,53	10,62	12,65
Maresi	7,40	9,23	10,3	7,2–7,6	9,1–9,5	9,5–11,1	2,70	1,65	7,77
Klimek	5,36	7,30	7,36	5,1–5,7	7,1–7,6	6,9–9,7	5,69	3,62	5,65
liczba ziaren w kłosie number of grains per spike									
M2	21,89	23,84	22,92	13,4–26,1	13,0–28,4	15,5–29,7	11,12	12,96	10,65
M6	35,75	45,78	42,82	20,8–43,3	38,6–59,0	32,8–54,6	16,38	12,35	12,82
Maresi	23,00	25,13	23,7	22,2–24,8	24,9–25,7	22,7–25,0	5,05	0,83	4,92
Klimek	38,00	48,53	46,8	36,9–39,0	48,1–49,2	44,4–48,4	2,77	0,93	4,60
masa ziaren w kłosie weight of grains per spike (g)									
M2	1,16	1,18	0,73	0,45–1,90	0,33–1,73	0,34–09,5	18,68	21,8	16,67
M6	1,54	1,96	1,15	0,97–1,87	1,33–2,60	0,86–1,63	15,67	18,79	18,01
Maresi	1,15	1,21	0,78	1,10–1,23	1,17–1,29	0,75–0,83	5,90	5,29	5,59
Klimek	1,86	2,21	1,48	1,80–1,90	2,08–2,35	1,45–1,54	2,96	6,12	3,33
masa 1000 ziaren weight of 1000 grains (g)									
M2	52,2	49,6	32,5	33,7–69,9	25,8–64,6	19,9–42,7	13,37	15,69	13,63
M6	43,8	42,0	27,4	39,4–49,2	34,5–49,3	23,8–31,2	7,20	9,33	7,06
Maresi	50,3	489	31,6	49,5–50,7	46,7–51,2	29,0–33,3	1,38	4,60	7,24
Klimek	47,7	45,4	31,4	47,2–48,5	43,2–48,2	30,0–33,8	1,43	5,62	6,55

Tabela 3

Kontrasty dla porównań odmian wyjściowych z grupami mutantów dwurzędowych (M2) i sześciorzędowych (M6) w poszczególnych latach
Contrasts for comparison between initial cultivars and groups of two- (M2) and six-rowed (M6) barley DH mutants in the years of study

Kontrast Contrast	Wysokość roślin Plant height			Długość kłosa Spike length			Liczba ziaren z kłosa No. of grains per spike			Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike			Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000
	Ocena* F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F	Ocena F
Maresi–M2	2,60	6,22	6,77	-0,44	0,44	1,05	1,06	1,28	0,80	-0,003	0,035	0,050	-1,89	-0,66	-0,64
	0,39	2,25	2,67	1,09	0,01	6,11	0,25	0,36	0,14	0,0	0,09	0,21	0,52	0,07	0,06
Klimek–M6	1,48	-1,07	4,55	-0,01	0,14	0,82	2,24	2,75	4,04	0,32	0,24	0,32	3,90	3,32-	4,15
	4,13	4,27	4,20	0,00	0,11	0,44	1,03	1,54	3,32	7,99	4,50	8,23	2,10	1,53	2,36
M6–M2	-4,54	-3,03	-3,11	-2,46	-2,04	-2,69	13,86	21,92	19,9	0,38	0,78	0,42	-8,36	-7,49	-5,00
	7,93	3,54	3,71	218,6`	150,29	262,91	273,0	684,21	563,32	80,25	334,1	98,94	65,57	54,28	24,81

* — Ocena

* — Estimation

Wartości krytyczne $F_{0,05} = 3,86$; $F_{0,01} = 6,70$ Critical values: $F_{0,05} = 3.86$; $F_{0,01} = 6.70$

Tabela 4

Kontrasty dla porównań między mutantami DH a ich odmianami wyjściowymi dla badanych lat łącznie
Contrasts for comparison between DH mutants and the initial varieties for all the years together

Kontrast Contrast	Wysokość roślin (cm) Plant height		Długość kłosa (cm) Spike length		Liczba ziaren z kłosa No. of grains per spike		Masa ziaren z kłosa (g) Grain weight per spike		Masa 1000 ziaren (g) Weight of 1000 grains	
	ocena estimation	F	ocena estimation	F	ocena estimation	F	ocena estimation	F	ocena estimation	F
M38-Maresi	-4,33	10,37	0,18	0,60	0,65	0,28	0,09	2,08	2,76	6,53
M39-Maresi	-9,44	50,90	-0,10	0,17	-0,47	0,15	0,03	0,27	0,20	0,03
M40-Maresi	0,44	0,11	0,03	0,02	-1,49	1,44	0,02	0,12	3,51	10,51
M41-Maresi	-7,00	28,01	-0,47	3,83	0,66	0,29	0,02	0,11	-0,67	0,39
M42-Maresi	-12,44	88,52	-0,25	1,10	-1,61	1,68	0,02	0,19	5,68	27,60
M43-Maresi	-6,77	26,26	0,21	0,75	0,84	0,46	0,05	0,63	-3,46	10,25
M44-Maresi	1,11	0,71	0,29	1,40	-2,13	2,95	-0,06	1,17	1,75	2,63
M45-Maresi	-8,88	45,16	-0,34	1,99	-1,13	0,83	-0,01	0,03	0,80	0,55
M46-Maresi	-1,88	2,04	0,42	2,99	0,09	0,01	0,18	8,76	7,46	47,54
M47-Maresi	8,77	44,04	0,20	0,67	-0,24	0,04	0,15	6,98	6,90	40,60
M48-Maresi	-2,88	4,77	-0,22	0,83	-0,11	0,01	0,10	3,06	2,05	3,60
M49-Maresi	0,88	0,45	-0,93	14,62	-5,46	19,37	-0,06	0,01	13,23	149,33
M50-Maresi	-18,22	189,9	-0,02	0,01	-0,55	0,20	0,05	0,69	4,06	14,10
M51-Maresi	-11,22	72,00	-0,41	2,94	-0,08	0,01	-0,13	4,61	-2,05	3,60
M52-Maresi	-6,33	22,90	-0,16	0,47	-0,30	0,06	-0,27	20,19	-10,94	102,14
M53-Maresi	-27,55	434,01	-1,82	55,72	-7,27	34,33	-0,54	77,53	-13,84	163,44
M54-Maresi	-6,00	20,58	-0,16	0,47	0,55	0,20	0,06	0,95	0,72	0,44
M55-Maresi	-7,11	28,90	-0,37	2,39	-0,23	0,04	-0,12	4,01	-4,52	17,44
M56-Maresi	18,44	194,45	-0,55	5,18	-1,28	1,08	0,05	0,75	4,53	17,2
M57-Maresi	-5,33	16,25	-0,57	5,60	-2,00	2,59	-0,04	0,50	3,04	7,90
M58-Maresi	-3,44	6,67	-0,58	5,82	-0,55	0,20	-0,03	0,60	1,25	1,34
M59-Klimek	2,11	2,55	-0,41	2,84	-2,92	5,54	-0,41	44,81	-6,14	32,19
M60-Klimek	4,00	9,15	-0,32	1,74	-1,74	1,97	-0,38	38,53	-6,15	32,31
M61-Klimek	1,88	2,04	-0,57	5,60	-4,24	11,68	-0,32	27,76	-2,86	7,01
M62-Klimek	-12,44	88,52	-0,28	1,40	-7,91	40,57	-0,45	53,67	-5,30	23,95
M63-Klimek	-9,44	50,98	-1,13	28,85	-8,72	49,32	-0,43	50,54	-1,70	2,45
M64-Klimek	-3,22	5,93	-0,34	1,99	0,08	0,01	-0,08	2,03	-1,77	2,69
M65-Klimek	-2,33	3,11	0,48	4,01	1,26	1,04	-0,02	0,12	-0,53	0,24
M66-Klimek	5,11	14,93	0,03	0,02	-0,70	0,32	-0,34	31,90	-6,15	32,31
M67-Klimek	-0,55	0,18	-0,12	0,25	-2,23	3,93	-0,20	10,78	-3,55	10,78

Wartości krytyczne: $F_{0,05} = 3,86$, $F_{0,01} = 6,70$

Critical values: $F_{0,05} = 3.86$, $F_{0,01} = 6.70$

Znaczne zróżnicowanie między mutantami a formą wyjściową uzyskano dla masy 1000 ziaren. Mutanty M49 oraz M46 i M42 wyróżniały się istotnie wyższą wartością tej cechy. Pośród mutantów sześciorzędowych obserwowano przede wszystkim ujemne wartości kontrastu wskazujące na obniżenie wysokości roślin oraz parametrów plonowania mutantów DH w porównaniu z odmianą wyjściową Klimek. Jedynie mutant M65 plonował na poziomie swej odmiany wyjściowej.

DYSKUSJA

Zmienność samoklonalna powstająca w kulturze *in vitro* jest niewątpliwie istotnym źródłem oczekiwanej zmienności, lecz częstotliwość genetycznie stabilnych mutantów w wielu wypadkach jest niezadawalająca. Coraz częściej do generowania zmienności genetycznej cech w systemie *in vitro* stosuje się mutagenne traktowania z wykorzystaniem różnych źródeł promieniowania czy chemomutageny (Chen, 1986; Beversdorf i Kott, 1987; Zapata i Aldemita, 1989; Swanson i in., 1989; Umba Di-Umba i in., 1991; Laib i in., 1996). W prowadzonych badaniach do generowania zmienności genetycznej w systemie DH wybrano N-Nitroso-N-metylomocznik (MNU), który okazał się efektywnym mutagenem w indukowaniu mutantów DH u jęczmienia jarego. Mutagen ten jak również azydek sodu okazały się wysoce efektywne w otrzymywaniu mutantów DH jęczmienia przez innych autorów (Umba Di-Umba, 1991; Laib i in., 1996). Ponadto wskazują oni także na celowość stosowania kombinacji łączonych MNU z azydkiem sodu.

Zastosowana dawka MNU (0,9 mM) umożliwiła uzyskanie mutantów DH, aczkolwiek dawka ta w klasycznej metodzie indukowania mutacji jest stosunkowo niska (Rybiński i in., 1993). Problem określenia dawki optymalnej w systemie DH jest bardziej złożony aniżeli w metodzie klasycznej. W przypadku metody bulbosowej zwiększenie dawki mutagenu w celu zwiększenia częstotliwości mutacji może poprzez wystąpienie szkodliwości somatycznej drastycznie zaburzyć płodność roślin M_1 a ich dalsze krzyżowanie z *Hordeum bulbosum* przełoży się na niską liczbę zawiązywanych ziaren lub wręcz uniemożliwi ich uzyskanie. Zastosowanie naświetlania ziarniaków biostymulującą dawką lasera przed traktowaniem mutagennym może wpływać „ochronnie” na wysoki poziom uszkodzeń somatycznych i umożliwić stosowanie wyższych dawek mutagenu. Wskazują na to wyniki liczby uzyskanych ziarniaków i haploidów na 100 zapylnych kwiatków które w traktowaniach z MNU nie były niższe aniżeli w kombinacji kontrolnej (Rybiński, 1998). Traktując kłosa jęczmienia przed kulturą *in vitro* promieniami gamma obserwowano drastyczne zmniejszenie się liczby reagujących pylników, a następnie wyraźne zmniejszenie ilości zielonych roślin, nawet wtedy kiedy dawki promieniowania były bardzo niskie. Wskazuje to na dużą wrażliwość pylników na promieniowanie co znacznie ograniczało efektywność zastosowanej metody (Laib i in., 1996). Autorzy ci wykazali ponadto, że stosując mutagenne traktowanie ziarniaków zamiast kłosów jako donora mutacji w metodzie pylnikowej, umożliwiło nie tylko zwiększenie dawki promieniowania, ale uzyskanie także podobnej liczby zielonych roślin jak w kontroli i wyższą częstotliwość mutantów DH. Stosując metodę bulbosową, podobnie jak ww. autorzy donorem mutacji były rośliny M_1 z dodatkowym biostymulującym działaniem naświetlania laserem.

Innym istotnym zagadnieniem indukowania mutacji w systemie DH jest termin wyboru mutantów. W metodzie klasycznej genotypy jęczmienia w stosunku do zmutowanych genów recesywnych ujawniają się w pokoleniu M_2 . W systemie DH recesywne allele indukowane przez mutagen przed jak i podczas stadium haploidalnego mogą być homozygotami w stanie diploidalnym i manifestować swój fenotypowy charakter. Pozwala to na szybką selekcję zmienionych genotypów, bez obserwowania zaburzeń powodowanych przez stan heterozygotyczny.

Stosując rośliny M_1 jako donora mutacji i prowadzenia dalej hodowli pylników z mikrosporami w kulturze *in vitro*, uzyskano czyste zmutowane linie z częstotliwością 25% a spektrum mutacji obejmowało zmutowane siewki *viridis*, mutanty *eceriferum*, mutanty o obniżonej aktywności esteraz a zwłaszcza formy karłowe i półkarłowe jęczmienia (Laib i in., 1996). W przeprowadzonych badaniach z wykorzystaniem metody bulbosowej uzyskano również szerokie spektrum mutacji pośród których zdecydowanie przeważały mutanty o skróconej długości źdźbła i poprawionej odporności na wyleganie. Wysoką skuteczność MNU w indukowaniu karłowych i półkarłowych mutantów DH jęczmienia obserwował Umba Di-Umba i wsp. (1991). O ile uzyskiwanie mutantów o zmienionym fenotypie nie stanowi większych problemów to poprawienie ich struktury plonowania jest zagadnieniem o wiele bardziej skomplikowanym (Rybiński i in., 2000). Mimo że mutanty generalnie pod względem cech struktury plonu ustępowały swym formom wyjściowym, uzyskana zmienność pozwoliła uzyskać mutanty DH o skróconej długości źdźbła i poprawionej odporności na wyleganie przy zachowaniu plonowania na poziomie swych form wyjściowych. Część wybranych mutantów stanowić może interesujący materiał wyjściowy dla potrzeb hodowli jęczmienia.

WNIOSKI

1. Recesywne allele indukowane przez związki mutagenne przed, jak i podczas stadium haploidyacji mogą być homozygotami w stanie diploidalnym i manifestować swój fenotypowy charakter. Pozwala to na szybką selekcję zmutowanych genotypów, którą prowadzono bezpośrednio po uzyskaniu roślin DH.
2. Stosując dwu- i sześciorzędowe rośliny M_1 jako donora mutacji w metodzie bulbosowej uzyskano mutanty DH charakteryzujące się w porównaniu z formami wyjściowymi poszerzoną zmiennością genetyczną cechy wysokości roślin i parametrów struktury plonu.
3. W porównaniach kontrastu dla cechy wysokości roślin między mutantami DH a ich formami wyjściowymi uzyskano głównie ujemne, istotne wartości kontrastu wskazujące na wysoką efektywność MNU w indukowaniu mutantów o skróconej długości źdźbła. Uzyskana zmienność pozwoliła na wybór form karłowych i półkarłowych.
4. Mimo że pod względem cech struktury plonu mutanty DH generalnie ustępowały swym formom wyjściowym, uzyskana zmienność umożliwiła wybór mutantów plonujących co najmniej na poziomie odmian wyjściowych.

LITERATURA

- Adamski T., Surma M., Jeżowski S. 1995. Badania nad introdukcją cytoplazmy *Hordeum bulbosum* do wybranych genotypów jęczmienia uprawnego (*H. vulgare* L.). Hod. Rośl. Aklim. 39: 103 — 110.
- Beversdorf D., Kott L. S. 1987. An *in vitro* mutagenesis/selection system for *Brassica napus*. Iowa State J. Res. 61: 435 — 443.
- Chen Y. 1986. "The inheritance of rice pollen plant and its application in crop improvement", Haploids of Higher Plants *in vitro*, China Academic Publishers, Beijing: 118 — 136.
- Drozd D., Szajsner H., Laszkiewicz E. 1999. Wykorzystanie biostymulacji laserowej w uprawie pszenicy jarej. Biul. IHAR 211: 85 — 90.
- Gieroba J., Koper R., Matyka S. 1995. The influence of pre-sowing laser biostimulation of maize seed on the crop and nutritive value of the corn. 45th Australian Cereal Chemistry Conference 3: 30 — 35.
- Laib Y., Szarejko I., Polok K., Małuszyński M. 1996. Barley anther culture for doubled haploid mutant production. Mut. Breed. Newsletter 42: 13 — 15.
- Podleśny J. 1997. Wpływ przedśiewnego traktowania nasion światłem laserowym na kształtowanie cech morfologicznych i plonowanie łubinu białego. Łubin we współczesnym rolnictwie, Materiały Konferencyjne, Olsztyn-Kortowo: 87 — 92.
- Podleśny J. 1997. Wpływ przedśiewnego traktowania nasion światłem laserowym na kształtowanie się cech morfologicznych i plonowanie bobiku. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 446: 435 — 439.
- Rybiński W., Patyna H., Przewoźny T. 1993. Mutagenic effect of laser and chemical mutagen in barley (*Hordeum vulgare* L.) Genet. Pol. 34: 337 — 343.
- Rybiński W. 1998. Wykorzystanie światła lasera w badaniach nad roślinami wyższymi. Zastosowanie kultur *in vitro* w fizjologii roślin. (red. F. Dubert, M. Rapacz), Kraków: 169 — 179.
- Rybiński W., Jeżowski S., Krajewski P. 2000. Analiza cech ilościowych warunkujących odporność na wyleganie i parametrów struktury plonu u mutantów jęczmienia jarego. Biul. IHAR 216: 229 — 235.
- Rybiński W. 2001. Influence of laser beams combined with chemomutagen (MNU) on the variability of traits and mutation frequency in spring barley. Int. Agrophysics 15: 115 — 119.
- Rybiński W., Pokora L. 2002. Wpływ światła lasera helowo-neonowego i chemomutagenu (MNU) na zmienność cech lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) w pokoleniu M₁. Acta Agrophysica 62: 127 — 134.
- Surma M. 1997. Wykorzystanie zjawiska eliminacji chromosomów w hodowli jęczmienia. Seminaria Wydziału Rolniczego, AR Poznań 3: 156 — 174.
- Swanson E. B., Herrgesell M. J., Arnoldo M., Sippell D. W., Wong R. S. C. 1989. Microspore mutagenesis and selection. Theor. Appl. Genet. 78: 525 — 530.
- Szarejko I., Małuszyński M., Polok K., Kiljan A. 1991. Doubled haploids in the mutation breeding of selected crops. Plant Mutation Breeding for Crop Improvement. Proceedings of a Symposium, Vienna 1990, IAEA: 355 — 378.
- Umba Di-Umba, Małuszyński M., Szarejko I., Zbieszczek J. 1991. High frequency of barley DH — mutants from M₁ after mutagenic treatment with MNH and sodium azide. Mut. Breed. Newsletter 38: 8 — 9.
- Zapata F. J., Aldemita R. R. 1989. „Induced of salt tolerance in high-yielding rice varieties through mutagenesis and anther culture”, Current Options for Cereal Improvement. Małuszyński, M. (ed.). Kluwer Academic Publishers, Dordrecht: 193 — 202.

ELŻBIETA ADAMSKA
WOJCIECH RYBIŃSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Ocena reakcji odmian jęczmienia jarego na działanie chemomutagenu i światła lasera na podstawie wybranych cech ilościowych

The reaction of spring barley varieties to chemomutagen and laser light for some quantitative

Celem przeprowadzonych badań było określenie synergistycznego działania azydru sodu z światłem lasera na zmienność cech ilościowych w pokoleniu M_1 ze szczególnym uwzględnieniem roli genotypu wyjściowego na uzyskane efekty. Materiał do badań stanowiły trzy odmiany jęczmienia jarego których ziarniaki poddawano działaniu azydru sodu (AS), światła lasera oraz kombinacji łączonych (AS + laser i laser + AS). W pokoleniu M_1 analizowano zmienność cech ilościowych roślin dotyczących cech struktury plonu. O ile najkrótszy z czasów ekspozycji laserowej (30 minut) dla odmian i wybranych cech indukował w porównaniu z kontrolą efekt biostymulacji, to dłuższe naświetlanie wywoływało obniżenie wartości badanych cech. Azydek sodu z kolei indukował wyłącznie uszkodzenia somatyczne. Kombinacje łączone (AS + laser i laser + AS) wywoływały przede wszystkim redukcję wartości badanych cech, z tym, że jej wartość była niższa aniżeli przy wyłącznym stosowaniu AS i wyższa niż przy wyłącznym naświetlaniu laserem. Zmienność wartości badanych cech struktury plonu zależna była od rodzaju materiału wyjściowego. Najwyższe, istotne wartości kontrastu między cechami roślin M_1 a kontrolą uzyskano dla odmiany Boss, niższe natomiast dla odmian Rudzik i Rambo.

Słowa kluczowe: jęczmień, laser, mutagen, pokolenie M_1 , struktura plonu, szkodliwość somatyczna

The aim of the performed investigation on barley was estimation of influence of a combined treatment with sodium azide and laser light on variability of quantitative traits in M_1 progeny as well as the influence of initial material on the obtained results. The object of the investigation constituted grain of three barley varieties treated with chemomutagen — sodium azide (SA), laser light and their combinations (SA + laser and laser + SA). Variability of yield structure parameters was analysed in the M_1 progeny. The laser light emission for 30 min. induced a biostimulation effect. For longer irradiation of grains (90 and 120 min.) a reduction effect was observed. A separate treatment with SA induced only a decrease of the analysed traits. The combined treatment (SA + laser and laser + SA) induced reduction, which was lower as compared to the sole treatment with SA but higher than the exclusive irradiation with laser light. The variation among the M_1 plants depended on initial material used for the mutagenic treatment. The highest significance contrast values between the traits of control and M_1 generation were obtained for the variety Boss, the smaller ones were recorded for the varieties Rambo and Rudzik.

Key words: barley, laser, mutagen, M_1 progeny, somatic injuries, yield structure

WSTĘP

Obok rekombinacji mutacje są podstawowym czynnikiem uzyskiwania zmienności genetycznej cech u wszystkich organizmów żywych. Z uwagi na fakt, że mutacje spontaniczne u roślin pojawiają się z niską częstotliwością, bez możliwości przewidywania ich wystąpienia, ich znaczenie praktyczne ma charakter marginalny. Wykorzystanie mutacji indukowanych pozwoliło na istotne podwyższenie częstotliwości ich uzyskiwania i efektywności wykorzystania w badaniach podstawowych oraz praktyce hodowlanej (Gottschalk i Wolff, 1983).

Szybki rozwój mutagenezy w latach sześćdziesiątych i siedemdziesiątych pozwolił opracować metodykę traktowań mutagennych (Małuszyński i in., 1978) a wprowadzenie szeregu modyfikacji w procesie indukowania mutacji (Małuszyńska, 1981) jak również wprowadzenie do badań nowych mutagenów pozwoliło istotnie zwiększyć uzyskiwaną zmienność genetyczną cech (Kubjak i Huczkowski, 1981; Gottschalk i Wolff, 1983). Do chemomutagenów wprowadzonych do badań na początku lat siedemdziesiątych należy azydek sodu (Nilan i in., 1973). W porównaniu z stosowanymi dotąd chemomutagenami (MNU, NEU, EI, EMS itp.) azydek sodu okazał się nie tylko mutagenem wywołującym wysoką częstotliwość mutacji (Rybiński in., 1993), ale w porównaniu z innymi chemomutagenami jego wysoka efektywność dotyczyła indukowania mutacji punktowych a w mniejszym stopniu natomiast mutacji chromosomowych. Mimo że w porównaniu z powszechnie stosowanym MNU azydek sodu indukuje u roślin pokolenia M_1 mniejszą szkodliwość somatyczną, nie mniej jej obecność istotnie wpływa na redukcję liczby otrzymywanych ziaren z roślin M_1 uniemożliwiając często (zwłaszcza przy wyższych dawkach mutagenu) uzyskanie odpowiednio dużej populacji roślin w pokoleniu M_2 .

W latach osiemdziesiątych na szerszą skalę zaczęto wykorzystywać światło lasera do mikrochirurgii komórki i subkomórkowych struktur (Weber i in., 1988), modyfikacji komórki roślinnej, tkanek i indukowania fuzji protoplastów (Wiegand Steubing i in., 1987) oraz fragmentacji chromosomów (Monajembashi i in., 1986). Okazało się również, że światło lasera helowo-neonowego w krótkich czasach naświetlania nasion wywołuje silny efekt biostymulacyjny (Vasilevski, 1991) natomiast wydłużanie czasów naświetlania prowadzi do uszkodzenia materiału genetycznego komórki i powstawania mutacji (Dudin, 1989; Rybiński i in., 1993). Obecnie w praktyce z powodzeniem wykorzystuje się biostymulacyjne właściwości lasera w podwyższaniu plonowania łubinu (Podleśny, 1997), bobiku (Podleśny, 1997), kukurydzy (Gieroba i in., 1995), pszenicy (Drozd i in., 1999), pomidora (Koper, 1997) i ogórka (Gładyszewska i Koper, 1997).

Specyficzne właściwości światła lasera oraz wysoka efektywność chemomutagenu — azydku sodu skłoniły nas do określenia ich współdziałania w pokoleniu M_1 .

Celem badań było określenie reakcji odmian jęczmienia jarego na synergistyczne działanie azydku sodu i światła lasera wyrażone poziomem szkodliwości somatycznej u roślin pokolenia M_1 .

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły ziarniaki jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) odmiany Boss, Rambo i Rudzik, które poddawano działaniu chemomutagenu — azydku sodu (AS) oraz światła lasera. Przed rozpoczęciem traktowań mutagenem ziarniaki moczo w wodzie destylowanej przez okres 10 godzin w temperaturze 24°C. Po zakończeniu moczenia ziarniaki zanurzano w wodnym roztworze azydku sodu, który stanowił bufor fosforowy o pH 3,0. Traktowanie prowadzono przez 3 godziny przy stężeniu AS wynoszącym 4,0 mM.

Źródłem naświetlania ziarniaków był laser helowo-neonowy (H-Ne) emitujący światło czerwone o długości fali 632 nm i mocy mierzonej na powierzchni obiektu wynoszącej 1 mW/cm². Stosowano trzy czasy naświetlania: 30, 90 i 120 minut.

Oprócz wyłącznego traktowania ziarniaków przez AS oraz światło lasera stosowano także traktowania łączone. W kombinacji typu laser + AS najpierw naświetlano ziarniaki a potem traktowano mutagenem, w kombinacji AS + laser postępowano odwrotnie. Ziarniaki nie poddawane działaniu mutagenu i lasera stanowiły kombinację kontrolną.

Po zakończeniu traktowania ziarniaki wysiewano na poletka w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach i rozstawie 20 x 5 cm. Po zbiorze roślin określano ich strukturę plonu w odniesieniu do liczby płodnych kłosów z rośliny oraz liczby i masy ziaren w kłosie. Analizę materiału pokolenia M₁ prowadzono wykorzystując wielozmienne metody statystyczne (Caliński i in., 1976; Ceranka i in., 1977) w odniesieniu do poszczególnych odmian oraz kombinacji i porównań średnich wartości badanych cech roślin M₁ z ich formami wyjściowymi.

WYNIKI I DYSKUSJA

Jednym z efektów towarzyszących indukowaniu mutacji jest występowanie uszkodzeń somatycznych u roślin pokolenia M₁ (Rybiński, 2001). Ich wielkość zależy od rodzaju użytego mutagenu, jego dawki i rodzaju materiału wyjściowego (Małuszyński i in., 1978; Stawiński i in., 2000). Wskazują na to również wartości średnich dla badanych odmian i cech przedstawione w tabeli 1.

Ocenę i wyniki testowania porównań dla badanych cech i odmian między kombinacjami a kontrolą oraz między kombinacjami przedstawiono w tabelach 2, 3 i 4. Wartości statystyki F dla odmian łącznie wskazują, że większość dawek AS i światła lasera oraz ich wzajemnych kombinacji istotnie wpływała na zróżnicowanie badanych cech. Najwyższe wartości statystyki F uzyskano dla azydku sodu zwłaszcza w odniesieniu do liczby i masy ziaren z kłosa, przy czym więcej istotnych wartości kontrastu obserwowano dla odmiany Boss aniżeli Rudzik i Rambo. Stosując zróżnicowane dawki MNU u jęczmienia (Rybiński, 2001) obserwowano również obniżenie płodności roślin M₁ a jej redukcja była zależna od dawki mutagenu i rodzaju materiału wyjściowego. W odniesieniu do światła lasera 30 minut dla wszystkich cech i odmian uzyskano ujemne wartości kontrastu. Wskazuje to na wystąpienie efektu biostymulacji.

Tabela 1

Średnie wartości badanych cech po działaniu różnych kombinacji azydki sodu i lasera dla roślin pokolenia M₁ i ich form wyjściowych
Mean values for the analyzed traits of M₁ plants and their initial forms after treatment with sodium azide and laser

Kombinacje Treatments	Cecha — Trait								
	liczba płodnych kłosów z rośliny fertile spikes number per plant			liczba ziaren z kłosa grain number per spike			masa ziaren z kłosa (g) grain weight per spike (g)		
	Boss	Rambo	Rudzik	Boss	Rambo	Rudzik	Boss	Rambo	Rudzik
Kontrola (H ₂ O) Control	8,1	9,7	11,1	22,7	20,8	23,6	1,17	1,13	1,23
Laser 30 min. (L1)	9,2	9,9	13,5	24,5	24,1	24,8	1,30	1,30	1,30
Laser 90 min. (L2)	7,7	7,7	12,3	20,7	19,3	20,6	1,03	0,90	1,07
Laser 120 min. (L3)	7,2	6,9	12,2	19,2	17,7	18,7	0,93	0,87	0,93
Azydek sodu 4mM (AS)	4,9	8,4	8,6	10,4	16,7	18,4	0,60	0,77	0,80
L1 + AS	7,2	9,3	13,0	18,2	18,4	20,6	0,97	0,97	0,97
L2 + AS	6,7	6,3	9,9	14,3	17,5	21,1	0,73	0,87	1,00
L3 + AS	5,4	6,8	8,0	13,5	17,3	19,9	0,53	0,77	1,00
AS + L1	5,7	7,4	9,4	17,5	19,7	20,5	0,80	1,00	1,03
AS + L2	5,6	7,0	8,9	15,2	19,4	19,8	0,73	0,90	0,93
AS + L3	4,8	6,4	8,7	13,0	17,5	18,5	0,53	0,77	0,90

Tabela 2

Ocena i wyniki testowania porównań między dawkami azydki sodu i lasera dla liczby płodnych kłosów na roślinie

The estimation and results of comparison between treatments with of sodium azide and laser for the number of fertile spikes per plant

Kontrast Contrast		Ocena kontrastu dla Estimation of contrast for			Wartość stat. F łącznie dla odmian F value jointly for all varieties
		odmiana — variety			
		Boss	Rambo	Rudzik	
Kontrola Control	Laser 30 min. (L1)	-1,1	-0,3	-2,4**	7,65
	Laser 90 min. (L2)	0,4	1,9*	-1,2	0,69
	Laser 120 min. (L3)	0,9	2,8**	-1,1	3,64
	Azydek sodu 4mM (AS)	3,2**	1,3	2,5**	26,66
	(L1 + AS)	0,9	0,4	-1,8	0,13
	(L2 + AS)	1,4	3,4**	1,2*	19,62
	(L3 + AS)	2,7**	2,9**	3,1**	41,11
	(AS + L1)	2,4**	2,2**	1,7*	21,62
	(AS + L2)	2,4**	2,7**	2,2**	28,99
	(AS + L3)	3,3**	3,2**	2,4**	43,34
L1 - (L1 + AS)		2,0*	0,7	0,6	5,75
L1 - (AS + L1)		3,5**	2,5**	4,1**	54,98
(L1 + AS) - (AS + L1)		1,4	1,8*	3,6**	25,17
L2 - (L2 + AS)		1,0	1,5	2,4**	12,94
L2 - (AS + L2)		2,0*	0,7	3,4**	20,72
(L2 + AS) - (AS + L2)		1,0	-0,7*	1,0	0,91
L3 - (L3 + AS)		1,8*	0,1	4,2**	20,28
L3 - (AS + L3)		2,4**	0,4	3,5**	21,85
(L3 + AS) - (AS + L3)		0,6	0,3	-0,7	0,03
Wartości krytyczne F _{0,05} — Critical values F _{0,05}					3,99
Wartości krytyczne F _{0,01} — Critical values F _{0,01}					7,05

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ * — Significance at $\alpha = 0.05$ ** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** — Significance at $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Ocena i wyniki testowania porównań między dawkami azydku sodu i lasera dla liczby ziaren z kłosa
The estimation and results of comparison between treatments with of sodium azide and laser for grain number per spike

Kontrast Contrast		Ocena kontrastu dla Estimation of contrast for			Wartość statystyczna F łącznie dla odmian F value, jointly for all varieties
		odmiana — variety			
		Boss	Rambo	Rudzik	
Kontrola Control	Laser 30 min. (L1)	-1,8	-3,2**	-1,2	13,26
	Laser 90 min. (L2)	2,0*	1,6	3,0	14,41
	Laser 120 min.(L3)	3,5**	3,1**	4,9**	43,94
	Azydek sodu 4mM (AS)	12,3**	4,2**	5,2**	156,86
	(L1 + AS)	4,5**	2,4*	3,0**	32,97
	(L2 + AS)	8,4**	3,3**	2,5*	68,01
	(L3 + AS)	9,2**	3,6**	3,7**	90,60
	(AS + L1)	5,2**	1,1	3,1**	29,95
	(AS + L2)	7,5**	1,4	3,8**	53,89
	(AS + L3)	9,7**	3,3**	5,1**	109,07
L1 - (L1 + AS)		6,3**	5,7**	4,2**	88,05
L1 - (AS + L1)		7,1**	4,3**	4,4**	83,06
(L1 + AS) - (AS + L1)		0,7	-1,3	0,1	0,07
L2 - (L2 + AS)		6,4**	1,8	-0,4	19,81
L2 - (AS + L2)		5,5**	-0,2	0,8	12,57
(L2 + AS) - (AS + L2)		-0,9	-1,9	1,3	0,82
L3 - (L3 + AS)		5,7**	0,5	-1,2	8,35
L3 - (AS + L3)		6,2**	0,2	0,2	14,56
(L3 + AS) - (AS + L3)		0,5	-0,2	1,4	0,86
Wartości krytyczne F _{0,05} — Critical values F _{0,05}					3,99
Wartości krytyczne F _{0,01} — Critical values F _{0,01}					7,05
* — Istotność na poziomie α = 0,05		* — Significance at α = 0,05			
** — Istotność na poziomie α = 0,01		** — Significance at α = 0,01			

Dla dłuższych czasów naświetlania (90 i 120 minut), z wyjątkiem liczby płodnych kłosów na roślinie u odmiany Rudzik, obserwowano dodatnie wartości kontrastu wskazujące na redukcję wartości badanych cech. Okazuje się, że wydłużanie czasu naświetlania powoduje zanik efektu stymulacji i wystąpienie uszkodzeń somatycznych. Badania nad łubinem potwierdziły również wystąpienie tej zależności (Rybiński i Stawiński, 2001).

W kombinacjach łączonych (AS + laser i laser + AS) najniższe wartości statystyki F oraz kontrastu uzyskano dla kombinacji AS z 30 minutowym naświetlaniem. Może to mieć związek z wywoływaniem przez tę dawkę światła lasera efektu biostymulacji. Stosując naświetlanie ziarniaków przez 30 minut przed lub po traktowaniu AS światło lasera może wpływać „ochronnie” na poziom uszkodzeń somatycznych indukowanych przez mutagen. Możliwość wystąpienia tego efektu potwierdzają kombinacje AS z 90 i 120 minutowym naświetlaniem dla których obserwowano wzrost istotnych wartości kontrastu wskazujących na wystąpienie i pogłębienie się redukcji wartości badanych cech. Na korzyści wynikające z stosowania kombinacji łączonych (poziom uszkodzeń somatycznych i częstotliwość mutacji) wskazują autorzy stosując światło lasera z promieniami jonizującymi (Avremenko i Volodin, 1989), chemomutagenami (Dudin, 1989; Plesnik, 1993) i fitohormonami (Ehrenbergerova i in., 1990). Najwyższe, dodatnie i istotne wartości kontrastu w kombinacjach łączonych obserwowano dla odmiany Boss, niższe dla

odmian Rudzik i Rambo. Wskazuje to zróżnicowaną reakcję odmian na zastosowane kombinacje i większą wrażliwość odmiany Boss aniżeli pozostałych na działanie AS i światła lasera.

Tabela 4

Ocena i wyniki testowania porównań między dawkami azydku sodu i lasera dla masy ziarna z kłosa
The estimation and results of comparison between treatments with sodium azide and laser for grain weight per spike

Kontrast Contrast		Ocena kontrastu dla Estimation of contrast for			Wartość statystyczna F łącznie dla odmian F value jointly for all varieties
		odmiana — variety			
		Boss	Rambo	Rudzik	
Kontrola Control	Laser 30 min. (L1)	-0,13	-0,16*	-0,06	8,54
	Laser 90 min. (L2)	0,13	0,23**	0,16*	18,06
	Laser 120 min.(L3)	0,23**	0,26**	0,30**	40,63
	Azydek sodu 4mM (AS)	0,56**	0,36**	0,43**	118,58
	(L1 + AS)	0,20**	0,16*	0,26**	25,47
	(L2 + AS)	0,43**	0,26**	0,23**	55,30
	(L3 + AS)	0,63**	0,36**	0,23**	96,57
	(AS + L1)	0,36**	0,13	0,20**	31,11
	(AS + L2)	0,43**	0,23**	0,30**	59,33
	(AS + L3)	0,63**	0,36**	0,33**	112,87
L1 - (L1 + AS)		0,33**	0,33**	0,33**	63,49
L1 - (AS + L1)		0,50**	0,30**	0,26**	72,23
(L1 + AS) - (AS + L1)		0,16*	-0,03	-0,06	0,28
L2 - (L2 + AS)		0,30**	0,03	0,06	10,16
L2 - (AS + L2)		0,30**	0,00	0,13	11,92
(L2 + AS) - (AS + L2)		0,00	-0,03	0,07	0,07
L3 - (L3 + AS)		0,40**	0,10	-0,06	11,92
L3 - (AS + L3)		0,40**	0,10	0,03	18,06
(L3 + AS) - (AS + L3)		0,00	0,00	0,10	0,63
Wartości krytyczne F _{0,05} — Critical values F _{0,05}					3,99
Wartości krytyczne F _{0,01} — Critical values F _{0,01}					7,05

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* — Significance at $\alpha = 0.05$

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Significance at $\alpha = 0.01$

Uzyskane wyniki wskazują, że zastosowane kombinacje łączone dla odmiany Boss wywołały większe zróżnicowanie cech roślin pokolenia M_1 aniżeli dla pozostałych odmian. Potwierdza to silniejszą wrażliwość tej odmiany na zastosowane kombinacje, co obserwowano również w traktowaniach łączonych MNU z światłem lasera (Rybiński, 2001). Wskazuje to na rolę materiału wyjściowego w badaniach nad indukowaniem mutacji u jęczmienia jarego.

WNIOSKI

1. Światło lasera helowo-neonowego wykazujące biostymulujące właściwości przy krótkich czasach naświetlania (30 minut) wywierało „ochronny” wpływ w traktowaniach łączonych z AS na poziom uszkodzeń somatycznych u roślin M_1 wywołanych działaniem mutagenu.

2. Zastosowanie biostymulacyjnej dawki światła lasera przed, a zwłaszcza po działaniu mutagenu, poprawiało płodność roślin w porównaniu z wyłącznym stosowaniem AS umożliwiając otrzymanie większej liczby ziarniaków koniecznych do uzyskania odpowiednio liczne pokolenia M_2 .
3. Poziom uszkodzeń somatycznych przy zastosowanych kombinacjach AS i światła lasera zależny był od rodzaju materiału wyjściowego użytego do traktowań mutagenicznych. Reakcja odmian we wrażliwości na zastosowane kombinacje wskazuje na mniejszą wrażliwość odmian Rudzik i Rambo, a wyższą odmiany Boss.

LITERATURA

- Avremenko B. J., Volodin V. G. 1989. Method of obtaining breeding material of cereals by means of combined irradiation of the seeds with laser light and ionizing radiation. *Thезisy Dokладov* 2: 3 — 6.
- Caliński T., Dyczkowska A., Kaczmarek Z. 1976. Algorytmy Biometrii i Statystyki 5: 77 — 113.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1977. Wielozmienna analiza wariancji dla doświadczeń wieloczynnikowych. *Algorytmy Biometrii i Statystyki* 6: 51 — 60.
- Drozd D., Szajsner H., Laszkiewicz E. 1999. Wykorzystanie biostymulacji laserowej w uprawie pszenicy jarej. *Biul. IHAR* 211: 85 — 90.
- Dudin P. 1989. Mutagenic action of N-diethyl-N-nitrosourea and laser irradiation on spring barley. *Selskhozajstvennaja Radiobiologija* 12: 61 — 68.
- Ehrenbergerova J., Andonov I., Popelkova M. 1990. Effect of laser irradiation on the degree and variability of characters under selection in spring fodder barley. *Acta Universitatis Agriculturae* 38: 11 — 18.
- Gieroba J., Koper R., Matyka S. 1995. The influence of pre-sowing laser biostimulation of maize seeds on the crop and nutritive value of the corn. 45th Australian Cereal Chemistry Conference, Adelaide: 30 — 33.
- Gładyszewska B., Koper R. 1997. Technologia i efekty przedsiewnej biostymulacji nasion ogórków szklarniowych. Materiały Ogólnopolskiej Konferencji Naukowej „Teoretyczne i aplikacyjne problemy inżynierii rolniczej”. Wrocław — Otmuchów: 41.
- Gottschalk W., Wolff G. 1983. Induced mutations in plant breeding. Springer Verlag, Berlin, New York, Tokyo: 1 — 231.
- Koper R. 1997. Stymulacja laserowa nasion pomidorów. *Owoce, Warzywa, Kwiaty*, 21: 16.
- Kubjak A., Huczowski J. 1981. Wpływ oddziaływania prędkich neutronów i NMH na groch łuskowy odmiany Cud Kalvedonu. *Mutageneza Roślin Wyższych. Prace Naukowe Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach* 447: 185 — 191.
- Małuszyński M., Małuszyńska J., Malepszy S. 1978. Wybrane zagadnienia mutagenezy roślin wyższych. *Mutageneza Roślin Wyższych. Prace Naukowe Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach*, 222: 1 — 15.
- Małuszyńska J. 1981. Mutageny efekt dwukrotnego traktowania różnymi środkami mutagenicznymi z zastosowaniem kiełkowania międzyinkubacyjnego. *Mutageneza Roślin Wyższych. Prace Naukowe Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach*, 447: 161 — 167.
- Monajembashi S., Crener C., Crener T., Wolfrum T., Greulich K.O. 1986. Microdissection of human chromosome by laser microbeam. *Exp. Cell Res.* 167: 262 — 265.
- Nilan R.A., Sideris E., Kleinhofs A., Sander C. 1973. Azide — a potent mutagen. *Mutation Research* 17: 142 — 144.
- Plesnik S. 1993. The evaluation of some quantitative traits in M_1 generation in soybean after laser emission and ethyleneimine. *Genetica at Biologia Molecularis* 24: 105 — 113.
- Podleśny J. 1997. Wpływ przedsiewnego traktowania nasion światłem laserowym na kształtowanie się cech morfologicznych i plonowania łubinu białego. *Łubin we Współczesnym Rolnictwie. Materiały Konferencyjne, Olsztyn — Kortowo*: 87 — 92.
- Podleśny J. 1997. Wpływ przedsiewnego traktowania nasion światłem laserowym na kształtowanie cech morfologicznych i plonowania bobiku. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 446: 435 — 439.

- Rybiński W., Patyna H., Przewoźny T. 1993. Mutagenic effect of laser and chemical mutagen in barley (*Hordeum vulgare* L.). Genet. Pol. 34: 337 — 343.
- Rybiński W. 2001. Influence of laser beams combined with chemomutagen (MNU) on the variability of traits and mutation frequency in spring barley. Int. Agrophysics 15: 115 — 119.
- Rybiński W., Stawiński S. 2001. Wykorzystanie biostymulującego działania światła lasera helowo-neonowego w badaniach nad łubinem andyjskim. Acta Agrophysics 46: 159 — 166.
- Stawiński S., Rybiński W., Bocianowski J. 2000. Analiza cech ilościowych w pokoleniu M₁ u łubinu andyjskiego i wąskolistnego. Biul. IHAR 216/2: 445 — 451.
- Weber G., Monajembashi S., Greulich K. O., Wolfrum J. 1988. Genetic manipulation of plant cells and organelles with a microfocused laser beams. Plant Cell, Tissue and Organ Culture 12: 219 — 222.
- Wiegand Steubing R. W., Weber G., Zimmermann K., Monajembashi S., Wolfrum J., Greulich K. O. 1987. Laser induced fusion of mammalian cells and plant protoplast. J. Cell. Sci. 88: 145 — 150.
- Vasilevski G. 1991. By laser to healthier and cheaper food. Report of Agriculture Faculty Skopje 2: 1 — 12.

PODZIĘKOWANIE

Prof. Ludwikowi Pokorze oraz Centrum Techniki Laserowej w Warszawie za umożliwienie korzystania z aparatury laserowej.

MARIA SURMA¹TADEUSZ ADAMSKI¹ZYGMUNT KACZMAREK¹STANISŁAW CZAJKA²¹ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Akademia Rolnicza, Poznań

Zmienność cech ilościowych w populacjach linii DH i SSD jęczmienia*

Variability of quantitative traits in barley DH and SSD populations

W pracy przedstawiono porównanie populacji linii podwojonych haploidów otrzymanych z mieszańców F_1 (F_1DH) i F_2 (F_2DH) oraz linii uzyskanych techniką pojedynczego ziarna (SSD). W części teoretycznej wykazano, że częstość rekombinantów w liniach F_1DH , F_2DH i SSD jest taka sama jedynie w przypadku braku sprzężeń między genami warunkującymi daną cechę ilościową. Przy występowaniu sprzężeń częstość ta jest najmniejsza w populacji F_1DH , największa zaś w SSD. Ma to wpływ na kształtowanie się oczekiwanych wartości średnich i wariancji tych populacji; są one różne w zależności od wielkości współczynnika rekombinacji oraz typu sprzężenia. Jako przykład podano wyniki obserwacji linii F_1DH , F_2DH i SSD ($F_{6/8}$) jęczmienia pod względem wybranych cech ilościowych (długość źdźbła i kłosa, średnica źdźbła, masa ziarna z kłosa, masa 1000 ziaren). Stwierdzono, że z wyjątkiem długości kłosa badane populacje nie różniły się istotnie pod względem średnich wartości analizowanych cech. Zmienność linii SSD okazała się istotnie większa od zmienności linii F_1DH w odniesieniu do masy ziarna z kłosa oraz średnicy źdźbła, co sugeruje, że geny warunkujące te cechy są sprzężone.

Słowa kluczowe: cechy ilościowe, jęczmień, linie SSD, podwojone haploidy, sprzężenia

The paper presents a comparison of doubled haploid populations derived from F_1 (F_1DH) and F_2 (F_2DH) hybrids with a population obtained by a single seed descent (SSD) method. It has been shown based on theoretical assumptions that the frequency of recombinants in F_1DH , F_2DH and SSD populations is the same only when no linkage exists between genes determining a certain quantitative trait. In the case of the presence of linkage, this frequency is lowest in F_1DH , and highest in SSD populations. The presence of linkage has an effect on expected means and variances for these populations namely the populations differ depending on both the value of recombination coefficient and on a linkage phase. As an example, the results of analysis of selected metrical traits (stem and spike length, stem diameter, grain weight per spike, 1000 grains weight) observed in F_1DH , F_2DH and SSD barley lines have been presented. It was found that the populations did not differ significantly in the mean values for observed traits except spike length. The variance of SSD lines appeared to be

* Praca wykonana w ramach projektu KBN nr 5 PO6A 017-17

significantly higher than that for F₁DH lines for grain weight per spike and stem diameter, which suggests that the genes controlling these traits are linked.

Key words: barley, doubled haploids, linkage, quantitative traits, SSD lines

WSTĘP

W hodowli roślin samopylnych istotnym zagadnieniem jest uzyskanie w krótkim czasie homozygotycznych linii z mieszańców wczesnych pokoleń. U jęczmienia, zarówno w badaniach genetycznych, jak i w pracach hodowlanych stosowane są najczęściej dwie metody, a mianowicie haploidyżacja mieszańców i uzyskiwanie tą drogą linii podwojonych haploidów (DH) oraz metoda pojedynczego ziarna (SSD) (Jinks i Pooni, 1976; Snape, 1976; Choo i in., 1982; Bjørnstad i in., 1993). Technika SSD polega na tym, że w pokoleniu F₂ z każdej rośliny wybiera się losowo jedno ziarno, z którego otrzymuje się roślinę F₃. Podobnie postępuje się w następnych pokoleniach, aż do F₅ lub F₆, kiedy zbiera się wszystkie nasiona z rośliny. Potomstwo pojedynczej rośliny stanowi linię SSD (Goulden, 1939). Wprawdzie obie metody, to jest system DH i SSD pozwalają uzyskać homozygotyczne linie w stosunkowo krótkim czasie, to metodą DH otrzymuje się formy homozygotyczne we wszystkich *loci*, natomiast linie wyprowadzone metodą SSD mogą zawierać tzw. resztkową heterozygotyczność (na przykład w odniesieniu do jednego *locus* pokoleniu F₆ procent osobników homozygotycznych wynosi 96,9). Korzyścią wynikającą z zastosowania techniki SSD jest większe prawdopodobieństwo otrzymania korzystnych rekombinantów związane z faktem „wykorzystania” w procesie ich otrzymywania 5–6 rund crossing-over, podczas gdy w przypadku linii F₁DH i F₂DH — jedynie 1–2 rund.

W niniejszej pracy przedstawiono, jak zmieniają się wartości oczekiwane średnich i wariancji linii F₁DH, F₂DH i SSD w zależności od typu sprzężenia oraz wielkości współczynnika rekombinacji. Zaprezentowano także wyniki doświadczenia z liniami F₁DH, F₂DH i SSD jęczmienia, mającego na celu porównanie średnich oraz wariancji wybranych cech źdźbła i kłosa.

Częstość rekombinantów

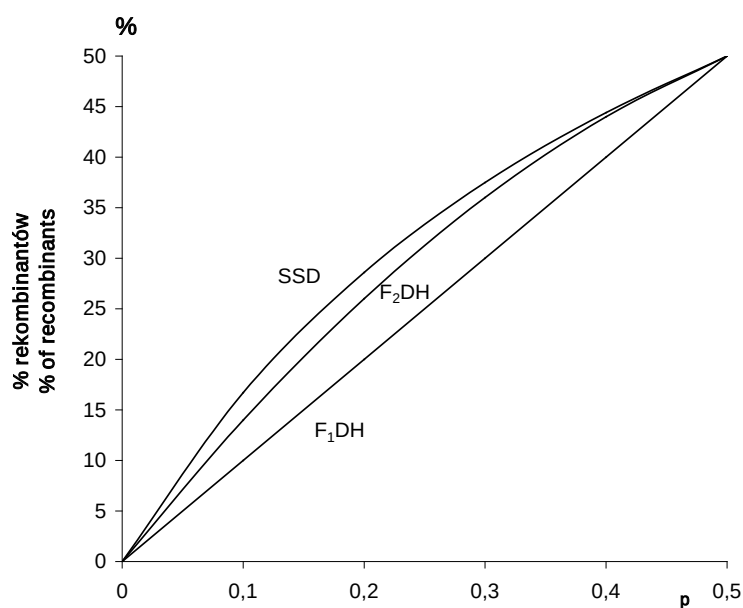
W tabeli 1 podano częstość genotypów występujących w populacjach linii F₁DH, F₂DH i SSD w przypadku jednej pary genów sprzężonych u form rodzicielskich w fazie *cis* lub *trans*.

Tabela 1

Częstości genotypów w populacjach linii F₁DH, F₂DH i SSD
Frequency of genotypes in populations of F₁DH, F₂DH and SSD lines

Genotyp Genotype	F ₁ DH		F ₂ DH		SSD	
	<i>cis</i> coupling	<i>trans</i> repulsion	<i>cis</i> coupling	<i>trans</i> repulsion	<i>cis</i> coupling	<i>trans</i> repulsion
AABB	$\frac{1}{2}(1-p)$	$\frac{1}{2}p$	$\frac{1}{4}[(1-p)(1-2p)+1]$	$\frac{1}{4}p[2+(1-2p)]$	$1/[2(1+2p)]$	$p/(1+2p)$
AAbb	$\frac{1}{2}p$	$\frac{1}{2}(1-p)$	$\frac{1}{4}p[2+(1-2p)]$	$\frac{1}{4}[(1-p)(1-2p)+1]$	$p/(1+2p)$	$1/[2(1+2p)]$
aaBB	$\frac{1}{2}p$	$\frac{1}{2}(1-p)$	$\frac{1}{4}p[2+(1-2p)]$	$\frac{1}{4}[(1-p)(1-2p)+1]$	$p/(1+2p)$	$1/[2(1+2p)]$
aabb	$\frac{1}{2}(1-p)$	$\frac{1}{2}p$	$\frac{1}{4}[(1-p)(1-2p)+1]$	$\frac{1}{4}p[2+(1-2p)]$	$1/[2(1+2p)]$	$p/(1+2p)$

Można zauważyć, że jeśli współczynnik rekombinacji p między dwoma genami A - i B - jest równy 0,5 (brak sprzężeń), częstość poszczególnych genotypów w populacjach F_1DH , F_2DH i SSD jest jednakowa i wynosi $\frac{1}{4}$. W populacji linii F_1DH częstość rekombinantów (tj. genotypów $AAbb$ i $aaBB$ przy sprzężeniu *cis* oraz $AABB$ i $aabb$ przy *trans*) jest najniższa i równa współczynnikowi rekombinacji p . W populacjach F_2DH i SSD częstości te są większe, co wyraźnie widać na rysunku 1, przedstawiającym procent linii o zrekombinowanym układzie genów w zależności od wielkości współczynnika rekombinacji.



Rys. 1. Procent rekombinantów w populacjach linii F_1DH , F_2DH i SSD w zależności od współczynnika rekombinacji (p)

Fig. 1. Percentage of recombinants in F_1DH , F_2DH and SSD populations depending on a coefficient of recombination (p)

Średnie i wariancje populacji

Oczekiwane średnie populacji linii F_1DH , F_2DH i SSD w przypadku występowania sprzężeń między parą genów A - i B - są następujące:

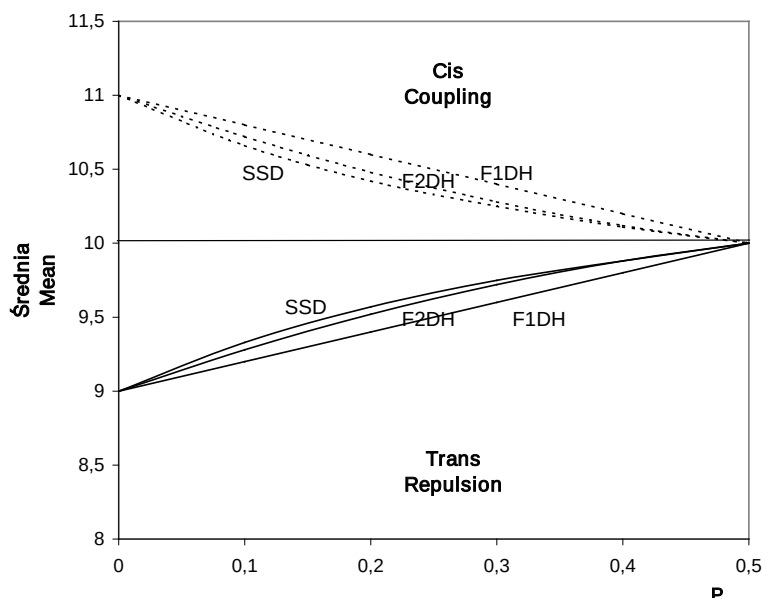
$$\mu_{F_1DH} = m \pm (1 - 2p) i_{ab},$$

$$\mu_{F_2DH} = m \pm (1 - p)(1 - 2p) i_{ab},$$

$$\mu_{SSD} = m \pm (1 - 2p) i_{ab} / (1 + 2p),$$

gdzie m jest średnią niezależną od segregujących genów (w zapisie F_∞ równa jest średniej wszystkich homozygot, w tym wypadku średniej genotypów $AABB$, $aaBB$, $AAbb$ i $aabb$), i_{ab} jest efektem współdziałania *loci* A - i B -. Znak $\pm$ oznacza „+” dla sprzężenia w fazie *cis* oraz „-” dla *trans*. Zależność średnich dla badanych populacji od współczynnika rekombinacji dla obu typów sprzężeń przedstawiono na rysunku 2. Łatwo

zauważyć, że zarówno przy całkowitym sprzężeniu ($p = 0$), jak i przy braku sprzężeń ($p = 0,5$) średnie tych populacji są równe. Generalnie występowanie sprzężenia typu cis zwiększa średnie wszystkich analizowanych populacji, natomiast sprzężenie w układzie trans powoduje ich obniżenie. Ponadto w przypadku sprzężenia cis najwyższą średnią mają linie F_1DH , zaś najniższą linie SSD. W układzie trans sytuacja jest odwrotna: najniższe wartości przybierają średnie linii F_1DH , najwyższe — linii SSD.



Rys. 2. Średnie populacji linii F_1DH , F_2DH i SSD w zależności od współczynnika rekombinacji (p)
Fig. 2. Means for F_1DH , F_2DH and SSD populations depending on a coefficient of recombination (p)

Wariancje populacji są następującej postaci:

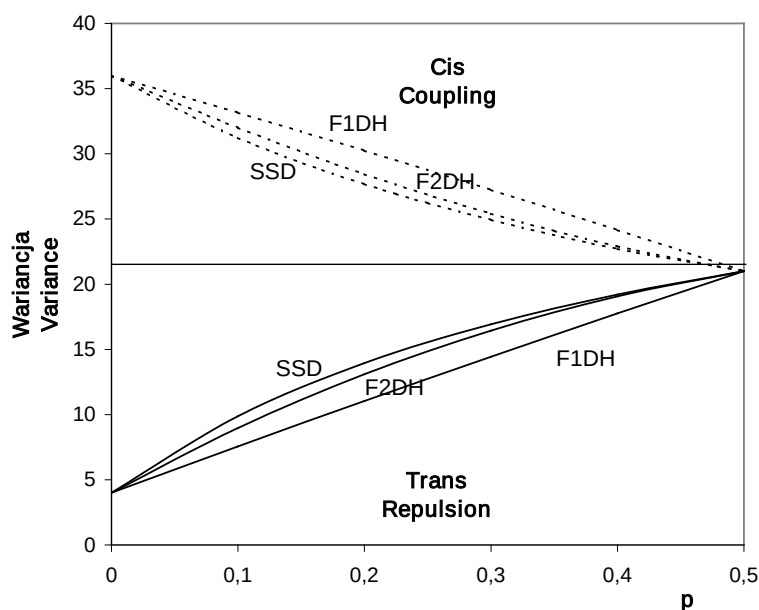
$$\sigma_{F_1DH}^2 = d_a^2 + d_b^2 + i_{ab}^2 - (1 - 2p)^2 i_{ab}^2 \pm 2(1 - 2p) d_a d_b,$$

$$\sigma_{F_2DH}^2 = d_a^2 + d_b^2 + i_{ab}^2 - (1 - p)^2 (1 - 2p)^2 i_{ab}^2 \pm 2(1 - p)(1 - 2p) d_a d_b,$$

$$\sigma_{SSD}^2 = d_a^2 + d_b^2 + i_{ab}^2 + \{[8p - (1 + 2p)^2]/(1 + 2p)^2\} i_{ab}^2 \pm [2(1 - 2p)/(1 + 2p)] d_a d_b.$$

Podobnie jak w przypadku średnich, wariancje badanych populacji są sobie równe, gdy $p = 0$ i $p = 0,5$. Można zauważyć, że przy całkowitym sprzężeniu efekty nieallelicznej interakcji są równe zero, a efekty genów A - i B - są takie, jak efekt pojedynczego genu: $d_a^2 + d_b^2 \pm 2 d_a d_b = (d_a \pm d_b)^2$. Przy braku sprzężeń wariancje populacji linii F_1DH , F_2DH i SSD są równe sumie kwadratów efektów addytywnych genów A - i B - oraz kwadratu efektu ich współdziałania: $d_a^2 + d_b^2 + i_{ab}^2$.

Z rysunku 3 wynika, że przy sprzężeniu typu cis wariancja linii F_1DH jest wyższa od wariancji linii F_2DH i SSD, natomiast w wypadku sprzężenia w układzie trans najwyższą wariancję wykazują linie SSD.



Rys. 3. Wariancje populacji linii F_1DH , F_2DH i SSD w zależności od współczynnika rekombinacji (p)
 Fig. 3. Variances for F_1DH , F_2DH and SSD populations depending on a coefficient of recombination (p)

Przykład

W doświadczeniu polowym badano 30 linii F_1DH , 100 linii F_2DH oraz 100 linii SSD ($F_{6/8}$) uzyskanych z mieszańców Roland $\times$ Apex. Doświadczenie założono w układzie całkowicie losowym w trzech powtórzeniach. Nasiona wysiewano na poletkach o powierzchni 2 m^2 w ilości 330 ziaren na 1 m^2 . Na 25 losowo wybranych roślinach z każdego poletka analizowano wybrane cechy ilościowe źdźbła i kłosa. Dla obserwowanych cech w poszczególnych populacjach obliczono wartości średnie oraz wariancje, a następnie testowano istotność różnic między średnimi i wariancjami badanych populacji.

W tabeli 2 podano średnie wartości analizowanych cech oraz wyniki testowania różnic między średnimi dla poszczególnych populacji. Średnia długość i średnica źdźbła, a także masa ziarna z kłosa i masa 1000 ziaren były podobne we wszystkich trzech badanych populacjach. Istotne różnice między średnimi stwierdzono tylko dla długości kłosa; w populacji linii F_1DH była ona statystycznie większa niż w liniach F_2DH i SSD. Rozpiętość wartości tych cech w poszczególnych populacjach była znaczna i na ogół podobna, na przykład w długości źdźbła wynosiła około 30 cm, w masie 1000 ziaren około 12 g. Porównanie wariancji badanych populacji przedstawiono w tabeli 3. Dla długości kłosa i źdźbła były one statystycznie jednakowe. W przypadku średnicy źdźbła i masy ziarna z kłosa wariancja F_1DH była istotnie większa od wariancji linii SSD. Również dla masy 1000 ziaren wariancja F_1DH była najwyższa, jednakże statystycznie nie różniła się istotnie od wariancji F_2DH i SSD. Istotne różnice między wariancjami sugerują, iż geny warunkujące średnicę źdźbła oraz masę ziarna z kłosa mogą być sprzężone.

Tabela 2

Średnie wartości badanych cech w populacjach linii F₁DH, F₂DH i SSD jęczmienia oraz wyniki testowania istotności różnic między średnimi

Means for traits studied in F₁DH, F₂DH and SSD populations of barley and results of testing significance of differences between means

Cechy Traits	Wartości średnie (min. — maks.) Mean values (min. — max.)			Istotności różnic między średnimi Significance of differences between means		
	F ₁ DH	F ₂ DH	SSD	F ₁ DH v F ₂ DH	F ₁ DH v SSD	F ₂ DH v SSD
Długość kłosa (cm) Spike length (cm)	7,38 (6,22–8,32)	7,20 (6,42–8,85)	7,23 (6,47–8,74)	*	*	ns
Długość źdźbła (cm) Stem length (cm)	71,14 (52,43–82,61)	70,48 (53,95–82,77)	71,60 (56,83–82,86)	ns	ns	ns
Średnica źdźbła (mm) Stem diameter (mm)	2,89 (2,33–3,16)	2,90 (2,23–3,22)	2,93 (2,64–3,33)	ns	ns	ns
Masa ziarna z kłosa (g) Grain weight per spike (g)	0,98 (0,77–1,18)	0,99 (0,83–1,19)	0,97 (0,82–1,10)	ns	ns	ns
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight (g)	47,82 (41,19–53,00)	48,01 (40,80–52,08)	47,00 (40,94–51,86)	ns	ns	ns

*P < 0,05

ns — Nieistotne; Not significant

Tabela 3

Wariancje badanych cech w populacjach linii F₁DH, F₂DH i SSD jęczmienia oraz wyniki testowania hipotezy o równości wariancji

Variances for traits studied in F₁DH, F₂DH and SSD population of barley

Cechy Traits	Wariancja Variance			Testowanie równości wariancji F-test for hypothesis		
	σ^2_{F1DH}	σ^2_{F2DH}	σ^2_{SSD}	$\sigma^2_{F1DH} = \sigma^2_{F2DH}$	$\sigma^2_{F1DH} = \sigma^2_{SSD}$	$\sigma^2_{F2DH} = \sigma^2_{SSD}$
Długość kłosa (cm) Spike length (cm)	0,820	0,581	0,623	1,411	1,316	1,072
Długość źdźbła (cm) Stem length (cm)	117,559	94,636	82,643	1,242	1,422	1,145
Średnica źdźbła (mm) Stem diameter (mm)	0,0981	0,0691	0,0549	1,420	1,787*	1,259
Masa ziarna z kłosa (g) Grain weight per spike (g)	0,0239	0,0170	0,0122	1,406	1,959*	1,393
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight (g)	21,985	16,874	15,098	1,303	1,456	1,088

*P < 0,05

ns — Nieistotne; Not significant

WNIOSKI

1. Wartości oczekiwane średnich populacji linii F₁DH, F₂DH i SSD oraz ich wariancji są jednakowe, gdy geny warunkujące badane cechy ilościowe dziedziczą się niezależnie.
2. W przypadku występowania sprzężeń, zarówno średnie jak i wariancje populacji F₁DH, F₂DH i SSD są różne, przy czym zarówno wielkość tych różnic, jak i ich kierunek zależy od typu sprzężeń; wariancja linii SSD jest większa od wariancji linii

F₁DH i F₂DH przy sprzężeniach typu trans, a mniejsza w przypadku sprzężenia genów w układzie cis.

3. Porównanie średnich i wariancji linii DH i SSD może być wykorzystane w badaniach nad występowaniem sprzężeń genów kontrolujących cechy ilościowe.

LITERATURA

- Bjørnstad A., Skinnes H., Thoresen K. 1993. Comparison between doubled haploid lines produced by anther culture, the *Hordeum bulbosum*-method and lines produced by single seed descent in barley crosses. *Euphytica* 66: 135 — 144.
- Choo T. M., Reinbergs E., Park S. J. 1982. Comparison of frequency distributions of doubled haploid and single seed descent lines in barley. *Theor. Appl. Genet.* 61: 215 — 218.
- Goulden C. H. 1939. Problems in plant selection. In: *Proc. Seventh Genet. Cong.* Cambridge University Press: 132 — 133.
- Jinks J. L., Pooni H. S. 1976. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. *Heredity* 36: 253 — 266.
- Snape J. W. 1976. A theoretical comparison of diploised haploid and single seed descent populations. *Heredity* 36: 275 — 277.

TOMASZ WARZECHA ¹
TADEUSZ ADAMSKI ²
ZYGMUNT KACZMAREK ²
MARIA SURMA ²

¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Kraków

² Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Ocena efektów działania genów kontrolujących podatność oplewionych i nieoplewionych linii DH jęczmienia na fuzariozę kłosa

Gene effects on susceptibility of naked and hulled barley doubled haploids to *Fusarium culmorum* head blight

W pracy przedstawiono wyniki badań dotyczących genetycznego uwarunkowania podatności nagich i oplewionych linii podwojonych haploidów (DH) jęczmienia jarego na *Fusarium culmorum*. Materiał do badań stanowiło 15 linii DH o ziarnie nagim i 15 o ziarnie oplewionym, uzyskanych z mieszańców pokolenia F₁ RK63/1 × 1N86, mieszańce pokolenia F₂ i F₃ oraz formy rodzicielskie. Ocenę podatności badanych form na fuzariozę kłosa przeprowadzono w latach 1997–1999. Doświadczenia założono na polach doświadczalnych Akademii Rolniczej w Krakowie w układzie bloków losowych w trzech powtórzeniach. Kłosa inokulowano *F. culmorum* (izolat IPO348-01) w fazie ich kwitnienia. Kontrolę stanowiły poletka z roślinami nie inokulowanymi. Oceniano masę 1000 ziaren, masę i liczbę ziaren z kłosa oraz celność ziarna. Dla uzyskanych wyników przeprowadzono analizę wariancji oraz oszacowano efekty addytywnego działania genów, dominacji i nieallelicznej interakcji *loci* homozygotycznych i heterozygotycznych. Stwierdzono, iż na wielkość redukcji badanych cech plonotwórczych po inokulacji kłosów przez *F. culmorum* wpływ miały efekty addytywnego działania genów. Ponadto wykazano, że dominowanie i niealleliczna interakcja heterozygotycznych *loci* wpływa na zakres redukcji celności ziarna wywołanej działaniem patogena.

Słowa kluczowe: *Fusarium culmorum*, jęczmień jary, podwojone haploidy, parametry genetyczne

The results concerning genetic determination of susceptibility of naked and hulled barley doubled haploids (DH) to *Fusarium culmorum* are presented. Material for the studies comprised 15 naked and 15 hulled DH lines derived from F₁ hybrids between lines RK63/1 (hulled) and 1N86 (naked). Hybrids of F₂, F₃ and parental genotypes were also included. Evaluation of the genotypes with respect to their susceptibility to *Fusarium* head blight was performed in a 3-year period. The experiments were carried out using a completely randomised block design with three replications. At full anthesis 40 spikes in each replication were inoculated with *F. culmorum* (isolate IPO348-01) by brushing single spikes with 2 ml of conidial suspension (5 × 10⁶ in 1 ml). Plots with no inoculated plants were used as controls. The following traits were observed: 1000-kernel weight, number of kernels per spike, kernel weight per

spike, and plump kernels. The results were analysed statistically. Three-way analysis of variance was performed and additive, dominance and no allelic interaction of homo- and heterozygous loci effects were estimated. It was found that additive gene effects were responsible for reduction in yield — released traits after inoculation with *F. culmorum*. The analyses also showed that dominance and no allelic interaction effects caused a significant reduction in plump kernels.

Key words: doubled haploids, *Fusarium culmorum*, genetic parameters, spring barley

WSTĘP

Fuzariozy zbóż kwalifikowane są w Polsce na trzecim miejscu wśród chorób grzybowych redukujących plony ziarna (Packa, 1994). Patogeniczne gatunki *Fusarium* mogą porażać rośliny w różnych stadiach wzrostu i rozwoju wywołując zgorzel siewek, zgniliznę korzeni, zgorzel podstawy źdźbła oraz fuzariozę kłosów (Wojciechowski i in., 1997; Warzecha i in., 2000). W Polsce jako główny patogen kłosa dominuje *F. culmorum* (Chełkowski i in., 2000). Fuzarioza kłosa prowadzi do istotnego obniżenia plonu i zdolności ziarna do kiełkowania, a także do akumulacji silnie toksycznych, grzybowych metabolitów wtórnych (mykotoksyn) (Abramson i in., 1987; Snijders i Perkowski, 1990; Mirocha, 1994).

Zróznicowana odporność roślin na infekcje wywoływane czynnikami biotycznymi, przejawia się głównie w wielkości redukcji cech struktury plonu oraz w stopniu porażenia ziarna i kłosa. Celem badań było określenie genetycznego zróżnicowania podatności kłosów na *Fusarium culmorum* u nagich i oplewionych linii podwojonych haploidów jęczmienia.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 30 linii DH jęczmienia (15 o ziarnie nagim i 15 o ziarnie oplewionym) uzyskanych z mieszańców pokolenia F_1 RK63/1 $\times$ 1N86, mieszańce pokolenia F_2 i F_3 oraz formy rodzicielskie. RK63/1 jest linią DH o ziarnie oplewionym, natomiast 1N86 formą o ziarnie nagim.

Ocenę podatności badanych form na fuzariozę kłosa przeprowadzono na polach doświadczalnych Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej w Krakowie w latach 1997, 1998 i 1999. Doświadczenia założono w układzie bloków całkowicie losowych w trzech powtórzeniach. Nasiona wysiewano na poletkach o powierzchni 2 m². Kłosa inokulowano w fazie ich kwitnienia izolatem IPO348-01 *Fusarium culmorum*, pochodzącym z Instytutu Ochrony Roślin w Wageningen. W każdym powtórzeniu inokulowano 40 kłosów nanosząc 2 ml zawiesiny zarodników o stężeniu 5×10^6 na 1 ml roztworu. Zainokulowane kłosa zakrywano na okres 48 h wilgotnymi workami plastikowymi, w celu zapewnienia możliwie maksymalnej wilgotności (Goliński i in., 1996). Zbiór ziarna przeprowadzono w fazie dojrzałości pełnej. Kontrolę stanowiły poletka z roślinami nie inokulowanymi. Oceniano masę 1000 ziaren, masę i liczbę ziaren z kłosa oraz celność ziarna. Określono procent redukcji wartości badanych cech u form inokulowanych w stosunku do kontroli według wzoru:

$$100 - (\text{forma inokul.} \times 100 / \text{forma kontrolna}).$$

Dla uzyskanych wyników przeprowadzono analizę wariancji oraz oszacowano efekty addytywnego działania genów [d], dominacji [h] i nieallelicznej interakcji *loci* homozygotycznych [i] i heterozygotycznych [l] (Kaczmarek i in., 1988; Surma i in., 1994; Surma i in., 1997).

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 zamieszczono średnie z trzech lat dla redukcji badanych cech u form rodzicielskich, mieszańców pokolenia F₂ i F₃ oraz linii DH z wyróżnieniem ich maksymalnych i minimalnych wartości. W tabeli 2 przedstawiono dwuczynnikową analizę wariancji; czynnikami były lata oraz genotypy. Jak można zauważyć zarówno linie podwojonych haploidów, jak i ich formy rodzicielskie różniły się istotnie pod względem analizowanych cech struktury plonu. Różnice w stopniu redukcji cech plonotwórczych między liniami o maksymalnej i minimalnej wartości tych cech wahały się w granicach od 4,8 do 88,3% (tab. 1). Wpływ lat badań jak i interakcji genotyp × środowisko były istotne dla wszystkich badanych cech.

Tabela 1

Średnie wartości cech struktury plonu (w % redukcji) u form rodzicielskich, mieszańców F₂ i F₃ i linii DH otrzymanych z mieszańców F₁ RK 63/1 × 1N86 po inokulacji *Fusarium culmorum*
Mean values for yield structure traits (shown as the percentage of reduction) in parental forms, the F₂ and F₃ hybrids, and DH lines derived from F₁ hybrids after inoculation with *Fusarium culmorum*

Generacje Generation	Doświadczenie Experiment	Masa 1000 ziaren 1000-kernel weight	Liczba ziaren z kłosa No. of kernels per ear	Masa ziarna z kłosa Kernel weight per ear	Celność ziarna Plump kernels
RK63/1 (RK)	1997	22,04	47,37	66,80	14,23
	1998	18,01	4,84	18,89	23,12
	1999	45,11	55,99	72,23	40,95
1N86 (N)	1997	25,32	52,01	71,79	40,29
	1998	29,66	15,68	23,47	47,64
	1999	39,61	62,60	77,03	60,35
F ₂ (RK × N)	1997	18,31	53,38	67,38	32,58
	1998	6,53	9,63	9,55	12,46
	1999	42,40	54,43	68,65	52,42
F ₃ (RK × N)	1997	15,32	52,58	71,96	33,29
	1998	11,56	7,84	32,39	15,94
	1999	45,01	52,43	71,30	48,24
Linie DH min. DH lines min.	1997	12,09	33,70	55,58	31,27
	1998	4,85	17,38	13,21	16,29
	1999	4,92	23,77	37,56	27,55
Linie DH maks. DH lines max.	1997	42,09	70,51	76,67	59,34
	1998	22,68	53,27	59,96	72,83
	1999	42,72	79,16	70,66	88,30
Linie DH średnie DH lines mean	1997	33,83	51,54	72,63	48,75
	1998	12,55	21,66	32,30	36,89
	1999	29,62	54,30	62,78	55,30

Oceny parametrów genetycznych związanych z efektami addytywnego działania genów, dominacji oraz współdziałania genów nieallelicznych zamieszczono w tabeli 3.

Tabela 2

Dwuczynnikowa analiza wariancji dla redukcji cech struktury plonu po inokulacji *F. culmorum*
Two-way analysis of variance for reduction of yield structure characters in barley after inoculation with *F. culmorum*

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Masa 1000 ziaren 1000-kernel weight		Liczba ziarna z kłosa No. of kernels per ear		Masa ziarna z kłosa Kernel weight per ear		Celność ziarna Plump kernels		Wartości krytyczne Critical values	
		średni kwadrat mean square	statystyka F F-statistic	średni kwadrat mean square	statystyka F F-statistic	średni kwadrat mean square	statystyka F F-statistic	średni kwadrat mean square	statystyka F F-statistic	F _{0,05}	F _{0,01}
Bloki Block	2	13,55	0,37	32,00	0,28	67,75	0,68	407,43	4,43	3,04	4,71
Lata (Y) Year (Y)	2	11922,38	325,94	36818,03	316,68	49256,44	493,46	9562,38	103,94	3,04	4,71
Genotypy (G) Genotypes (G)	33	413,02	11,29	730,24	6,28	404,20	4,05	1442,06	15,67	1,49	1,76
Y × G	66	348,97	9,54	514,91	4,43	389,12	3,90	1282,24	13,94	1,37	1,56
Błąd Error	202	36,58		116,26		99,82		92,00			

W badanej kombinacji krzyżówkowej wielkość redukcji masy 1000 ziaren wywołanej przez *F. culmorum* zależna była od genów o działaniu addytywnym. Efekty związane z interakcją *loci* homozygotycznych wpływały korzystnie, powodując zmniejszenie spadku wartości tej cechy u form inokulowanych. Uzyskane oceny parametru [h] i [l] nie pozwalają na stwierdzenie wpływu dominacji lub współdziałania *loci* heterozygotycznych na poziom redukcji masy 1000 ziaren (tab. 3).

Tabela 3

Wyniki testowania hipotez dotyczących parametrów genetycznych dla redukcji masy 1000 ziaren po inokulacji *F. culmorum*

The results of testing the hypotheses concerning the genetic parameters for reduction in 1000-kernel weight after inoculation with *F. culmorum*

Parametr Parameter	Rok Year			
	1997	1998	1999	średnia mean
[d] ocena estimate statystyka F F-statistic	15,00	8,92	18,90	14,27
	36,90**	13,05**	58,60**	100,24**
[h] ocena estimate statystyka F F-statistic	-117,03	4,08	97,58	-5,12
	16,23**	0,02	11,28**	0,09
[i] ocena estimate statystyka F F-statistic	-6,74	1,21	-5,80	-4,12
	7,98**	0,26	5,91**	7,51**
[l] ocena estimate statystyka F F-statistic	171,97	-32,27	-144,00	-1,44
	7,53**	0,27	5,28**	0,00

* — Istotne przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Dla redukcji liczby ziaren z kłosa istotne okazały się efekty addytywnego działania genów. Współdziałanie genów nieallelicznych w stanie homozygotycznym wpływało na zwiększenie wrażliwości badanych form na *F. culmorum* przejawiające się spadkiem liczby ziaren z kłosa u linii inokulowanych. Efekty związane ze stanem heterozygotycznym *loci* były nieistotne (tab. 4).

Wielkość redukcji masy ziaren z kłosa zależała głównie od sumujących się efektów działania genów homozygotycznych i ich nieallelicznego współdziałania (tab. 5).

W przypadku celności ziarna, wielkość redukcji uzależniona była zarówno od addytywnego działania genów, jak i dominowania. Istotny wpływ na ekspresję tej cechy miały również efekty związane ze współdziałaniem *loci* w stanie heterozygotycznym. Uwagę zwracają ujemne wartości parametru [h] i dodatnie [l]. Może to świadczyć o przewadze efektów związanych z interakcją *loci* heterozygotycznych nad efektami dominacji w kierunku większej redukcji liczby ziaren z kłosa (tab. 6).

Tabela 4

Wyniki testowania hipotez dotyczących parametrów genetycznych dla redukcji liczby ziaren z kłosa po inokulacji *F. culmorum*

Estimates of genetic parameters for reduction in number of kernels per ear after inoculation with *F. culmorum*

Parametr Parameter	Rok Year			
	1997	1998	1999	średnia mean
[d] ocena estimate statystyka F F-statistic	18,41	17,94	27,69	21,35
	17,48**	16,62**	39,58**	70,56**
[h] ocena estimate statystyka F F-statistic	4,62	-86,46	-15,26	-32,37
	0,01	2,79**	0,07	1,17
[i] ocena estimate statystyka F F-statistic	0,56	13,66	-2,83	3,80
	0,02	10,33**	0,44	2,39**
[l] ocena estimate statystyka F F-statistic	-1,92	124,82	31,04	51,31
	0,00	1,25	0,08	0,63

* — Istotne przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 5

Wyniki testowania hipotez dotyczących parametrów genetycznych dla redukcji masy ziarna z kłosa po inokulacji *F. culmorum*

Estimates of genetic parameters for reduction in kernel weight per ear after inoculation with *F. culmorum*

Parametr Parameter	Rok Year			
	1997	1998	1999	średnia mean
[d] ocena estimate statystyka F F-statistic	10,55	23,38	16,55	16,83
	6,69**	32,85**	16,47**	51,05**
[h] ocena estimate statystyka F F-statistic	5,12	-26,88	56,38	11,52
	0,01	0,31	1,38	0,17
[i] ocena estimate statystyka F F-statistic	-6,50	4,28	-8,87	-3,63
	2,72**	1,18	4,84**	2,54**
[l] ocena estimate statystyka F F-statistic	-31,20	-37,15	-89,28	-52,56
	0,09	0,13	0,74	0,77

* — Istotne przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 6

**Wyniki testowania hipotez dotyczących parametrów genetycznych dla redukcji celności ziarna
po inokulacji *F. culmorum***
Estimates of genetic parameters for reduction in plump kernels after inoculation with *F. culmorum*

Parametr Parameter		Rok Year			
		1997	1998	1999	średnia mean
[d]	ocena estimate	14,03	28,27	30,37	24,22
	statystyka F F-statistic	12,85**	52,12**	60,15**	114,82**
[h]	ocena estimate	-91,33	-118,8	-50,88	-86,96
	statystyka F F-statistic	3,93**	6,65**	1,22	10,70**
[i]	ocena estimate	-3,44	7,66	2,59	2,27
	statystyka F F-statistic	0,83	4,11**	0,47	1,08
[l]	ocena estimate	117,92	139,84	90,08	116,00
	statystyka F F-statistic	1,41	1,98**	0,82	4,08**

* — Istotne przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Znajomość sposobu działania genów wpływających na ekspresję cech ilościowych w znacznym stopniu ułatwia planowanie i prowadzenie prac hodowlanych. W przypadku hodowli form samopylnych istotne efekty związane ze stanem homozygotycznym *loci* (addytywne działanie genów i ich współdziałanie) wskazują na możliwość wyselekcjonowania form transgresyjnych pod względem danej cechy. Z kolei istotne wartości parametrów określających efekty dominowania lub nieallelicznej interakcji heterozygotycznych *loci* świadczy, iż w miarę wzrostu homozygotyczności w kolejnych pokoleniach może nastąpić obniżenie lub podwyższenie wartości badanych cech w kierunku średniej dla form rodzicielskich. Uzyskane wyniki badań wskazują, iż redukcja wartości badanych elementów struktury plonu wywołana inokulacją kłosów przez *F. culmorum* w każdym przypadku była uzależniona od działania genów w stanie homozygotycznym. Podobne wyniki otrzymali Adamski i wsp. (1999) oraz Surma i wsp. (2000) badając podatność 2-i 6-rzędowych linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego na fuzariozę kłosa. Wskazuje to na możliwość wyselekcjonowania form o zmniejszonej podatności na działanie patogena. Istotny wpływ efektów związanych ze stanem heterozygotycznym *loci* na wielkość redukcji celności ziarna, może spowodować zwiększenie szans wyhodowania form o zwiększonej odporności na *F. culmorum* w przypadku prowadzenia selekcji z niższą intensywnością.

WNIOSKI

1. Na wielkość redukcji masy 1000 ziaren, masy i liczby ziaren z kłosa oraz celność ziarna, wywołanej inokulacją kłosów przez *F. culmorum*, istotny wpływ wywierały efekty addytywnego działania genów.
2. Współdziałanie genów homozygotycznych powodowało zwiększenie wrażliwości badanych form na patogena, przejawiające się spadkiem liczby ziaren z kłosa u linii inokulowanych.
3. Wpływ genów w stanie heterozygotycznym na stopień redukcji badanych cech u form inokulowanych uwidocznił się w przypadku masy 1000 ziaren i celności ziarna.

LITERATURA

- Abramson D., Clear R. M., Nowicki T. W. 1987. *Fusarium* species and trichothecene mycotoxins in suspect samples of 1985 Manitoba wheat. Can. J. Plant Sci. 67: 611 — 619.
- Adamski T., Chełkowski J., Goliński P., Kaczmarek Z., Kostecki M., Perkowski J., Surma M., Wiśniewska H. 1999. Yield reduction and mycotoxin accumulation in barley doubled haploids inoculated with *Fusarium culmorum* (W.G.Sm) Sacc. J. Appl. Genet. 40: 73 — 84.
- Chełkowski J., Wiśniewska H., Adamski T., Goliński P., Kaczmarek Z., Kostecki M., Perkowski J., Surma M. 2000. Effect of *Fusarium culmorum* head blight on mycotoxin accumulation and yield traits in barley doubled haploids. J. Phytopatology 148: 541 — 545.
- Goliński P., Kiecana I., Kaczmarek Z., Kostecki M., Kaptur P., Wiśniewska H., Chełkowski J. 1999. Scabresponse of selected winter wheat cultivars after inoculation with *Fusarium avenaceum* (Fr.) Sacc. J. Phytopatology 147: 421 — 425.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1988. Epistatic effects in estimation of the number of genes on the basis of doubled haploid lines. Genet. Pol. 29: 353 — 359.
- Mirocha C. J., Weiping Xie, Yichun Xu, Wilcoxon R. D., Woodward R. P., Etabarian R. H., Behele G. 1994. Production trichothecene mycotoxins by *Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum* on barley and wheat. Mycopathologia 128: 19 — 23.
- Packa D. 1994. Wpływ toksyn fuzaryjnych na przebieg mitozy u zbóż i bobiku. Hod. Rośl. Nasien. 1: 3 — 7.
- Snijders C. H. A., Perkowski J. 1990. Effects of head blight caused by *Fusarium culmorum* on toxin content and weight of wheat kernels. J. Phytopatology 80: 566 — 570.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 1984. The use of doubled haploid lines for estimation of genetic parameters. Genet Pol. 25: 27 — 32.
- Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T. 1997. Estimation of genetic parameters based on doubled haploids and early generations. P. Krajewski, Z. Kaczmarek (eds.). Poznań: 281 — 284.
- Surma M., Adamski T., Chełkowski J., Goliński P., Kaczmarek Z., Kostecki M., Perkowski J., Wiśniewska H. 2000. Genetic determination of variability of barley doubled haploids inoculated with *Fusarium culmorum* (W.G.Sm) Sacc. with regard to mycotoxin accumulation and reduction of yield traits. J. Appl. Genet. 41: 237 — 246.
- Wojciechowski S., Chełkowski J., Ponitka A., Ślusarkiewicz-Jarzina A. 1997. Evaluation of spring and winter wheat reaction to *Fusarium culmorum* and *Fusarium avenaceum*. J. Phytopatology 145: 99 — 103.
- Warzecha T., Wiśniewska H., Adamski T., Surma M. 2000. Efekty działania genów kontrolujących podatność siewek linii podwojonych haploidów jęczmienia na *Fusarium culmorum*. Biul. IHAR 216: 201 — 205.

MIŁOSZ SMOLIK
DANUTA RZEPKA-PLEVNEŠ
Akademia Rolnicza w Szczecinie

Ocena zmienności genetycznej linii wsobnych i mieszańcowości żyta metodą SDS-PAGE

Evaluation of genetic variation of inbred lines and a degree of hybridity of rye by SDS-PAGE method

Obiektem badań było 14 mieszańców F_1 otrzymanych ze skrzyżowania 13 linii pochodzących z głębokiego chowu wsobnego o różnym poziomie tolerancji na niedobory pokarmowe w podłożu w fazie siewki. Linie rodzicielskie pochodziły z kolekcji: Katedry Hodowli Roślin Akademii Rolniczej w Szczecinie i Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW w Warszawie, mieszańce F_1 z badań własnych. Genotypy mieszańców F_1 i ich form rodzicielskich porównywano w oparciu o analizę białek zapasowych metodą SDS-PAGE w układzie nieciągłym na dwóch rodzajach żeli poliakrylamidowych (4 i 12%) w aparacie Mini Protein II przy stałym natężeniu prądu 50 mA. Otrzymane rozdziały elektroforetyczne analizowano pod względem liczby i masy prążków w świetle przechodzącym skanera Sharp JX-330 za pomocą programu komputerowego „Diversity one 1.3”. Na podstawie otrzymanych wyników badań stwierdzono, że linie wsobne mimo różnic fenotypowych (poziom tolerancji) należały do tych samych grup podobieństwa genetycznego. Analiza zmienności elektroforetycznej sekalin mieszańców F_1 otrzymanych ze skrzyżowania tych linii wykazała u większości z nich obecność markerów białkowych obu komponentów rodzicielskich. Najliczniejszą grupę stanowiły mieszańce, u których przeważały prążki mateczne (podobieństwo genetyczne 61–94%). Otrzymane wyniki badań wskazują na możliwość wykorzystania testu SDS-PAGE do oceny mieszańcowości F_1 żyta.

Słowa kluczowe: linie wsobne, mieszańce F_1 , SDS-PAGE, polimorfizm

The object of the studies were 14 F_1 hybrids obtained by crossing 13 inbred lines of different tolerance to nutrient deficiency in the medium at a seedling stage. Parental lines originated from the collection of: the Department of Plant Breeding of Szczecin Agricultural University and the Department of Plant Genetics, Breeding and Biotechnology of Warsaw Agricultural University, and F_1 hybrids originated from our earlier studies. Genotypes of F_1 hybrids and their parental forms were compared on basis of analysis of storage proteins using SDS-PAGE test (discontinuous system) performed on two kinds of polyacrylamide gels (4 and 12.5%) in Mini Protein II apparatus at constant voltage 50 mA. The obtained electrophoretic patterns were analyzed by means of the computer programme Diversity one 1.3 to evaluate the number and weight of bands in the light of a scanner Sharp JX-330. It was found that despite phenotypic differences (tolerance level) inbred lines belonged to the same group of genetic similarity. Analysis of electrophoretic variation of secalin in F_1 hybrids obtained by crossing inbred lines showed the presence of protein markers of both parental components the great majority of hybrids. The hybrids, in which maternal bands dominated (genetic similarity 61–94%) were prevalent.

The results indicate that SDS-PAGE test may be used to evaluation of a degree of rye varieties hybridity.

Key words: inbred lines, F₁ hybrids, SDS-PAGE, polymorphism

WSTĘP

Żyto ozime *Secale cereale* L. jest jednym z najtrudniejszych obiektów hodowli (Wolski, 1985). Składa się na to jego obcopłodność, niedostateczna wciąż znajomość dziedziczenia się wielu ważnych gospodarczo cech i właściwości oraz małe zainteresowanie nim hodowców większości krajów świata.

Uzyskanie nowej odmiany tej rośliny, lepszej od odmian już istniejących jest trudne i kosztowne. Wymaga bowiem równoległego stosowania różnych materiałów wyjściowych, nowych metod, jak odmian populacyjnych, jak i mieszańcowych żyta. Te ostatnie są coraz bardziej popularne, zarówno wśród hodowców, jak i producentów tej rośliny (Kadłubiec, 2002).

Duże podobieństwo genetyczne odmian roślin uprawnych sprawia, że hodowcy odchodzą od markerów morfologicznych pomocnych przy doborze materiałów wyjściowych do hodowli zastępując je markerami białkowymi i DNA (Rom i in., 1995; Barański, 1997). Używają ich również do oceny czystości odmianowej nasion odmian mieszańcowych. W tym ostatnim przypadku wykorzystują najczęściej markery molekularne RAPD, RFLP.

Celem niniejszej pracy było określenie w oparciu o elektroforezę SDS-PAGE zróżnicowania genetycznego wsobnych linii żyta oraz jej przydatności do charakterystyki mieszańcowości F₁ żyta.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań było 13 linii wsobnych żyta o różnym stopniu tolerancyjności na niedobory N i K w podłożu w fazie siewki oraz 14 mieszańców F₁ otrzymanych z ich skrzyżowania (tab. 1). Linie o numerach od 1 do 7 pochodziły z kolekcji Katedry Hodowli Roślin AR w Szczecinie, od 8 do 13 z Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin SGGW w Warszawie, a linie 39, 42 i 57 wyprowadzono z materiałów hodowlanych ZDHAR Smolice. Wszystkie użyte do badań linie żyta były potomstwem późnych pokoleń chowu wsobnego. Mieszańce F₁ otrzymano w ramach badań prowadzonych w Zakładzie Hodowli Roślin Ogrodniczych AR w Szczecinie. Genotypy linii rodzicielskich i potomstw F₁ porównywano w oparciu o elektroforetyczne rozdziały białek zapasowych przeprowadzonych w 3 powtórzeniach, techniką SDS-PAGE według metody opisanej przez Westermeiera (1997).

Białka zapasowe wymienionych genotypów żyta izolowano z 5 losowo wybranych z każdej próbki ziarniaków żyta, z każdego oddzielnie a po sprawdzeniu ich jednorodności genetycznej tworzone próbki zbiorczą składającą się z 40 µl sekalin każdego z ziarniaków. Elektroforezę prowadzono w układzie nieciągłym w dwóch rodzajach żeli

poliakrylamidowych: zagęszczającym (4%) i rozdzielającym (12%) w obecności buforu Tris-Glycine-SDS.

Tabela 1

Pochodzenie linii rodzicielskich. Kombinacje krzyżowań
Origin of parental lines. Cross combinations

Lp. No.	Linia wsobna Inbred lines	Pochodzenie Origin	Źródło pyłku Source of pollen
1.	723/81,k-12 ²	<i>S. montanum</i> × <i>S. kuprianovi</i> × <i>S. cereale</i>	Ot 0-25 ¹ ; Ot 0-20 ²
2.	143/79-9 ¹	<i>S. montanum</i> × <i>S. kuprianovi</i> × <i>S. cereale</i>	Ot 0-25 ¹
3.	153/79-1-5 ¹	<i>S. montanum</i> × <i>S. kuprianovi</i> × <i>S. cereale</i>	Ot 1-3 ³
4.	Ot 0-25 ¹	Otello	
5.	Ot 0-20 ²	Otello	
6.	Ot 1-3 ³	Otello	
7.	Ot 0-6 ¹	Otello	Ot 1-3 ³
8.	62 ²	Pancerne	39 ²
9.	39 ²	nieznane — unknown	60 ² , 48 ²
10.	48 ³	nieznane — unknown	60 ² , 42 ²
11.	60 ²	Pancerne	42 ² , 62 ²
12.	42 ²	nieznane — unknown	
13.	57 ¹	nieznane — unknown	60 ² , 42 ²

¹ — Tolerancyjna na niedobory N i K, tolerant to N and K deficit

² — Średnio tolerancyjna, mean tolerant

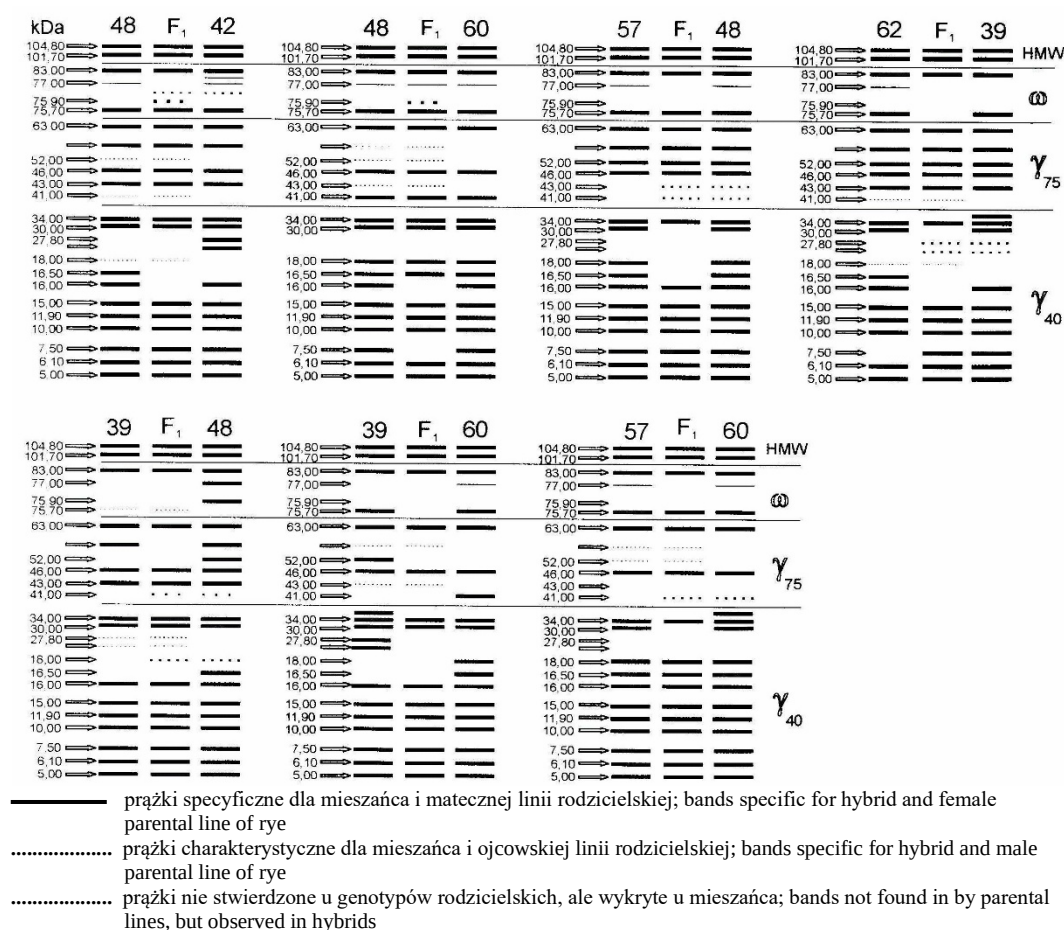
³ — Nietolerancyjna, non-tolerant

Polimeryzacji żeli dokonano w obecności 10 µl TEMED-u i 50 µl APS (nadszarczanu amonu). Rozdział białek prowadzono przez 4 godziny na dwóch typach aparatów: Mini Protean II (Bio-Rad) i Multiphor II (Pharmacia LKB), przy stałym natężeniu prądu 50 mA. Wzorcem masowym była mieszanina rekombinowanych białek o masach od 15 do 83 kDa (Terpol). Po przeprowadzeniu rozdziałów żele barwiono roztworem Coomassie R-250, a następnie odbarwiano w roztworze 10% etanolu i 20% kwasu octowego. Następnie moczono je w roztworze gliceryny i suszono przez 3 dni w temperaturze pokojowej. Wysuszone żele analizowano w świetle przechodzącym przy użyciu skanera Sharp JX-330 (Pharmacia LKB), a otrzymane cyfrowe obrazy opracowywano w oparciu o pakiet programu komputerowego „Diversity one 1.3”. Ustalono liczbę i masę wyodrębnionych na żelu prążków białkowych, prążki białkowe pogrupowano w zależności od ich masy (długości polipeptydu) do odpowiednich frakcji białkowych, określono podobieństwo genetyczne linii wsobnych żyta oraz ustalono obecność prążków białkowych liniowych komponentów rodzicielskich w obrazach ich mieszańców.

WYNIKI

Wybrane do krzyżowań linie wsobne żyta charakteryzowały się małą zmiennością pod względem liczby wyodrębnionych na elektroforegramach polipeptydów (rys. 1, 2). Ich liczba wahała się od 19 do 22 polipeptydów ogółem. Największym polimorfizm obserwowano we frakcjach γ_{40} i γ_{75} , przy czym nie dotyczył on raczej liczby, ale masy widocznych na elektroforegramach polipeptydów (rys. 1, 2). Wszystkie linie różniły specyficzny wzór prążkowy pozwalający zidentyfikować każdą z badanych linii. U większości z nich

występował we frakcji γ_{40} prążek o masie 43 kDa. Nie był on jednak związany z tolerancyjnością na niedobory N i K w podłożu (Rzepka-Plevneš, Smolik, 2001).

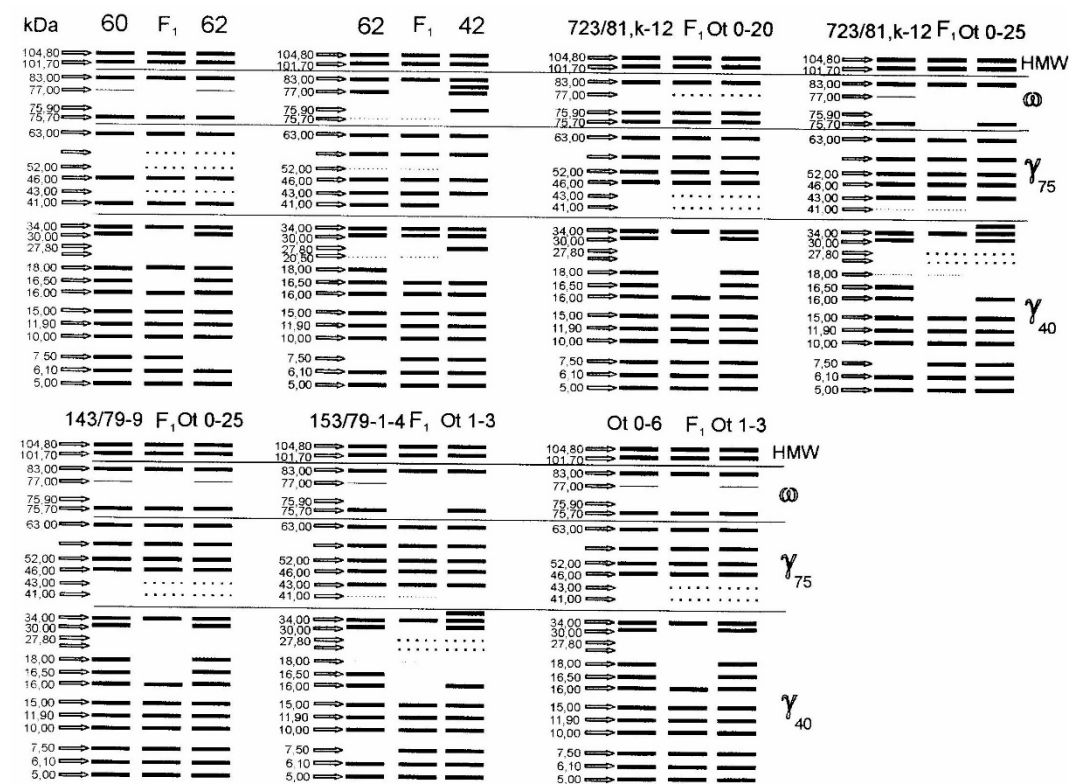


Rys. 1. Obrazy elektroforetyczne sekalin linii rodzicielskich żyta i ich mieszańców F₁ z zaznaczeniem specyficznych dla testowanych genotypów układów prążków białkowych
Fig. 1. Electrophoretic patterns for secalins in parental lines and F₁ hybrids of rye with specific protein bands for tested genotypes

Analiza dendrogramu skonstruowanego w oparciu o indeksy podobieństwa pozwoliła pogrupować badane linie w zależności od ich pochodzenia. Na ogół linie o podobnym rodowodzie były łączone w obrębie tej samej grupy. Podobieństwo między liniami wahało się od 74 do 95%. W grupie linii pochodzących z kolekcji AR w Szczecinie wynosiło 74,4 do 88%, kolekcji SGGW w Warszawie od 80,1 do 95%.

Otrzymane w wyniku krzyżowań linii wsobnych mieszańce F₁ charakteryzowała obecność prążków białkowych obu komponentów rodzicielskich (rys. 1, 2, 3). U większości z nich obserwowano jednak większe podobieństwo do linii matczynej, niż

ojcowskiej. Wśród otrzymanych mieszańców F_1 były również takie, u których w obrazach elektroforetycznych identyfikowano obecność większej liczby polipeptydów ojcowskich.



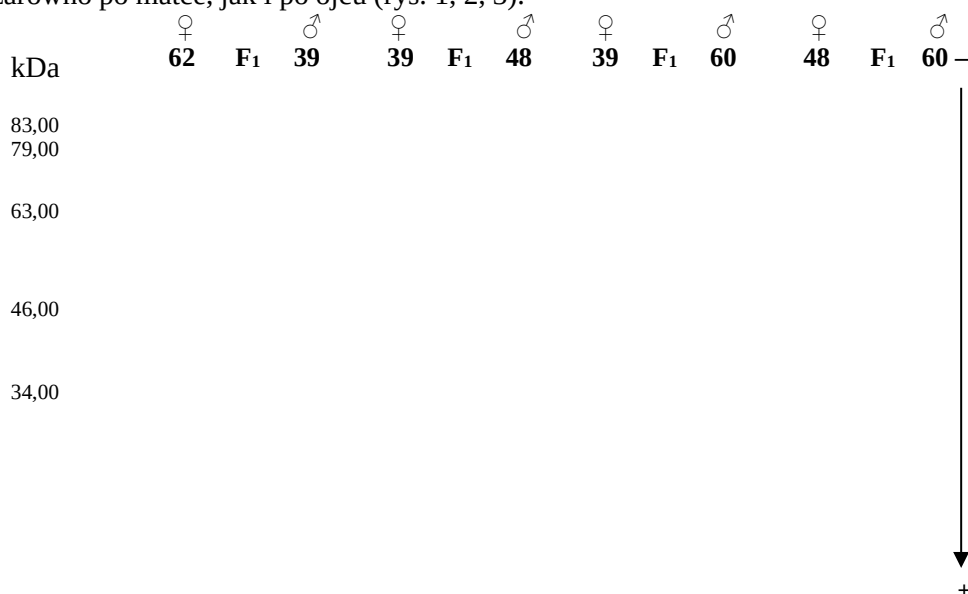
- prążki specyficzne dla mieszańca i matczynej linii rodzicielskiej; bands specific for hybrid and female parental line of rye
 prążki charakterystyczne dla mieszańca i ojcowskiej linii rodzicielskiej; bands specific for hybrid and male parental line of rye
 prążki nie stwierdzone u genotypów rodzicielskich, ale wykryte u mieszańca; bands not found in by parental lines, but observed in hybrids

Rys. 2. Obrazy elektroforetyczne secalin linii rodzicielskich żyta i ich mieszańców F_1 z zaznaczeniem specyficznych dla testowanych genotypów układów prążków białkowych
Fig. 2. Electrophoretic patterns for secalins in parental lines and F_1 hybrids of rye with specific protein bands for tested genotypes

Na podstawie otrzymanych wyników u wszystkich mieszańców F_1 stwierdzono występowanie w obrębie secalin wysokocząsteczkowych HMW rodzicielskich polipeptydów o masach 101,7 i 104,8 kDa. Polimorficzną frakcją białek okazała się u nich frakcja ω . Obserwowane w niej różnice, dotyczyły obecności lub braku prążków białkowych, typowych dla linii rodzicielskich. Były to następujące liniowe mieszańce F_1 : 48×42 , 48×60 , 39×48 , 62×42 , $723/81, k-12 \times Ot\ 0-20$, $723/81,k-12 \times Ot\ 0-25$ oraz $Ot\ 0-6 \times Ot\ 1-3$. Dla mieszańców tych polimorficznymi okazały się białka frakcji ω o masach: 75,7, 75,9, 77 kDa. Brak polipeptydów rodzicielskich obserwowano u mieszańców F_1 : 57×48 , $62 \times$

39, 39×60 , 57×60 , 60×62 , 723/81, k-12 $\times$ Ot O-25 i 153/79-1-4 $\times$ Ot 1-3. Kolejną z wyodrębnionych na elektroforegramach mieszańców F_1 frakcję sekalin γ_{75} charakteryzował podobny do frakcji ω polimorfizm oraz obecność wszystkich prążków rodzicielskich (rys. 1, 2). Różnice między nimi polegały na tym, że mieszańce F_1 : 57×48 , 39×48 , 60×62 , 723/81, k-12 $\times$ Ot O-20, 723/81, k-12 $\times$ Ot 0-25 miały w omawianej frakcji sekalin prążki ojcowskie, pozostałe zaś z badanych mieszańców — prążki mateczne.

Podobnie polimorficzną u badanych mieszańców F_1 , okazała się frakcja białek najlżejszych — γ_{40} . Polipeptydy tej frakcji występowały na elektroforegramach w różnych układach pozwalających określić ich pochodzenie. Przy czym u jednych mieszańców F_1 obserwowano w tej frakcji zwiększoną liczbę prążków matecznych (48×42 , 62×39 , 62×42 , 723/81, k-12 $\times$ Ot O-20, 723/81, k-12 $\times$ Ot 0-25, 143/79-9 $\times$ Ot 0-25, 153/79-1-4 $\times$ Ot 1-3 i Ot 0-6 $\times$ Ot 1-3), a u innych (57×48 , 60×62 , 723/81, k-12 $\times$ Ot O-20) przeważały prążki ojcowskie. Relacje podobieństw genetycznych między mieszańcami F_1 w tej frakcji polegały na tym, że polipeptydy występowały w nich w różnych układach, dziedziczonych zarówno po matce, jak i po ojcu (rys. 1, 2, 3).



Rys. 3. Elektroforetyczny obraz sekalin wybranych linii wsobnych żyta i ich mieszańców F_1 z zaznaczeniem niektórych polipeptydów specyficznych dla mieszańca i danej linii rodzicielskiej
Fig. 3. Electrophoretic patterns for secalins in some inbred lines of rye and their F_1 hybrids with polypeptides specific for both a hybrid and a parental line

Analiza drzewa podobieństwa filogenetycznego mieszańców F_1 , uwzględniała ich podobieństwo do linii rodzicielskich. I tak mieszańce F_1 : 39×48 , 57×60 , 60×42 , 723/81, k-12 $\times$ Ot O-25, Ot 0-6 $\times$ Ot 1-3, 48×60 , 153/79-1-4 $\times$ Ot 1-3 wykazywały bardzo bliskie podobieństwo do form matecznych odpowiednio: 94,1%, 75%, 61,5%, 73,2%,

89,7%, 90% i 91,9%, a do linii ojcowskich mieszańce: 62×39 (76,9%), 60×62 (63,9%), $723/81,k-12 \times Ot O-20$ (79,1%). U pozostałych mieszańców obserwowano odmienne od wyżej przedstawionych relacje podobieństw i polegały one na tym, że linie rodzicielskie były do siebie bardziej zbliżone genetycznie, niż do mieszańców F_1 (rys. 1, 2, 3).

DYSKUSJA

Rozwój technik biologii molekularnej sprawił, że coraz więcej hodowców poszukuje tanich i szybkich metod oceny jednorodności mieszańców F_1 . Można w tym celu wykorzystać zarówno markery białkowe, jak i markery DNA (Dubreuil i in., 1999; Atienza i in., 2000). Obie te metody pozwalają porównać zarówno genotypy rodzicielskie, jak i otrzymane w wyniku ich krzyżowania mieszańce F_1 (Welsh i in., 1995). Podstawowym warunkiem wykorzystania wymienionych metod jest znalezienie markerów, pozwalających różnicować badane populacje rodzicielskie między sobą oraz jednorodność form rodzicielskich użytych do krzyżowań (Waga, 1991).

Badania Orellana i wsp. (1993) oraz Niedzielskiego i wsp. (1997) dowiodły, że elektroforetyczna analiza białek zapasowych, podobnie jak i DNA, jest metodą przydatną do oceny czystości mieszańców F_1 . Pierwszy z nich badał polimorfizm białek zapasowych dwóch linii wsobnych żyta 8t i 6Ri, drugi — serii linii S1/96. Obaj wykazali, że linie wsobne różnią się między sobą genotypowo, a przejawia się to obecnością lub brakiem polipeptydów w danej frakcji sekalin i jest prawdopodobnie wynikiem różnej ekspresji genów kodujących białko danej frakcji. Podobieństwo genetyczne badanych przez Niedzielskiego i wsp. (1997) linii wsobnych serii S1/96 mieściło się w granicach 60–90%, a największe zróżnicowanie obserwowano w przypadku sublinii wyprowadzonych z tej samej populacji żyta. Podobne do wyżej opisanych wyniki badań nad słonecznikiem otrzymali Varier i wsp. (1992), a nad kukurydzą — Drzewiecki i wsp. (1997).

Wyniki niniejszych badań są zgodne z wynikami zawartymi w cytowanych pracach. Wybrane do krzyżowań linie różniły się między sobą liczbą prążków białkowych, przy czym na ogół zależało to od ich pochodzenia. Ponadto różniły się one masą wyodrębnionych prążków białkowych. Największy polimorfizm pod względem ich liczby i masy prążków dotyczył frakcji ω , γ_{75} , γ_{40} . Również określone na podstawie analizy drzewa podobieństwa filogenetycznego podobieństwo genetyczne badanych linii zależało od pochodzenia danej linii wsobnej. Wyjątek stanowiły linie: 39 i 42, z kolekcji SGGW w Warszawie.

Według Shewry'ego i wsp. (1984), Sozinova (1987), Drzewieckiego (1997) kodominacyjny charakter dziedziczenia białek zapasowych umożliwia obserwowanie w obrazach elektroforetycznych mieszańców F_1 polipeptydów charakterystycznych dla obu komponentów rodzicielskich. Stąd o poprawności przeprowadzonych krzyżowań w przypadku białek zbóż świadczyć może obecność obok prążków matecznych także występowanie prążków charakterystycznych dla formy ojcowskiej.

Wyniki badań własnych potwierdziły kodominacyjny charakter dziedziczenia się białek zapasowych u żyta. W obrazach elektroforetycznych 14 mieszańców F_1 obserwowano markery białkowe obu komponentów rodzicielskich, przy czym u większości z nich

przeważały prążki maceczne. Część jednak mieszańców F_1 wykazała większe genotypowe podobieństwo linii ojcowskich. Były wśród mieszańców F_1 także takie, u których na elektroforegramie nie obserwowano polipeptydów rodzicielskich. Dotyczyło to mieszańców, które otrzymano w wyniku skrzyżowania linii wykazujących bardzo bliskie podobieństwo genetyczne. Tego typu zjawisko u mieszańców F_1 Payne i wsp. (1982) tłumaczą dużą częstotliwością zmian mutacyjnych w białkach prowadzących do powstania tzw. null alleli. Ich efektem może być zablokowanie ekspresji genu kodującego poszczególne składniki białek zapasowych.

WNIOSKI

1. Polimorfizm białek zapasowych badanych linii wsobnych dotyczy przede wszystkim masy cząsteczkowej wyodrębnionych polipeptydów. Wahała się ona od 5,0 do 104,5 kDa. Dla każdej z badanych linii można było ustalić specyficzny dla niej wzór prążków białkowych.
2. Zgodnie z oczekiwaniem u większości mieszańców F_1 dziedziczenie białek zapasowych żyta ma charakter kodominacyjny, wyrażający się obecnością prążków obu rodziców użytych do krzyżowania. Przy czym u większości z nich przeważały prążki maceczne. Podobieństwo genetyczne między liniami rodzicielskimi a mieszańcami F_1 mieściło się w granicach od 61,5 do 94,1% i było na ogół skorelowane z ich pochodzeniem.
3. Elektroforeza białek zapasowych żyta PAGE w obecności siarczanu dodecyłu sodu (SDS) stanowi przydatne narzędzie identyfikacji linii wsobnych żyta i ich mieszańców F_1 .

LITERATURA

- Atienza S. G., Gienémez M. J., Martin A., Martin L. M. 2000. Variability in monomeric prolamins in *Hordeum chilense*. Theor. Appl. Genet. 101: 970 — 976.
- Barański R. 1997. Ocena wyrównania genetycznego nasion mieszańcowych przy wykorzystaniu analizy izoenzymatycznej. Hod. Rośl. Nasien. 4: 1 — 3.
- Drzewiecki J., Bednarek P., Warzecha R., Kurczyk Z. 1997. Propozycja oceny podobieństwa linii wsobnych kukurydzy na podstawie obrazów elektroforetycznych zein. Biul. IHAR 200: 225 — 231.
- Dubreuil P., Charcosset A. 1999. Relationships among maize inbred and populations from European and North American origins as estimated using RFLP markers. Theor. Appl. Genet. 99: 476 — 480.
- Kadłubiec W. 2002. Studia nad genetyczną zmiennością i zdolnością kombinacyjną mieszańcowych i populacyjnych odmian żyta. Pr. hab. AR Wrocław 4 — 11.
- Niedzielski M., Bednarek P., Puchalski J. 1997. Różnicowanie materiałów hodowlanych żyta techniką elektroforezy białek zapasowych ziarniaków. W: Mat. I Krajowej Konf. pt. "Hodowla roślin" Poznań, 19–20 listopada. 1997: 449 — 452.
- Orellana B., Fernandez-Calvin B., Vazquez J. K., Carillo J. M. 1993. Mapping of genes controlling seed storage-proteins and cytological markers on chromosome 1R of rye. Theor. Appl. Genet. 85: 639 — 643.
- Payne P. I., Holt M. L., Lawrence G. L., Law C. N. 1982. The genetics of gliadin and glutenin, the major storage proteins of the wheat endosperm. Qual. Plant Foods Nutr. 31: 229 — 241.
- Rom M., Bar M., Rom A., Pilowsky M., Gidoni D. 1995. Purity control of F_1 -hybrid tomato cultivars by RAPD markers. Plant Breeding 114: 188 — 190.

- Rzepka-Plevneš D., Smolik M. 2001. Polymorphism of the storage proteins in rye cultivars and population selected for tolerance to nutrient deficiency. Proceedings of the EUCARPIA Rye Meeting, July 4-7, 2001, Radzików, 197 — 209.
- Shewry P. R., Bradberry D., Franklin J., White R. P. 1984. The chromosomal locations and linkage relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. Theor. Appl. Genet. 69: 63 — 69.
- Sozinov A. A. 1987. Blocks of cereal storage proteins as genetic markers. Vavilov Institute of Cereal Genetics, USSR Academy of Science, Moscow.
- Varier A., Dadlani M., Cooke R.J. 1992. Identification of sunflower protein (*Helianthus annuus* L.) hybrids and inbreds by SDS-PAGE of seed proteins. Seed Research 20: 138 — 141.
- Welsh W., Bushuk W., Roca W., Singh S.P. 1995. Characterization of agronomic traits and markers of recombinant inbred lines from intra and interracial populations of *Phaseolus vulgaris* L. Theor. Appl. Genet. 91: 169 — 177.
- Westemeier R. 1997. Electrophoresis in practice. Second Edition. VCH Verlagsgesellschaft mBH.
- Wolski T. 1985. Breeding of open pollinated varieties. Proc. Eucarpia Meet. on Rye, 12-13.06.1985, Svalöv, Sweden: 135 — 170.

HENRYK BUJAK¹**LECHOSŁAW GROCHOWSKI**²**JAN KACZMAREK**¹¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o.

Analiza genetyczno-hodowlana wybranych cech struktury plonu mieszańców żyta ozimego

Genetic-breeding analysis of some yield structure traits of winter rye hybrids

W pracy oszacowano wartości kombinacyjne oraz przeprowadzono analizę interakcji zdolności kombinacyjnych ze środowiskiem dla wysokości roślin, plonu ziarna z poletka, masy 1000 ziaren i masy hektolitra. Materiał badawczy stanowiło 40 mieszańców żyta ozimego uzyskanych ze skrzyżowania 8 mieszańców pojedynczych z cms z 5 żółtoziarnistymi formami ojcowskimi. Stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych mieszańców oraz środowiska dla wszystkich badanych cech. Wykazano addytywny sposób działania genów dla wysokości roślin i plonu ziarna z poletka oraz przewagę addytywnych nad nieaddytywnymi formami działania genów dla masy 1000 ziaren i masy hektolitra. Istotna interakcja zdolności kombinacyjnych (GCA i SCA) ze środowiskiem wystąpiła dla wysokości roślin. Na podstawie wartości efektów ogólnej wartości kombinacyjnej można wyróżnić mieszańca (5491 × 2130), który użyty w programach hodowlanych podnosi plon i masę 1000 ziaren. Spośród analizowanych linii żółtoziarnistych żyta użytych jako formy ojcowskie na uwagę zasługuje linia 70621, która powoduje wzrost plonu nie zwiększając przy tym wysokości roślin.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, mieszańce, zdolność kombinacyjna, żyto ozime

The paper presents estimates of GCA and SCA effects and their interaction with environment for plant height, grain yield/plot, 1000 grain weight and hectoliter weight. The plant material consisted of 40 hybrids obtained from crossing of 8 single hybrids (cms) with 5 yellow-grained paternal forms. Plant height and grain yield/plot were determined by additive gene effects, whereas the GCA effects were more important than the SCA effects in determining 1000 grain weight and hectoliter weight. A significant influence of the combining ability (GCA and SCA) × environment interaction on plant height was observed. The evaluation of GCA effects allowed to select a hybrid (5491 × 2130) as the best combiner for grain yield and 1000 grain weight. Among the paternal forms, line 70621 is noteworthy as exhibiting good combining ability for grain yield without increasing plant height.

Key words: combining ability, genotype-environment interaction, hybrids, winter rye

WSTĘP

Hodowla mieszańcowa żyta oraz produkcja nasienna prowadzone są z wykorzystaniem cytoplazmatyczno-genetycznej niepłodności typu „Pampa”. Poważną wadą tego typu niepłodności są trudności z wyhodowaniem efektywnych restorerów, co wynika z faktu, iż w europejskich populacjach żyta występuje mała częstość genów przywracających płodność (Geiger, Schnell, 1970; Geiger, Morgenstern, 1975; Kolasińska, Węgrzyn, 1998; 2000; Węgrzyn, Kolasińska, 1999) oraz skomplikowanego sposobu dziedziczenia tej cechy (Melz, Adolf, 1991). Płodność mieszańców zależy nie tylko od genotypu restorera, ale także genotypu komponentu męskiego i warunków środowiska (Geiger i in., 1995; Madej i in., 1996; Kolasińska, 1998).

W pracach hodowlanych wykorzystywane są również linie o żółtym zabarwieniu okrywy owocowo-nasiennej, które stanowiąc komponent męczny w programach krzyżowań pozwalają na uzyskanie mieszańców żyta z wykorzystaniem ksenii (Bujak i in., 1996; 2000; Grochowski i in. 1996a, 1996b; Kaczmarek i in., 1996).

Celem niniejszych badań było oszacowanie wartości kombinacyjnych oraz przeprowadzenie analizy interakcji zdolności kombinacyjnych ze środowiskiem dla takich cech, jak: wysokość roślin, plon z poletka, masa 1000 ziaren i masa hektolitra.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 40 mieszańców żyta ozimego. Mieszańce uzyskano ze skrzyżowania 8 cytoplazmatycznie męskosterylnych mieszańców pojedynczych (SC-CMS) z 5 formami ojcowskimi, którymi były najlepsze żółtoziarniste linie hodowli smolickiej (70617, 70620, 70621, 71685, 71687).

W latach 1999/2000 i 2000/2001 zostały przeprowadzone doświadczenia polowe założone metodą kraty kwadratowej w 4 powtórzeniach w 5 środowiskach glebowo-klimatycznych. Środowisko oznacza doświadczenie założone w jednym roku w danej miejscowości. Rośliny wysiano punktowo w rozstawie 5 x 20 cm na mikropoletkach o powierzchni 1 m². Wykonano pomiary: wysokości roślin (cm), plonu z poletka (kg/poletko), masy 1000 ziaren (g) i masy hektolitra (kg).

W celu stwierdzenia istotności różnic między środowiskami, genotypami i interakcji środowisk z miejscowościami przeprowadzono analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych. Po odrzuceniu hipotezy o zerowych efektach genotypów i ich interakcji ze środowiskami zastosowano analizę zdolności kombinacyjnych. Oszacowano efekty ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) form męskich i ojcowskich, swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) mieszańców oraz ich interakcje ze środowiskami. Poszczególne składniki w analizie wariancji testowano średnim kwadratem błędów. Do wykazania istotności efektów ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej wykorzystano test Studenta.

WYNIKI

Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych mieszańców oraz zróżnicowanie środowiska dla wszystkich cech (tab. 1). Interakcja genotypowo-środowiskowa

wystąpiła jedynie dla masy hektolitra, natomiast dla pozostałych cech była nieistotna. Świadczy to o stabilności tych cech u badanych mieszańców żyta, które mimo wyraźnie różnych warunków środowiskowych reagowały podobnie. Wystąpiły również istotne średnie kwadraty powtórzenia w środowiskach dla wszystkich cech.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności z analizy wariancji dla badanych cech
Mean squares for the analysed traits

Zmienność Variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares			
		Wysokość roślin Plant height	Plon g/pol. Grain yield/plot	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight	Masa hektolitra Test weight
Środowiska Environments	4	27176,50*	1398648,00*	5706,84*	147,75*
Powtórzenia × środowiska Replication in environments	15	1858,80*	68979,21*	49,35*	2,14*
Genotypy Genotypes	39	1626,36*	16999,39*	54,23*	15,51*
Genotypy × środowiska Genotypes × environments	156	1417,52	12053,95	6,36	3,38*
Błąd Error	585	1318,18	11772,01	6,60	1,82

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Wyniki analizy wariancji dały podstawę do określenia efektów ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej oraz ich interakcji ze środowiskiem dla masy hektolitra, dla której to cechy stwierdzono istotność interakcji genotypów ze środowiskiem. Tabela 2 przedstawia średnie kwadraty zmienności ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) form matecznych i ojcowskich, swoistej wartości kombinacyjnej mieszańców (SCA) oraz interakcji GCA i SCA ze środowiskiem.

Wyniki tej tabeli wskazują na występowanie istotności zróżnicowania form matecznych pod względem ogólnej wartości kombinacyjnej dla plonu ziarna z poletka, masy 100 ziaren i masy hektolitra, dla form ojcowskich dla wszystkich badanych cech oraz swoistej wartości kombinacyjnej dla masy 1000 ziaren i masy hektolitra. Dla masy hektolitra stwierdzono również istotną interakcję zarówno GCA form matecznych i ojcowskich, jak i SCA mieszańców ze środowiskiem. Porównując średnie kwadraty dla ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej można stwierdzić addytywny sposób działania genów dla wysokości roślin i plonu ziarna z poletka oraz przewagę addytywnych nad nieaddytywnymi formami działania genów dla masy 1000 ziaren i masy hektolitra.

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej form matecznych i testerów dla analizowanych cech przedstawiono w tabeli 3. Analizując oszacowane efekty GCA dla wysokości roślin żaden z użytych testerów w istotny sposób nie obniżał u potomstwa długości źdźbła, a linia 71685 nawet go wydłużała. Spośród badanych mieszańców pojedynczych (SC-CMS) użytych jako formy mateczne w programie krzyżowań na uwagę zasługuje mieszaniec

(5491 × 2130), który w mieszańcach produkcyjnych powoduje istotny wzrost plonu z poletka oraz podwyższa masę 1000 ziaren.

Tabela 2

Średnie kwadraty zmienności dla zdolności kombinacyjnych oraz ich interakcji ze środowiskiem

Mean squares for combining ability and their interaction with environments

Zmienność Variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares			
		wysokość roślin plant height	plon g/pol. grain yield/plot	masa 1000 ziaren 1000 grains weight	masa hektolitra test weight
GCA matek GCA female	9	1777,86	34816,00*	102,11*	19,79*
GCA ojców GCA male	3	3813,25*	36808,00*	270,75*	92,06*
SCA	27	1276,00	9715,42	11,33*	3,50*
GCA matek × środowiska GCA female × environments	36	1244,89	14041,14	8,66	4,20*
GCA ojców × środowiska GCA male × environments	12	1522,56	13082,00	6,70	7,19*
SCA × środowiska SCA × environments	108	1306,38	11410,29	5,76	2,61*
Błąd Error	585	1318,18	11772,01	6,60	1,82

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Tabela 3

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) form matecznych i testerów

Effects of general combining ability (GCA) of the mother forms and testers

Wyszczególnienie Item	Wysokość roślin Plant height	Plon g/pol. Grain yield/plot	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight	Masa hektolitra Test weight
Formy mateczne Mother forms				
(430 × 2130)		23,10*	0,76*	-0,13
(130 × 463)		-27,15*	-0,15	-0,59*
(5491 × 2130)		24,89*	0,62*	0,30
(130 × 2130)		4,22	1,76*	0,68*
(130 × 5491)		-0,08	-0,56*	0,25
(463 × 5491)		3,48	-1,45*	-1,07*
(2683 × 482)		-21,62*	-0,21	0,30
(482 × 4475)		-6,84	-0,77*	0,26
Testery Testers				
70617	-1,35	3,71	-1,06*	1,15*
70620	-2,97	-18,78*	-1,62	0,98**
70621	-0,41	22,67*	0,34	-0,65*
71685	8,42*	-5,92	1,56	-0,70
71687	-3,68	-1,68	0,74*	-0,78*

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Na uwagę zasługuje również mieszaniec (130 × 2130), który u potomstwa podwyższa masę 1000 ziaren i masę hektolitra. Spośród linii żółtoziarnistych użytych jako formy ojcowskie w programie krzyżowań na uwagę zasługuje linia 70621, która użyta w programach hodowlanych podwyższa plon ziarna. Linia 71687 w istotny sposób wpływa u potomstwa na wzrost masy 1000 ziaren, a linie 70617 i 7620 podwyższają u potomstwa masę hektolitra. Analiza efektów SCA (tab. 4) pozwoliła na wybranie pojedynczych mieszańców które charakteryzowały się podwyższoną masą 1000 ziaren lub masą hektolitra. Dla każdej z tych cech stwierdzono jedynie po cztery takie mieszańce.

Tabela 4

Efekty swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) mieszańców Effects of specific combining ability (SCA) of hybrids							
Formy mateczne Mother forms	Testery Testers	Cecha Trait	70617	70620	70621	71685	71687
(430 × 2130)		A	-0,33	-0,11	0,18	-0,24	0,50
		B	0,01	0,21	-0,10	-0,06	-0,05
(130 × 463)		A	-0,55	0,45	-0,17	0,87	-0,61
		B	0,75*	0,47	0,10	-0,44	-0,88*
(5491 × 2130)		A	0,43	0,30	0,43	0,15	-1,31*
		B	-0,73*	-0,20	0,30	0,13	0,51
(130 × 2130)		A	0,21	-0,20	0,03	-0,71	0,67
		B	-0,25	-0,51	0,64*	-0,14	0,26
(130 × 5491)		A	1,33*	-0,56	0,16	-0,03	-0,90
		B	-0,51	-0,12	-0,06	0,21	0,49
(463 × 5491)		A	-0,75	-0,98*	-0,03	0,59	1,17*
		B	0,68*	0,45	-0,13	-0,06	-0,93*
(2683 × 482)		A	-0,77	1,10*	-0,39	0,42	-0,36
		B	0,01	-0,19	0,45	-0,01	-0,25
(482 × 4475)		A	0,42	-0,01	-0,21	-1,05*	0,84
		B	0,05	-0,10	-1,19*	0,38	0,86*

A — Masa 1000 ziaren; A — 1000 grains weight

B — Masa hektolitra; B — Test weight

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych mieszańców oraz środowisk dla wszystkich badanych cech.
2. Wykazano addytywny sposób działania genów dla wysokości roślin i plonu ziarna z poletka oraz przewagę addytywnych nad nieaddytywnymi formami działania genów dla masy 1000 ziaren i masy hektolitra.
3. Jedynie dla wysokości roślin wystąpiła istotna interakcja zdolności kombinacyjnych (GCA i SCA) ze środowiskiem. U pozostałych cech środowisko nie modyfikuje w istotny sposób zdolności przekazywania cech przez formy rodzicielskie potomstwu.
4. Oceniając formy rodzicielskie pod względem ogólnej zdolności kombinacyjnej, należy wyróżnić mieszańca (5491 × 2130), który użyty w programach hodowlanych podnosi

plon i masę 1000 ziaren. Spośród analizowanych linii żółtoziarnistych żyta użytych jako formy ojcowskie na uwagę zasługuje linia 70621, która powoduje wzrost plonu nie zwiększając przy tym wysokości roślin.

5. Analizując efekty swoistej wartości kombinacyjnej można wybrać mieszańce o poprawionych wartościach masy 1000 ziaren i masy hektolitra.

LITERATURA

- Bujak H., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Grochowski L. 2000. Interakcja genotypowo-środowiskowa żółtoziarnistych linii żyta ozimego. Biul. IHAR 216: 55 — 60.
- Geiger H. H., Schnell F. W. 1970. Cytoplasmic sterility in rye (*Secale cereale* L.). Crop Sci. 10: 590 — 593.
- Geiger H. H., Morgenstern K. 1975. Angewandt-genetische Studien zur Cytoplasmatischen Pollensterilität bei Winterroggen. Theor. Appl. Genet. 46: 269 — 276.
- Geiger H.H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male- and fertility restoration in rye. Vortr. Pflanzenzüchtg. 35: 27 — 38.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1996 a. Genetic variability of rye-xenic-hybrid traits. Acta Soc. Bot. Pol. 65, 3-4: 329 — 333.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1996 b. Genetic analysis of variability and combining ability of rye hybrids cultivars. Plant Breed. Seed Sci. 40, 3/4: 37 — 47.
- Kaczmarek J., Grochowski L., Kadłubiec W., Bujak H. 1996. Genetyczno-hodowlana analiza cech użytkowych ksenicznych mieszańców żyta. Biul. IHAR 198: 53 — 57.
- Kolasińska I. 1996. Pollen fertility restoration in topcross hybrids of winter rye. Vortr. Pflanzenzüchtg. 35: 72 — 74.
- Kolasińska I. 1998. Wpływ genotypu komponentów macecznych na płodność pyłku mieszańców żyta (CMS-S.C. × restorer). Biul. IHAR 205/206: 5 — 13.
- Kolasińska I., Węgrzyn S. 2000. Zdolność kombinacyjna przywracania płodności pyłku mieszańców żyta. Biul. IHAR 216: 95 — 100.
- Madej L., Osiński R., Jagodziński J. 1996. Ocena płodności mieszańców żyta. Biul. IHAR 195/196: 283 — 290.
- Melz G., Adolf K. 1991. Genetic analysis of rye (*Secale cereale* L.) — genetics of male sterility of the G-type. Theor. Appl. Genet. 82: 761 — 764.
- Węgrzyn S., Kolasińska I. 1999. Combining ability of the parental components for hybrid rye breeding. Plant Breeding Seed. Sci. 43, 1: 3 — 11.

MALGORZATA ZAWADA¹HELENA KUBICKA^{1,2}ALICJA KOMAR²¹ Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN, Warszawa² Katedra Technologii Produkcji Rolniczej, Politechnika Białostocka, Białystok

Wzrost siewek wybranych odmian żyta ozimego (*Secale cereale* L.) po traktowaniu jonami glinu

The growth of seedlings of some varieties of winter rye (*Secale cereale* L.) after aluminium treatment

W pracy badano działanie jonów glinu (w stężeniach: 0, 200, 400, 1000 μM) na wzrost korzeni zarodkowych i części nadziemnych pięciu odmian populacyjnych (Motto, Walet, Kier, Dańkowskie Złote, Dańkowskie Nowe) i trzech heterozygnych (Nawid, Luco, Klawo) żyta ozimego (*Secale cereale* L.). Stwierdzono istotne różnice w długości korzeni, w zależności od odmiany i stężenia Al^{3+} . Odmiany heterozygne Luco i Klawo charakteryzowały się największą wrażliwością. Tolerancja na glin była najczęściej związana ze zdolnością do regeneracji systemu korzeniowego. W przypadku części nadziemnych wpływ glinu był znacznie mniejszy. Uzyskane wyniki badań oraz sposób prowadzenia testów hydroponicznych zostaną wykorzystane jako wzorcowe do dalszych doświadczeń nad testowaniem wysoce wsobnych linii żyta tolerancyjnych i wrażliwych na glin.

Słowa kluczowe: glin, odmiana, wrażliwość, żyto ozime

The effects of aluminium (Al) ions, applied at concentrations: 0, 200, 400, 1000 μM on growth of germinal roots and shoots in five population varieties (Motto, Walet, Kier, Dańkowskie Złote, Dańkowskie Nowe) and three hybrid varieties (Nawid, Luco, Klawo) of winter rye were examined. Significant differences in the length of roots, depending on a variety and concentration of Al^{3+} were found. Hybrid varieties Luco and Klawo were characterized by the highest sensitivity to Al^{3+} . The tolerance to aluminium was mostly associated with the ability of plants to regenerate the root system. In the case of shoot growth, the influence of aluminium was much less pronounced. The results obtained in the study as well as the experience in conducting hydroponic tests will be utilized in further experiments with inbred rye lines, both tolerant and sensitive to aluminium.

Key words: aluminium, sensitivity, varieties, winter rye

WSTĘP

Glin jest trzecim po tlenie i krzemie, najbardziej powszechnym w skorupie ziemskiej pierwiastkiem, składnikiem większości skał oraz minerałów pierwotnych i wtórnych (O'Neill, 1998). W glebie tworzy liczne kompleksy mineralne i organiczne, o różnym

stopniu hydratacji, w zależności od pH i składu podłoża (Gorlach i in., 1990). W środowisku kwaśnym (przy pH poniżej 5,0) występuje w formie kationowej, która jest jedyną formą ruchliwą i wtedy jako wolne jony tego pierwiastka może być pobierana przez rośliny, wpływając toksycznie na ich wzrost i rozwój (Foy, 1988). Na skutek wprowadzenia współczesnych technologii, produkujących duże ilości odpadów i ścieków, a także działalności agrotechnicznej i kwaśnych deszczy, dochodzi do coraz silniejszego zakwaszenia gleby. Wysokie dawki nawozów mineralnych, chemicznie lub fizjologicznie kwaśnych, przy braku nawożenia organicznego, dodatkowo intensyfikują ten proces (Anioł, 1985). Jest to przyczyną uruchomienia glinu, a przez to obniżania plonowania roślin uprawianych na glebach kwaśnych. Ma to szczególne znaczenie w naszym kraju, ponieważ blisko 2/3 powierzchni użytków rolnych stanowią gleby kwaśne i bardzo kwaśne (Boguszewski, 1980). Aby rozstrzygnąć ten problem należy wykorzystać jedno z rozwiązań — wapnowanie i hodowlę genotypów roślin tolerujących wysokie stężenia glinu w glebie. Wielu badaczy poszukiwało form tolerancyjnych na glin u roślin zbożowych (Anioł, 1985; Falfus i in., 1992; Stefanowska i Masłowski, 1996; Czembor i Wiewióra, 2001), poprzez jednorazowe testowanie. Nawiązując do tych badań, celem naszej pracy było określenie przyrostu korzeni zarodkowych i części nadziemnych (po 4 dniach) u odmian populacyjnych i heterozyjnych żyta ozimego (*Secale cereale* L.) oraz selekcja fenotypów tolerancyjnych i wrażliwych.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono na pięciu odmianach populacyjnych (Motto, Walet, Kier, Dańkowskie Żłote, Dańkowskie Nowe) i trzech heterozyjnych (Nawid, Luco, Klawo) żyta ozimego (*Secale cereale* L.). Zastosowano test wzrostowy kultur wodnych, opracowany przez Anioła (1981). Wprowadzono modyfikację polegającą na różnych terminach pomiaru korzeni zarodkowych, po zastosowaniu glinu oraz okresu stresu i przeżywalności roślin.

Młode siewki badanych form (po 30 dla każdego genotypu) wykładano na powierzchnię plastikowej siatki, rozpiętej na ramkach z pleksiglasu, utrzymywanych na powierzchni cieczy styropianowymi pływakami tak, aby stykały się one swobodnie z pożywką, którą wypełniona była kuweta. Pożywka płynna, w której umieszczano rośliny zawierała glin w formie $\text{AlKSO}_4 \times 12\text{H}_2\text{O}$. Aluminium zastosowano w koncentracjach 0 (kontrola), 200, 400, 1000 $\mu\text{M}/\text{dm}^3$. Pożywka płynna zawierała: 0,4 mM CaCl_2 ; 0,65 mM KNO_3 ; 0,25 mM $\text{MgCl}_2 \times 6\text{H}_2\text{O}$; 0,01 mM $(\text{NH}_4)\text{SO}_4$, 0,04 mM NH_4NO_3 .

Doświadczenie przeprowadzano w temperaturze 25°C. Codziennie kontrolowano pH pożywek i doprowadzano je (w razie konieczności) do pH 4,0 za pomocą 1M HCl. Po 4 dniach mierzono długość korzenia zarodkowego siewek i powstałego kielka. Odczytywanie wyników ułatwiało barwienie korzeni 0,1% roztworem Eriochrom cyjaniny "R", który to specyficznie wiązał się z glinem absorbowanym przez korzenie w miejscu nagromadzenia. Barwienie korzeni zarodkowych przeprowadzano po 48 godzinach stosowania Al^{3+} . Korzenie, które nagromadziły glin wykazywały charakterystyczne, błękitne zabarwienie. W miarę wzrastającej koncentracji podawanego Al barwa stawała się bardziej

intensywna. Otrzymane wyniki, dla długości korzeni zarodkowych, opracowano za pomocą analizy dwuczynnikowej wariancji, a istotność weryfikowano testem Tukeya.

WYNIKI I DYSKUSJA

Pierwsze objawy toksycznego działania glinu wykazuje strefa korzeniowa (Matsumoto, 1991; Ryan i in., 1992; Delheize i Ryan, 1995), stąd też podstawowym kryterium w ocenie tolerancji był stopień zahamowania wzrostu wierzchołkowych części korzeni zarodkowych, pod wpływem określonego stężenia Al^{3+} w pożywce.

Wykonana dwuczynnikowa analiza wariancji wykazała istotne różnice w długości korzeni, w zależności od odmiany i stężenia Al^{3+} (tab. 1, 2, rys. 1, 2).

Tabela 1

Analiza wariancji dla długości korzeni odmian żyta po 4 dniach
Analysis of variance for the length of roots in varieties in rye after 4 days

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares
Stężenie Al (A) Concentration of Al (A)	3	3009,9**
Odmiany (B) Varieties (B)	7	12059,6**
A × B	21	2311,3**
Błąd Error	288	133,30

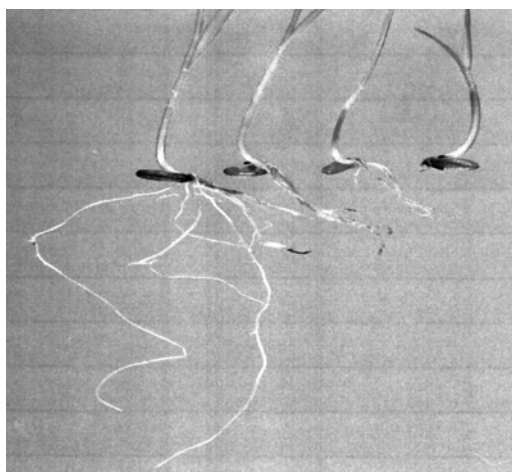
** Wartości istotne przy $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

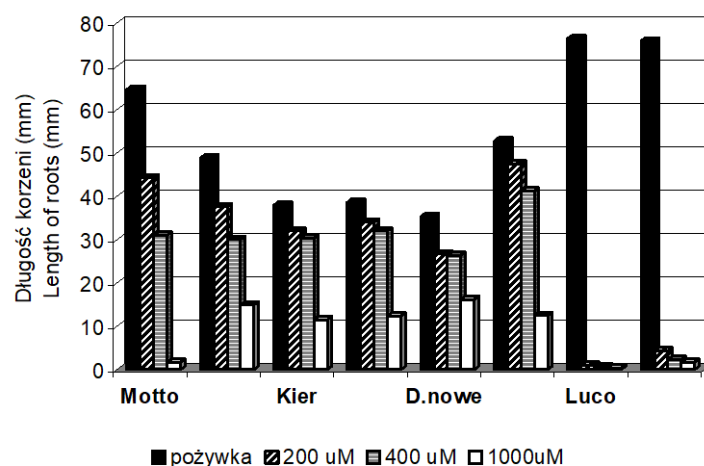
Tabela 2

Średnie długości korzeni (mm) dla odmian żyta
Mean length of roots in rye varieties

Odmiany Varieties	Pomiar po 4 dniach Measurement after 4 days			
	stężenie Al^{3+} concentration of Al^{3+}			
	kontrola control	200 μ M	400 μ M	1000 μ M
Populacyjne Population				
Motto	64,68	44,25	31,02	1,65
Walec	48,82	37,62	30,03	14,91
Kier	37,95	32,01	30,36	11,55
Dańkowskie Złote	38,61	34,02	32,01	12,33
Dańkowskie Nowe	35,31	26,73	26,43	16,20
Heterozyjne Hybrid				
Nawid	52,80	47,52	41,25	12,54
Luco	76,42	0,99	0,66	0,33
Klawo	75,9	4,29	2,31	1,65



Rys. 1. Zahamowanie wzrostu korzeni pod wpływem określonego stężenia glinu. Kontrola (0), 200 μ M Al., 400 μ M Al., 1000 μ M Al
Fig. 1. Stoppage of the growth of roots under the influence of a defined concentration of aluminium. Control (0), 200 μ M Al., 400 μ M Al., 1000 μ M Al

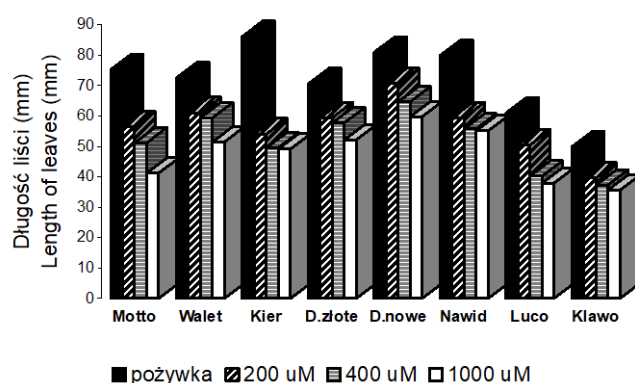


Rys. 2. Średnia długość korzeni odmian — pomiar po 4 dniach
Fig. 2. Mean length of roots in varieties of rye — measurement after 4 days

Spośród wszystkich badanych odmian, najbardziej tolerancyjną była Nawid, zaś najbardziej wrażliwe: Luco i Klawo. Obserwowano różnice w reakcji na glin w zależności od ośrodka, w którym wyhodowano daną odmianę. Odmiany hodowli „DANKO” (Motto, Walet, Kier, Dańkowskie Żłote, Dańkowskie Nowe, Nawid), charakteryzowały się większą odpornością na działanie glinu, niż odmiany heterozyjne (Luco i Klawo) — pochodzące z IHAR.

Odmiany heterozyjne żyta uprawiane są na coraz większym areale, przykładowo w Niemczech, zajmują powierzchnię ponad 80%. W Polsce także zwiększa się powierzchnia pod uprawę tego typu odmian. Celowym było porównanie reakcji na glin wybranych odmian populacyjnych i heterozyjnych żyta (tab. 2). Zaobserwowano, że glin hamował wzrost elongacyjny korzeni w stężeniu 200 μM i powyżej. Rośliny badanych odmian, rosnące w roztworze glinu w stężeniach 200–1000 μM , zamierały po 20 dniach obserwacji, niezależnie od zastosowanej dawki Al. Stwierdzono także, że rośliny żyta wykazywały zdolność do wytwarzania nowych korzonków zarodkowych, które były zwykle krótsze. Zaobserwowano również znaczne zróżnicowanie w wielkości systemu korzeniowego u odmian. Do dalszej selekcji wybrano fenotypy mające najslabiej i najlepiej rozwinięty system korzeniowy. Osobniki te pochodziły z odmian Nawid, Luco i Klawo. Analogicznie, jak w badaniach Aniōła (1985) i Wiewióry (2001), w każdej populacji obserwowano pewien procent osobników wrażliwych i tolerancyjnych na jony Al. Ma to duże znaczenie w hodowli mieszańcowej odmian żyta, gdzie najistotniejsza jest tolerancyjność osobnicza komponentów wybranych do krzyżowań.

W przypadku części nadziemnych, glin w mniejszym stopniu powodował zahamowanie wzrostu, ale jednocześnie uwidoczniły się różnice w długości liści, w określonych stężeniach Al^{3+} (rys. 3, tab. 3).



Rys. 3. Średnia długość liści odmian żyta — pomiar po 4 dniach
Fig. 3. Mean length of leaves in varieties of rye — measurement after 4 days

Podobnie, jak w przypadku długości korzeni, odmiany heterozyjne Luco i Klawo odznaczały się najwyższą wrażliwością na działanie tego pierwiastka. W literaturze znajduje się niewiele informacji na temat działania glinu na części nadziemne, ponieważ jego toksyczne symptomy pojawiają się znacznie później (u brzoskwini po 27 dniach) (Borkowska, 1988). W naszym doświadczeniu wykazano, że w przypadku odmian żyta był to okres 20 dni.

Uzyskane wyniki badań pozwoliły określić przyrost korzeni zarodkowych i części nadziemnych u odmian żyta ozimego, po traktowaniu Al^{3+} .

Tabela 3

Średnie długości liści (mm) dla odmian żyta
Mean length of leaves in rye varieties

Odmiany Varieties	Pomiar po 4 dniach Measurement after 4 days			
	stężenie Al ³⁺ concentration Al ³⁺			
	kontrola control	200μM	400μM	1000μM
Populacyjne Population				
Motto	75,24	56,43	51,15	41,24
Walet	72,60	61,05	59,40	51,48
Kier	86,13	54,12	49,50	49,17
Dańkowskie Złote	70,62	59,40	57,75	52,14
Dańkowskie Nowe	80,90	70,62	64,88	59,73
Heterozyjne Hybrid				
Nawid	79,86	59,44	55,77	55,11
Luco	61,03	50,49	40,26	37,95
Klawo	49,83	39,60	37,29	35,64

WNIOSKI

1. Glin hamował wzrost korzeni zarodkowych i części nadziemnych w stężeniu 200μM i powyżej.
2. Badane odmiany żyta różnie reagowały na zastosowane dawki Al. Stwierdzono istotne różnice, we wrażliwości na glin, odmian populacyjnych i heterozyjnych. Odmiany populacyjne odznaczały się wyższą tolerancją na ten pierwiastek. Rośliny badanych odmian zamierały po 20 dniach obserwacji, niezależnie od koncentracji zastosowanego w pożywce glinu.
3. Odmiany żyta ozimego potraktowane związkiem glinu, w formie AlKSO₄ × 12H₂O, wykazywały zdolność do wytwarzania nowych korzonków zarodkowych, które zwykle były krótsze.
4. Silniej rozwinięty system korzeniowy, u niektórych roślin, skorelowany był z cechą tolerancyjności na glin.

LITERATURA

- Anioł A. 1981. Metody określania tolerancyjności zbóż na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR 143: 3 — 14.
- Anioł A. 1985. Podstawy hodowli roślin odpornych na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR 156: 185 — 194.
- Boguszewski W. 1980. Wapnowanie gleb. PWRiL, Warszawa.
- Borkowska B. 1988. Toksyczność glinu (Al). Wiad. Bot. 32/3: 157 — 166.
- Czembor H., Wiewióra M. 2001. Dziedziczenie tolerancji na toksyczne działanie glinu u wybranych odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 220: 45 — 51.
- Delhaize E., Ryan P. R. 1995. Aluminium toxicity and tolerance in plants. Plant Physiology, 107: 315 — 321.

- Falfus F., Madej L., Anioł A. 1992. Tolerancja linii wsobnych żyta i mieszańców żyta na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR, 183: 135 — 140.
- Foy C. D. 1988. Plant adaptation to acid, aluminium-toxic soils. Commun. Soil Sci. Plant Anal. 19: 959 — 987.
- Gallego F. J., Benito C. 1997. Genetic control of aluminium tolerance in rye (*Secale cereale* L.). Theor Appl Genet. 95: 393 — 399.
- Gorlach E. (red.). 1990. Metodyczne wskazówki do ćwiczeń z chemii rolnej. Pr. zbior. AR Kraków: 30 — 33.
- Matsumoto H. 1991. Biochemical mechanism of the toxicity of aluminium and the sequestration of aluminium in plant cells. In: Plant-soil interactions at low pH. R. J. Wright *et al.* (eds.), Kluwer Acad. Publ., Dordrecht: 825 — 838.
- O'Neill P. 1998. Chemia środowiska. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa — Wrocław.
- Ryan P., Shaff J., Kochian L. 1992. Aluminium toxicity in roots. Plant Physiology, 99: 1193 — 1200.
- Stefanowska G., Masłowski J. 1996. Tolerancja siewek mieszańców *Triticum* z *Aegilops ventricosa* i *Aegilops juvenalis* na toksyczne działanie jonów glinu (Al^{3+}). Biul. IHAR 197: 29 — 34.
- Wiewióra M. 1998. Tolerancja form pszenicy jarej z kolekcji Banku Genów Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin na toksyczne działanie jonów glinu. Biul. IHAR 208: 61 — 66.
- Wiewióra M. 2001. Tolerancja polskich odmian pszenicy ozimej na toksyczne działanie glinu. Biul. IHAR 218/219: 169 — 177.

DOROTA DEC¹**HELENA KUBICKA**^{1,2}**MARLENA KOPROWICZ**¹¹ Katedra Podstaw Produkcji Rolniczej, Politechnika Białostocka² Ogród Botaniczny — CZRB PAN, Warszawa

Wpływ zasolenia na kiełkowanie i wzrost siewek linii wsobnych żyta ozimego Komunikat

**The influence of salinity on germination and growth of seedlings of winter rye
inbred lines**

Short communication

W pracy badano wpływ chlorku sodu w dwóch stężeniach: 150 i 200 mM·dm⁻³ na kiełkowanie i wzrost młodych siewek ośmiu linii wsobnych, pokolenia S₂₀ (L7, L74D, L337, L480, 23/54/57, L482, L233 i 3/25) żyta ozimego (*Secale cereale* L.), wyselekcjonowanych z różnych odmian i rodów uprawnych. Analizowane linie wsobne odmiennie zareagowały na traktowanie NaCl. Zastosowane stężenia chlorku sodu powodowały obniżenie zdolności kiełkowania, wolniejszy przyrost długości kielka i korzeni zarodkowych oraz ich liczby w stosunku do kontroli. Po 4 dniach obserwacji stwierdzono niewielki wzrost elongacyjny korzeni i kielka u większości linii wsobnych traktowanych NaCl z wyjątkiem linii: 23/54/57 i L7. Większe różnice w długości korzeni i kielka pomiędzy liniami, po działaniu NaCl, zaobserwowano po 7 dniach. W tym stadium najbardziej tolerancyjne były linie wsobne: L7, L74D, L480 i L337. Linie wsobne tolerancyjne i wrażliwe na zasolenie zostaną przeanalizowane pod względem genetycznym.

Słowa kluczowe: linie wsobne, tolerancja, zasolenie, żyto ozime

The influence of NaCl applied in two concentrations: 150 and 200 mM·dm⁻³ on germination and growth of winter rye (*Secale cereale* L.) seedlings of eight lines (L7, L74D, L337, L480, 23/54/57, L482, L233 and 3/25) within S₂₀ generation was investigated. The lines had been selected from various cultivated varieties. The analyzed inbred lines varied in their reaction to NaCl treatment. In general, NaCl lowered the ability of plants to germinate, inhibited the elongation of the shoot and roots and reduced a number of roots, as compared with a control variant. Four days after treatment a strong effect of NaCl was observed in 6 lines, whereas the reaction of lines 23/54/57 and L7 was weaker. Seven days after treatment, the differences between the lines in the length of roots and shoots were much more pronounced. At this stage of plant growth, a reaction of tolerance to NaCl in lines L7, L74D, L480 and L337 was observed. Selected inbred lines showing the tolerance or sensitivity to salinity will be analyzed at a molecular level to determine their genetic background.

Key words: inbred lines, salinity, *Secale cereale* L., tolerance

WSTĘP

Niekorzystne warunki środowiska wpływają na zahamowanie wzrostu i rozwoju roślin. Należą do nich wysoka i niska temperatura, nadmiar i niedobór wody, promieniowanie, substancje chemiczne, szkodniki i choroby oraz chwasty (Bilski, 1988; Gwóźdź, 1996). Powodują one zmiany w fenotypie roślin, a niekiedy prowadzą do ich śmierci (Kacperska, 1991; Starck i in., 1995; Misztalski i Kępa, 1999).

Jednym z czynników stresowych o charakterze chemicznym jest zwiększenie zasolenia gleby. Problem ten dotyczy głównie roślin zbożowych, gdyż zajmują one ponad połowę powierzchni gruntów uprawnych na świecie, a także w Polsce (Brzostowicz i Musiał, 1999). Dlatego też na całym świecie poszukiwane są rośliny, które tolerowałyby podwyższoną zawartość soli w glebie.

Zainteresowanie tym problemem wzrasta w ostatnich latach ze względów praktycznych. Przyczyną koncentrowania uwagi na tych organizmach jest możliwość ich zastosowania w warunkach panujących na obszarach charakteryzujących się niskimi opadami o wysokim poziomie wód gruntowych (tereny depresyjne, bezodpływowe), na obszarach nadmorskich, niektórych terenach pustynnych, terenach przenawożonych w wyniku nie zrównoważonych zabiegów rolniczych, terenach pokopalnianych, uprzemysłowionych, zasolonych terenach przydrożnych (w wyniku solenia dróg w celu ochrony ich przed zamarzaniem zimą).

Celem niniejszej pracy było poszukiwanie linii wsobnych żyta tolerancyjnych i wrażliwych na zasolenie chlorkiem sodu.

MATERIAŁY I METODY

Badania przeprowadzono na 8 liniach wsobnych (L7, L74/D, L337, L480, 23/54/57, L482, L233, 3/25) żyta ozimego (*Secale cereale* L.), wyselekcjonowanych z różnych odmian uprawnych i rodów hodowlanych, zróżnicowanych morfologicznie pokolenia S₂₀ i traktowano dwoma stężeniami NaCl: 150 i 200 mM·dm⁻³. W pracy zastosowano dwa stężenia i dla każdej linii kontrolę, opierając się na wynikach badań nad wpływem NaCl na wzrost pszenicy jarej (Sadat Noori i McNeilly, 2000) i wybranych odmian roślin zbożowych, w tym żyta (Kubicka i Dec, 2001). Wysterylizowane i podkiełkowane nasiona, wykładano do kuwet z odpowiednim stężeniem soli i kontroli z wodą destylowaną. Na 30 siewkach każdej kombinacji, wykonano pomiary długości kielka i korzeni zarodkowych oraz określono ich liczbę po 4 i 7 dniach. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie za pomocą analizy wariancji, a istotność różnic weryfikowano testem Tukeya przy $\alpha = 0,05$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Badane linie wsobne różnie zareagowały na działanie NaCl. Różnice między liniami (tab. 1, rys. 1 i 2) zaznaczyły się również w tempie wzrostu korzeni zarodkowych i części nadziemnych roślin po 4 i 7 dniach obserwacji — kontrola. Po 4 dniach obserwacji stwierdzono niewielki wzrost elongacyjny korzeni, a także zauważono różnice pomiędzy

liniami w reakcji na sól. Najszybszy wzrost korzeni zarodkowych obserwowano u linii L7 i 23/54/57 w kombinacji kontrolnej. W stężeniu 150 mM stwierdzono obniżenie długości korzeni u wszystkich linii i znaczną redukcję w dawce 200 mM NaCl. Większe różnice w długości korzeni po traktowaniu NaCl w stosunku do kontroli zanotowano po 7 dniach. Najwyższe tempo wzrostu korzeni zarodkowych zaobserwowano u linii 23/54/57 we wszystkich kombinacjach, zaś najniższe u linii L233 (tab. 1, rys. 1).

Tabela 1

Średnia długości korzeni dla poszczególnych linii wsobnych żyta
The mean length of roots for inbred lines of rye

Linie wsobne Inbred lines	Pomiar po 4 dniach Measurement after 4 days			Pomiar po 7 dniach Measurement after 7 days		
	kontrola control	stężenie concentration		kontrola control	stężenie concentration	
		150 mM·dm ⁻³	200 mM·dm ⁻³		150 mM·dm ⁻³	200 mM·dm ⁻³
L7	3,30	1,71	1,16	5,94	3,62	2,52
L74/D	1,96	0,74	0,40	5,89	3,80	2,36
L337	1,78	0,92	0,67	6,10	3,78	2,94
L480	1,84	0,75	0,54	7,34	4,08	2,50
23/54/57	2,58	1,85	0,84	4,69	2,21	1,36
L482	1,76	1,24	0,32	4,24	2,18	1,33
L233	1,68	0,77	0,24	2,25	1,62	0,83
3/25	1,93	1,30	0,52	2,55	1,84	0,98

NIR_(0,05)- dla terminu pomiaru (A) = 0,126; LSD_(0,05)- for measurement date (A) = 0.126

NIR_(0,05)- dla stężenia NaCl (B) = 0,184; LSD_(0,05)- for concentration of NaCl (B) = 0.184

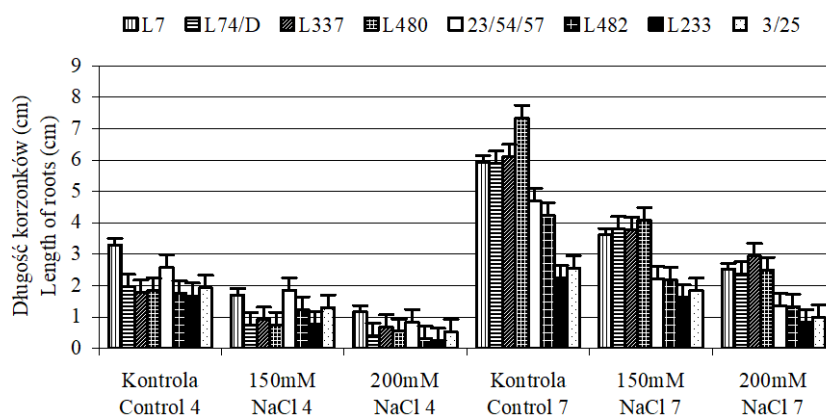
NIR_(0,05)- dla linii wsobnych (C) = 0,391; LSD_(0,05)- for inbred lines (C) = 0.391

NIR_(0,05)- dla A × B = 0,318; LSD_(0,05)- for A × B = 0.318

NIR_(0,05)- dla A × C = 0,625; LSD_(0,05)- for A × C = 0.625

NIR_(0,05)- dla B × C = 0,791; LSD_(0,05)- for B × C = 0.791

NIR_(0,05)- dla A × B × C = 1,118; LSD_(0,05)- for A × B × C = 1.118



Rys. 1. Wpływ NaCl na długość korzeni siewek linii wsobnych żyta
Fig. 1. The influence of NaCl on length of roots in seedlings of inbred lines of rye

Przeprowadzona trójczynnikowa analiza wariancji dla długości korzeni zarodkowych wykazała, że na przyrost korzeni mają istotny wpływ wszystkie czynniki, a mianowicie: linie, stężenia NaCl i termin obserwacji (tab. 2).

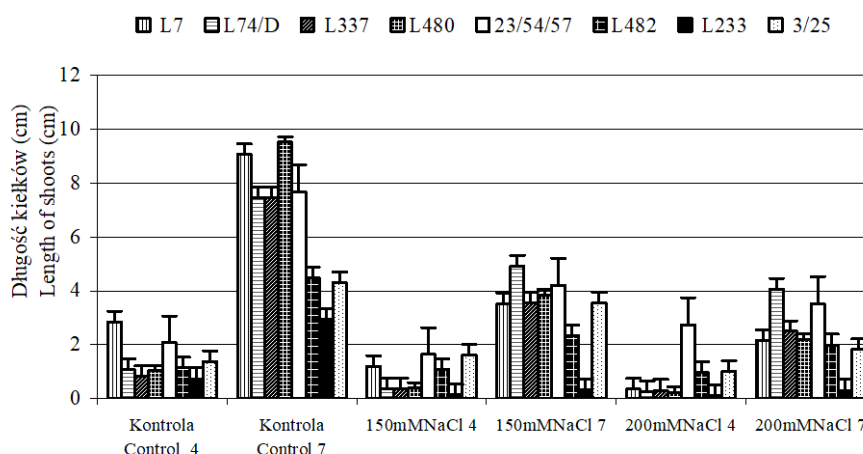
Tabela 2

Analiza wariancji długości korzeni linii wsobnych żyta
Analysis of variance for length of roots in inbred lines of rye

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares
Termin pomiaru(A) Measurement date (A)	1	262,049**
Stężenie NaCl (B) Concentration of NaCl (B)	2	4,990**
A × B	2	14,172**
Linie wsobne (C) Inbred lines (C)	7	10,637**
A × C	7	6,408**
B × C	14	46,583**
A × B × C	14	17,683**
Błąd Error	432	0,498

** Wartości istotne przy $\alpha = 0,05$

** Significant at $\alpha = 0,05$

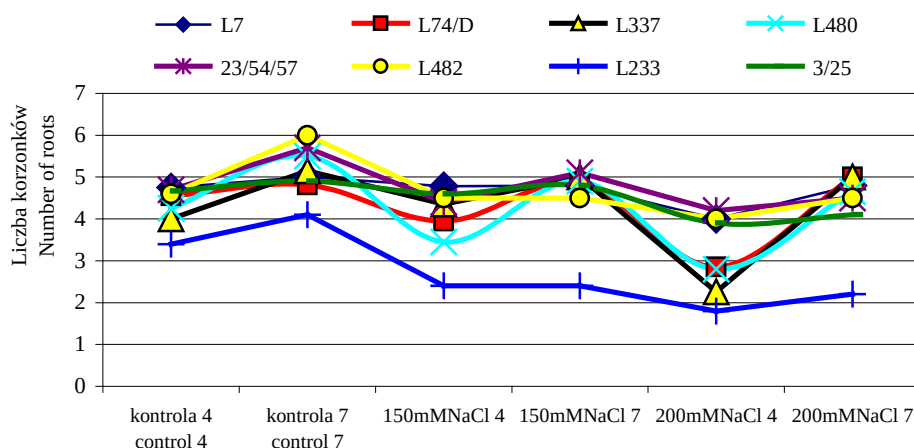


Rys. 2. Wpływ NaCl na długość kielków siewek linii wsobnych żyta
Fig. 2. The influence of NaCl on length of shoots in seedlings of inbred lines of rye

W przypadku długości części nadziemnych po 4 i 7 dniach najmniejszy przyrost stwierdzono u linii L233 zarówno w kombinacji kontrolnej, jak i po działaniu NaCl w obu stężeniach. Po 4 dniach obserwacji niskim tempem wzrostu części nadziemnych w kontroli i dla stężenia 150 mM NaCl, charakteryzowały się następujące linie: L74D, L480 i L337, natomiast najwyższy wzrost kielka stwierdzono u linii 23/54/57 we wszystkich

kombinacjach. W drugim terminie obserwacji (po 7 dniach) we wszystkich kombinacjach, najwyższy wzrost kielka odnotowano u linii L74D. Zróżnicowane tempo wzrostu korzeni zarodkowych u linii żyta w zależności od fazy rozwojowej rośliny, może być związany z odmienną ich reakcją na zasolenie. Znajduje to potwierdzenie w pracy Noble (1985), który badał wpływ soli na reakcję żyta gatunku *Secale montanum* w zależności od stadium rozwoju. Wykazał on, że gatunek ten jest mniej wrażliwy na sól w fazie kiełkowania i bardzo wrażliwy w stadium siewek.

Na rysunku 3 przedstawiono wpływ dawek soli na liczbę wytworzonych korzeni zarodkowych u linii wsobnych. Linia L233 charakteryzowała się najmniejszą liczbą korzeni w obu stężeniach NaCl. Pozostałe linie miały prawie jednakową ich liczbę przy obu stężeniach soli. Podobne nieznaczne zróżnicowanie liczby korzeni po działaniu soli obserwowali Sacała i wsp. (1999) u ogórka i kukurydzy.



Rys. 3. Wpływ NaCl na liczbę korzeni siewek linii wsobnych żyta
Fig. 3. The influence of NaCl on a number of roots in inbred lines of rye

Wzrost siewek linii wsobnych żyta znacznie obniżył się pod wpływem działania zasolenia. Reakcja badanych linii na zastosowane stężenia NaCl była niejednakowa. Dzięki temu możliwe było wyselekcjonowanie linii wsobnych o skrajnych fenotypach: tolerancyjnym oraz wrażliwym, które zostaną użyte do ustalenia podłoża genetycznego na poziomie molekularnym DNA.

WNIOSKI

1. Wzrost stężenia chlorku sodu powodował obniżenie zdolności kiełkowania ziarniaków linii wsobnych żyta.
2. Po 4 dniach obserwacji długość korzeni zarodkowych i kielka u linii, różniła się nieznacznie przy obu zastosowanych stężeniach.

3. Znaczne różnice długości korzeni i części nadziemnych u linii wsobnych zaznaczyły się po 7 dniach obserwacji.
4. Liczba korzeni u badanych linii była prawie na jednakowym poziomie, z wyjątkiem linii L233.

LITERATURA

- Bilski J. 1988. Reakcja roślin na stresy mineralne powodowane zakwaszeniem i zasoleniem środowiska. Część IV. Wpływ NaCl i Na₂SO₄ na wzrost i skład chemiczny siewek jęczmienia, pszenicy i owsa. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin 165: 75 — 83.
- Brzostowicz A., Musiał M. 1999. Wpływ NaCl na wzrost i mrozoodporność siewek pszenicy odmiany Gama. Zesz. Probl. Nauk Rol., z. 469: 371 — 380.
- Gwóźdź E. A. Molekularne podstawy odpowiedzi roślin na stresy środowiskowe. W: Nowe tendencje w biologii molekularnej i inżynierii genetycznej oraz medycynie. Wyd. Sorus, Warszawa, t. 2: 469 — 493.
- Kacperska A. 1991. Odporność roślin na stresowe, abiotyczne czynniki środowiska i metody jej oceny. Post. Nauk. Rol., z. 1/2: 21 — 32.
- Kubicka H., Dec D. 2001. The influence of salinity on germination of seeds and growth of seedlings of cereals. Obieg pierwiastków w przyrodzie, monografia t. 1: 237 — 242.
- Misztalski Z., Kępa E. 1999. Wpływ stresu solnego i natężenia oświetlenia na indukcję metabolizmu typu CAM. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol., z. 469: 49 — 54.
- Noble C.J. 1985. Germination and growth of *Secale montanum* Guss in presence of sodium chloride. Austr. J. Agric. Res., t. 36: 385 — 395.
- Sadat Noori S. A., McNeilly T. 2000. Assessment of variability in salt tolerance based on seedling growth in *Triticum durum* Desf. Genetic Resources and Crop Evolution, 47: 285 — 291.
- Śałačka E., Demczuk A., Grzyś E. 1999. Fitotoksyczność herbicydu Roundap w warunkach zasolenia. Zesz. Probl. Post. Nauk Roln. z. 469: 473 — 480.
- Starck Z., Chołuj D., Niemyska B. 1995. Fizjologiczne reakcje roślin na niekorzystne czynniki środowiska. Wyd. SGGW, Warszawa: 167 s.

RENATA GALEK

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Analiza zmienności cech struktury plonu w kolekcji żyta jarego

Analysis of variation of yield structure traits in spring rye collection

Materiał badawczy stanowiło 20 form żyta jarego. Doświadczenia polowe założono metodą losowanych bloków w czterech powtórzeniach, w dwóch miejscowościach w roku 1997. Oceniono krzewistość ogólną, wysokość roślin, wyleganie roślin, długość kłosa, liczbę pięterek, zbitość kłosa, masę 1000 ziaren, masę hektolitra oraz plon. Obliczono współczynniki zmienności oraz korelacji między analizowanymi cechami struktury plonu. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie środowisk dla wszystkich badanych cech, z wyjątkiem długości kłosa. Stwierdzono również istotne zróżnicowanie badanych genotypów żyta jarego dla większości cech, oprócz krzewistości ogólnej i zbitości kłosa. Dla liczby pięterek, zbitości kłosa, masy tysiąca ziaren oraz masy hektolitra wystąpiła również istotna interakcja genotypowo-środowiskowa. Na podstawie współczynników korelacji stwierdzono istotną dodatnią zależność między: plonem a wysokością roślin i masą hektolitra; masą hektolitra a liczbą pięterek i zbitością kłosa; masą tysiąca nasion a wysokością roślin i wyleganiem; liczbą pięterek a długością kłosa. Natomiast ujemną zależność wykazano między: plonem a wyleganiem, masą hektolitra a wysokością roślin; masą tysiąca nasion a liczbą kłosów, liczbą pięterek i zbitością kłosa; wyleganiem a wysokością roślin.

Słowa kluczowe: żyto jare, cechy struktury plonu, ocena zmienności

The plant material consisted of 20 spring rye cultivars. The field experiments were carried out at two locations in 1997 using a randomized complete block design with four replications. Tillering, plant height, plant lodging, spike length, number of fleurs, spike density, 1000 grain weight, hectolitre weight and grain yield per plant were evaluated. Coefficients of variability and correlation between the characters were determined. The results of variance analysis showed the significant effects of the environments upon all investigated traits with the exception of spike length. Moreover, significant differences between the cultivars were observed for all characters, except a number of spikes and spike density. Genotype $\times$ environment interaction was significant for a number of fleurs, spike density, 1000 grain weight and hectolitre weight. Significant and positive associations were found between the following estimates: a grain yield and both plant height and hectolitre weight; hectolitre weight and both a number of fleurs and spike density; 1000 grain weight and both plant height and plant lodging; a number of fleurs and spike length. Negative correlations were found for grain yield plant lodging, hectolitre weight and plant height, 1000 grain weight and a number of spikes, a number of fleurs and spike density and plant lodging, and plant height.

Key words: spring rye, yield structure traits, evaluation of variability

WSTĘP

Duży udział gleb lekkich i zakwaszonych w Polsce sprzyja utrwalaniu się wysokiego udziału żyta ozimego w uprawie. W ostatnich latach obserwuje się również zainteresowanie rolników materiałem siewnym żyta jarego z uwagi na to, iż stanowi roślinę alternatywną w stosunku do innych zbóż. Może mieć znaczenie jako roślina fitosanitarna z racji upraszczanych zmianowań, szczególnie w uprawach zagrożonych pleśnią śniegową. Charakteryzuje się ono małymi wymaganiami glebowymi, termicznymi i wodnymi oraz posiada wysoką odporność na toksyczne działanie jonów glinu (Grochowski, Galek, 1997). Jak wynika z danych literaturowych wykorzystuje się je w USA i Kanadzie do rekultywacji gleb zdegradowanych (Reiman-Philipp, 1986; Fortin, Hamil, 1994). Zapotrzebowanie na uprawę żyta jarego wynika również z poszukiwania rośliny podporowej w mieszankach z roślinami motylkowymi.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 20 populacji żyta jarego pochodzących z różnych warunków geograficzno-klimatycznych. Pochodzenie badanych genotypów żyta jarego podano w tabeli 2 a. Doświadczenia założono w 1997 roku w dwóch miejscowościach (Smolice, Wrocław), metodą losowanych bloków w 4 powtórzeniach, stosując siew punktowy, w rozstawie 20 x 5 cm na poletkach o powierzchni 1 m². Pod koniec wegetacji przeprowadzono ocenę wylegania według 9-stopniowej skali polecanej przez COBORU. Nota 9 — oznacza najkorzystniejszy stan roślin, zaś nota 1 — rolniczo najgorszy. Odnotowano również liczbę kłosów przypadającą na poletko (krzewistość ogólna), wysokość roślin (cm), długość kłosa (cm), liczbę pięterek (sztuki). Po zbiorach określono następujące cechy: zbitość kłosa, masę tysiąca ziaren (g), masę hektolitra (kg), plon (g/poletko).

Przed analizą statystyczną wartości cechy ocenianej w skali bonitacyjnej transformowano poprzez pierwiastkowanie. W nawiasach w tabeli 2, a podano wartości średnich transformowanych dla wylegania roślin. Obliczono współczynniki zmienności (CV%) biorąc pod uwagę średni kwadrat odchylenia standardowego danego genotypu do jego średniej wartości danej cechy obliczonej z lat i miejscowości. Przeprowadzono analizę współzmienności analizowanych cech na podstawie współczynników korelacji.

WYNIKI BADAŃ

Otrzymane wyniki pozwoliły na wykonanie oceny przydatności 20 form pochodzących z różnych stref klimatycznych do prac hodowlanych. W tabeli 1 przedstawiono średnie kwadraty zmienności i liczby stopni swobody. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie środowisk dla wszystkich badanych cech, z wyjątkiem długości kłosa. Stwierdzono również istotne zróżnicowanie badanych genotypów żyta jarego dla większości cech oprócz krzewistości ogólnej i zbitości kłosa. Dla liczby pięterek, zbitości kłosa, masy tysiąca ziaren oraz masy hektolitra wystąpiła również istotna interakcja genotypowo-środowiskowa.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności z analizy wariancji dla badanych cech
Mean squares for the variability within investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Krzewistość ogólna Number of ears per plot	Wysokość roślin Plant height	Wyleganie Lodging	Długość kłosa Spike length	Liczba pięterek Number of the fleurs	Zbitość kłosa Spike density	Masa 1000 nasion 1000 grains weight	Waga hektolitra Hectolitre weight	Plon z poletka Yield per plot
Miejscowości Sites	1	29594,0**	29241**	0,421**	6,0**	118,30**	10,2**	992,89**	48,88**	508754,0**
Genotypy Genotypes	19	3321,1	475,1**	0,703**	29,3**	48,63**	1,6	114,62**	28,40**	20017,53**
Interakcja Interaction	19	4128,7	65,9	0,103	2,63	6,14**	3,3**	6,71**	6,49*	7966,90
Błąd Error	114	3624,8	66,6	0,07	2,55	1,93	1,2	3,25	3,08	7677,21

Istotne na poziomie * $\alpha = 0,05$ lub ** $\alpha = 0,01$ Significant at * $\alpha = 0.05$ or ** $\alpha = 0.01$

Tabela 2 a

Średnie wartości badanych cech populacji żyta jarego
Mean values for investigated traits of spring rye populations

Genotypy Genotypes	Pochodzenie Origin	Krzewistość ogólna Number of ears per plot	Wysokość roślin Plants height	Wyleganie Lodging (9° — skala) (9° — scale)	Długość kłosa Spike length	Liczba pięterek Number of fleurs	Zbitość kłosa Spike density
Bred Bosche	ROM	359,6	161,3	(1,48)	2,19	9,62	28,90
DL 67/176	ZAF	354,4	157,9	(1,38)	1,90	10,44	29,69
DL/67/190	ZAF	335,6	172,6	(1,48)	2,19	9,98	29,79
Gazelle	CAN	353,8	172,4	(1,46)	2,13	10,73	32,64
Gotav	—	366,9	150,3	(2,54)	6,45	9,33	24,33
Karlshulder	DEU	352,5	171,5	(1,50)	2,25	10,05	30,41
Ludowe	POL	331,3	164,3	(1,48)	2,19	10,71	31,66
Petka	DEU	351,3	159,8	(1,80)	3,24	9,99	30,78
Priaborschi	ROM	349,4	164,8	(1,30)	1,69	9,74	28,98
SMH-01	POL	342,1	157,3	(1,90)	3,61	11,40	30,05
SMH-02	POL	358,8	140,8	(2,11)	4,45	10,27	29,64
Somro	DEU	368,1	164,8	(1,53)	2,34	11,00	32,55
Sorom	DEU	353,8	163,3	(1,94)	3,76	10,23	31,75
Strzekęcińskie	POL	346,9	167,1	(1,47)	2,16	10,09	29,39
Tiroler	AUT	322,5	166,6	(1,66)	2,76	11,53	35,66
Tiroler Smolicki	AUT	341,9	170,3	(1,74)	3,03	11,20	35,29
Tosevski	BGR	361,3	157,5	(1,41)	2,00	9,69	29,38
Wrens Abruzzi	USA	332,5	165,3	(1,53)	2,34	10,11	31,11
Zenit	CS	411,9	158,0	(1,53)	2,34	10,06	28,18
Żyto Jare P. Grandosa	POL	391,3	161,3	(1,55)	2,40	10,66	29,68
Średnia z miejscowości Mean value for localities	Smolice	367,9	148,8	(1,69)	2,86	10,28	31,32
	Wrocław	340,7	175,9	(1,59)	2,53	10,40	29,60
Średnia ogólna Mean		354,3	162,3	(1,64)	2,69	10,34	30,46
NIR; LSD		—	8,08	0,26	—	0,5	1,37
CV%		8,4	2,5	7,9		2,4	2,2

Krzewistość roślin jest cechą, na którą istotny wpływ mają czynniki siedliskowe, środowiskowe i agrotechniczne. W badanym materiale wahała się ona od 322 do 412 kłosów na 1 m² przy współczynniku zmienności 8,4% (tab. 2 a).

Wysokość roślin u żyta to cecha, na którą zwraca się szczególną uwagę w procesie hodowlanym. Skrócenie źdźbła jest jednym z celów współczesnej hodowli, przy jednoczesnym zachowaniu wysokiej plenności. Jest to zadanie trudne do osiągnięcia, ponieważ skrócenie słomy jest zwykle ujemnie skorelowane z plonem. Większość badanych form charakteryzowało się długą i wiotką słomą (tab. 2 a), co było przyczyną podatności na wyleganie. Wysokość roślin mieściła się w przedziale od 140 (SMH-02) do 170 cm (Karlshulder, DL 67/176 i DL 67/190). Wartości tej cechy były wysokie w stosunku do uzyskiwanych średnich w poprzednich dwóch latach badań. Stwierdzono dodatnią korelację pomiędzy tą cechą a plonem (tab. 3), co jest zgodne z wynikami uzyskanymi przez Shakoor i wsp. (1979) oraz Küchn i Linser (1977). Dla odmian żyta ozimego Węgrzyn i wsp. (1996) stwierdzili ujemną korelację wysokości roślin z plonem, co świadczy o daleko posuniętych pracach hodowlanych nad skróceniem źdźbła u żyta ozimego.

Tabela 2 b

Średnie wartości badanych cech populacji żyta jarego Mean values for investigated traits of spring rye populations			
Genotypy Genotypes	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight	Waga hektolitra Hectolitre weight	Plon z poletka Yield per plot
Bred Bosche	23,70	59,68	229,53
DL 67/176	24,80	60,24	244,10
DL/67/190	25,19	58,93	288,35
Gazelle	23,60	58,64	274,28
Gotav	33,48	57,32	161,00
Karlshulder	26,28	61,93	244,46
Ludowe	26,03	61,40	302,20
Petka	30,13	63,56	335,41
Priaborschi	24,49	60,26	268,99
SMH-01	38,45	57,92	183,92
SMH-02	28,25	60,86	286,91
Somro	26,98	62,89	306,46
Sorom	26,28	64,02	289,50
Strzekęcińskie	26,75	60,40	270,49
Tiroler	24,40	60,49	347,18
Tiroler Smolicki	25,40	60,83	355,46
Tosevschi	25,03	60,99	249,95
Wrens Abruzzi	25,96	62,69	296,81
Zenit	23,58	62,96	248,61
Żyto Jare P. Grandosa	21,76	63,04	328,42
Średnia z miejscowości Smolice	24,04	61,51	219,21
Mean value for localities Wrocław	29,02	60,40	331,99
Średnia ogólna Mean	26,53	60,95	275,60
NIR; LSD	1,78	1,74	86,74
CV%	3,4	1,4	15,8

Najmniej wylegającymi formami okazał się krótkosłomy rząd SMH-02 oraz aneuploidna forma Gotav. Potwierdziły się spostrzeżenia o większej podatności na wyleganie wyższych form żyta — współczynnik korelacji — 0,35 (tab. 3).

Jak do tej pory nie spotyka się w literaturze doniesień na temat długości czy zbitości kłosa u żyta jarego. Badane obiekty nie były zróżnicowane pod względem zbitości kłosa, aczkolwiek stwierdzono istotny wpływ środowiska na wartość tej cechy. Średnia zbitość kłosa wynosiła 29,9, a zatem badane formy mają kłosa luźne. Współczynnik zmienności wyniósł 5,6%. Bezpośrednio na zbitość kłosa wpływała jego długość oraz liczba pięterek. Im dłuższy kłos i więcej pięterek tym luźniejszy kłos. W praktyce rolniczej wiadomo, że kłosa zbite są zawsze wyprostowane zaś luźne zgięte. W czasie przewlekłych i mokrych zniw kłosa zbite trudno wysychają, a ziarno ich jest porażane w większym stopniu i bardziej narażone na porastanie niż w kłosach luźnych. Obserwuje się również gorsze wykształcanie ziarna w kłosach zbitych, są one drobne, mniej wyrównane. Na podstawie współczynników korelacji zaobserwowano zależność, że wraz ze wzrostem masy 1000 ziaren maleje wartość zbitości kłosa.

Tabela 3

Współczynniki korelacji między 9 badanymi cechami 20 populacji żyta jarego
Correlation coefficients between the investigated traits of twenty populations of spring rye

Cechy traits	Krzewistość ogólna Number of ears per plot	Wysokość roślin Plants height	Wyleganie Lodging	Długość kłosa Spike length	Liczba pięterek Number of fleurs	Zbitość kłosa Spike density	Masa 1000 ziaren 1000 grains weight	Waga hektolitra Hectolitre weight
Wysokość roślin Plants height	-0,09							
Wyleganie Lodging	0,08	-0,35*						
Długość kłosa Spike length	0,07	0,01	-0,04					
Liczba pięterek Number of fleurs	-0,13	-0,07	-0,11	0,59*				
Zbitość kłosa Spike density	-0,23*	-0,08	-0,19*	0,04	0,75*			
Masa 1000 nasion 1000 grains weight	-0,25*	0,22*	0,30*	-0,01	-0,26*	-0,32*		
Waga hektolitra Hectolitre weight	-0,12	-0,16*	-0,07	-0,03	0,20*	0,32*	-0,20*	
Plon z poletka Yield per plot	-0,06	0,60*	-0,26*	0,15	0,14	0,09	0,01	0,21*

Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

Significant at $\alpha = 0.05$

Selekcja materiałów hodowlanych nastawiona jest na otrzymanie odmian o masie tysiąca ziaren powyżej 27 gram. Poniżej tej wartości ziarno uznawane jest za drobne a powyżej 35 gram za grube. Wśród ocenianych materiałów tylko rząd SMH-01 charakteryzował się grubym ziarnem (tab. 2 b). Zdecydowana większość, bo 15 form wykształcała ziarno o średniej grubości od 23 do 27 gram. U form ozimych masa 1000 ziaren kształtuje się na granicy 37,5 gram (Węgrzyn i in., 1996).

Formy jare ustępują znacznie, bo ponad 10 kg, pod względem masy hektolitra formom ozimym (Grochowski i in., 1996), co jest związane z drobniejszym ziarnem. Średnia wartość tej cechy u badanych populacji żyta jarego wynosiła 61 kg (tab. 2 b).

W warunkach mikrodoświadczenia i przy punktowym siewie 105 ziaren na 1 m² poprzez plon należy rozumieć zdolność roślin do większej lub mniejszej produktywności. Plon z poletka dla poszczególnych obiektów wahał się od 161 g do 355 g. Odnotowano największą wartość współczynnika zmienności dla tej cechy — 15.8% (tab. 2 b).

Na podstawie współczynników korelacji stwierdzono istotną dodatnią zależność między: plonem a wysokością roślin i masą hektolitra; masą hektolitra a liczbą pięterek i zbitością kłosa; masą tysiąca nasion a wysokością roślin i wyleganiem; liczbą pięterek a długością kłosa. Natomiast ujemną zależność wykazano między: plonem a wyleganiem, masą hektolitra a wysokością roślin; masą tysiąca nasion a liczbą kłosów, liczbą pięterek i zbitością kłosa; wyleganiem a wysokością roślin (tab. 3).

Przeprowadzona ocena zmienności cech struktury plonu form kolekcyjnych żyta jarego pozwoliła na sformułowanie następujących wniosków.

WNIOSKI

1. Analiza wariancji wykazała istotny wpływ środowisk na ekspresję wszystkich badanych cech.
2. Stwierdzono również istotne zróżnicowanie badanych genotypów żyta jarego dla większości cech z wyjątkiem krzewistości ogólnej i zbitości kłosa.
3. Dla liczby pięterek, zbitości kłosa, masy tysiąca ziaren oraz masy hektolitra wystąpiła również istotna interakcja genotypowo-środowiskowa.
4. Na podstawie współczynników korelacji stwierdzono istotną dodatnią zależność między: plonem a wysokością roślin i masą hektolitra; masą hektolitra a liczbą pięterek i zbitością kłosa; masą tysiąca nasion a wysokością roślin i wyleganiem; liczbą pięterek a długością kłosa. Natomiast ujemną zależność wykazano między: plonem a wyleganiem, masą hektolitra a wysokością roślin; masą tysiąca nasion a liczbą kłosów, liczbą pięterek i zbitością kłosa; wyleganiem a wysokością roślin.

LITERATURA

- Fortin M. C., Hamil A.S. 1994. Rye residue geometry for faster corn development. *Agronomy Journal*. 86 (2): 238 — 243; 25 ref.
- 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*. V. 40. Nr 3/4: 37 — 47
- Grochowski L., Galek R. 1997. Genetyczno-hodowlana ocena wybranych cech ilościowych rodów żyta jarego. *Hodowla Roślin materiały z I Krajowej Konferencji Poznań, 19–20 listopada*: 187 — 190
- Küchn H., Linser H. 1977. Combined application of chlormeqet and ethephon for shortening straw length in rye (pot trials). *Zeitschrift für Pflanzenernährung und Bodenkunde*. 140 (2): 233 — 238
- Reimann- Philipp R. 1986. Perennial spring rye as crop alternative. *J. Agron. Crop. Sci.* 4: 281 — 285
- Shakoor A., Yaqub-Mujahid M., Sher-Muhammad., Afzal M. 1979. Behrain, a semi — dwarf spring rye. *Wheat Information Service*. 50: 32 — 33; 3 ref.
- Węgrzyn St., 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.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI
STANISŁAW WĘGRZYN
ZYGMUNT NITA¹
KRYSTYNA WERWIŃSKA¹

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie

¹ Hodowla Roślin — Strzelce

Dziedziczenie cech warunkujących plonowanie owsa jarego (*Avena sativa* L.)

Inheritance of traits determining grain yield in spring oat (*Avena sativa* L.)

Celem pracy było poznanie sposobów działania genów odpowiedzialnych za dziedziczenie cech; masy i liczby ziaren z rośliny i wiechy oraz liczby wiech na roślinę u 3 odmian owsa jarego (*Avena sativa* L.) Góral, Sławko i STH 3096 (aktualnie odmiana Szakal). Przyjęto założenie, że dziedziczenie ww. cech odbywa się wg modelu addytywno-dominującego. Zastosowano 3 — parametrowy model Jinksa i Jonesa. Materiał badawczy stanowiły formy rodzicielskie P₁, P₂ oraz mieszańce F₁, F₂, BC₁ (P₁ × F₁), BC₂ (P₂ × F₁) otrzymane w wyniku krzyżowań (również odwrotnych). Eksperyment polowy wykonano w Stacji Hodowli Strzelce w 2-powtórzeniach. Ocenę biometryczną 5 cech wykonano na 20 roślinach wybranych losowo po 10 z każdego powtórzenia. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie 6 badanych pokoleń dla 5 cech u badanych kombinacji. Sprawdzono testem χ^2 istotności modelu addytywno dominującego. Ponieważ wartość testu χ^2 dla badanych cech i kombinacji była nieistotna, nie odrzucono hipotezy o addytywno-dominującym sposobie dziedziczenia badanych cech.

Słowa kluczowe: owies jary geny, addytywno-dominujący sposób, cechy struktury plonu

The aim of the study was to elucidate how the genes responsible for inheritance of traits determining: grain yield per plant, number of grains per plant, grain yield per panicle, number of grains per panicle and number of panicles per plant, operate in spring oat (*Avena sativa* L.). It was assumed that these traits are inherited according to the additive-dominance model. To verify this hypothesis, a three-parameter Jinks-Jones model was applied. The experiment was carried out in two replications in the field of the Breeding Station Strzelce. Three varieties of oat were assayed: Góral, Sławko and STH 3096 (now var. Szakal). A biometrical analysis of the 5 traits was performed on 20 plants/variety, chosen at random (10 plants/replication). The analysis of variance showed significant variability in the traits among 6 generations as well as within the experimental combinations. To verify the additive-dominance hypothesis, chi-square test was used. Since the values measured by chi-square test appeared to be not significant, the results strongly suggest the additive-dominant character of the effects observed in oat.

Key words: additive dominance genes, oat spring, traits, yields grains

WSTĘP

Nieliczne prace poświęcono badaniom wyjaśniającym mechanizm działania genów u owsa. Dotychczas przeprowadzone badania genetyczne nad owsem koncentrowały się nad poznaniem odziedziczalności niektórych cech (Johnson, 1983; Pfahler, 1971; Reich and Brinkman, 1984; korelacji fenotypowych i genotypowych (Petr i in., 1966; Śmiałowski i in., 2001) oraz ocenie wartości kombinacyjnej rodów i odmian (Muehlbauer i in., 1971; Kox i in., 1984; Kalasznik i in., 1985; Śmiałowski i Węgrzyn, 1999; 2000) dla wybranych cech ilościowych.

W niniejszej pracy przedstawiono wyniki prac nad sposobem dziedziczenia 5 cech; masy i liczby ziaren z rośliny oraz masy i liczby ziaren z wiechy i liczby wiech z rośliny u 6 mieszańców owsa.

Są to cechy użytkowe ważne dla hodowcy, dla których poznanie sposobów dziedziczenia może w istotny sposób decydować o końcowym efekcie hodowlanym jakim jest podwyższenie plenności nowych odmian owsa. Kierując się tym celem przyjęto założenie, że za dziedziczenie; masy i liczby ziaren z rośliny oraz masy i liczby ziaren z wiechy i liczby wiech z rośliny są odpowiedzialne addytywno dominujące formy działania genów.

W przypadku gdy przyjęta hipoteza jest pozytywnie zweryfikowana wówczas można przyjąć z dużym prawdopodobieństwem, że dziedziczenie ww. cech jest efektem allelicznej interakcji, która wynika z addytywnego działania genów oraz tej części nieallelicznej interakcji, która jest efektem współdziałania *loci* homozygotycznych z homozygotycznymi. Jeśli teza ta będzie prawdziwa oznaczałoby to wysoką odziedziczalność ww. cech, a zatem szybki i skuteczny postęp hodowlany realizowany poprzez odpowiednią selekcję w potomstwie (Kaczmarek i in., 1983). W innym przypadku, gdy hipoteza o addytywno-dominującym działaniu genów nie zostanie pozytywnie zweryfikowana, będzie to wskazywać na występowanie nieallelicznej interakcji. Wówczas do oceny działania genów należy zastosować 6-parametrowy model Mathera i Jinksa (1977), który stosuje się do wykrywania epistazy.

Celem pracy było poznanie sposobów działania genów odpowiedzialnych za dziedziczenie cech; masy i liczby ziaren z rośliny i wiechy oraz liczby wiech na roślinę u 3 odmian owsa jarego (*Avena sativa* L.).

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 3 formy owsa Góral, Sławko i STH 3096 (aktualnie odmiana Szakal) silnie zróżnicowanych pod względem wielu cech a między innymi; masy i liczby ziaren z wiechy i rośliny oraz grupa mieszańców; F_1 , F_2 , BC_1 ($P_1 \times F_1$), BC_2 ($P_2 \times F_1$) otrzymanych w wyniku krzyżowań pomiędzy formami rodzicielskimi P_1 i P_2 oraz krzyżowań wstecznych BC_1 i BC_2 .

Stosownie do założenia o addytywno dominującym dziedziczeniu 5 cech struktury plonu przyjęto tzw. 3-parametrowy model Jinksa i Jonesa. Model ten pozwala oszacować parametry genetyczne związane z addytywno-dominującym działaniem genów.

Do sprawdzenia adekwatności przyjętego modelu zastosowano metodę Cavalliego (cyt. za Kaczmarkiem, 1983), która polega na zweryfikowaniu testem χ^2 istotności różnic pomiędzy średnimi obserwowanymi a wyznaczonymi średnimi oczekiwanymi dla poszczególnych generacji. Stosownie do przyjętej tezy przeprowadzono eksperyment polowy z generacjami; P_1 , P_2 (formy rodzicielskie) oraz ich potomstwo — mieszańce; F_1 , F_2 , BC_1 ($P_1 \times F_1$), BC_2 ($P_2 \times F_1$). Otrzymane ziarno wysiano punktowo na poletkach o powierzchni 0,3 m², w 2 powtórzeniach w ZDHAR Strzelce. Po zbiorze roślin wykonano ocenę biometryczną na wybranych 20 roślinach wybranych losowo po 10 z każdego powtórzenia obejmującą 5 cech; masę i liczbę ziaren z rośliny oraz masę i liczbę ziaren z wiechy i liczbę wiech na roślinie. W oparciu o zebrane wyniki obliczono średnie wartości i współczynniki zmienności dla wszystkich pokoleń, wykonano analizę wariancji dla 6 pokoleń, testem χ^2 zweryfikowano adekwatność modelu addytywno-dominującego. Obliczenia wykonano wykorzystując program komputerowy ANALGEN-2 (TP), opracowany przez Węgrzyna w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała wysoce istotną zmienność badanych generacji, zarówno form rodzicielskich P_1 , P_2 , oraz mieszańców; F_1 , F_2 , BC_1 ($P_1 \times F_1$), BC_2 ($P_2 \times F_1$) dla badanych kombinacji i cech (tab. 1), z wyjątkiem liczby wiech na roślinie dla kombinacji Szakał $\times$ Sławko.

W tabeli 2 podano przedziały ufności do porównań średnich wyliczonych ze średnich kwadratów dla badanych generacji. Na tej podstawie stwierdzono istotne różnice pomiędzy badanymi generacjami; formami rodzicielskimi P_1 i P_2 użytymi do krzyżowań a potomstwem (tab. 2). W pokoleniu F_1 obserwowano 3 silne efekty heterozji u mieszańców Góral $\times$ Szakał przy liczbie ziaren z rośliny i liczbie wiech z rośliny oraz Szakał $\times$ Sławko dla liczby ziaren z rośliny. Ulegały one na ogół osłabieniu w pokoleniu F_2 (tab. 2). Wszystkie generacje badanych kombinacji charakteryzowały się wysoką zmiennością ocenianych cech (tab. 2).

W oparciu o przeprowadzone obliczenia wykonano ocenę parametrów genetycznych m , d , h , których oszacowane wartości $[m]$, $[d]$, $[h]$ wraz z błędami standardowymi przedstawiono w tabeli 3. Stosowanie do założenia testem χ^2 sprawdzono istotność różnic między średnimi oczekiwanymi a średnimi otrzymanymi cech pokoleń P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , BC_2 .

Dla wszystkich badanych cech i kombinacji wartość testu χ^2 była mniejsza od wartości odczytanych z tablic rozkładu testu χ^2 , co wskazuje, że model addytywno-dominujący okazał się adekwatny dla wyjaśnienia sposobów dziedziczenia badanych cech (tab. 3). Wykonane obliczenia wskazują, że dziedziczenie badanych cech struktury plonu uwarunkowane jest działaniem genów addytywnych i dominujących. Stwierdzono występowanie zarówno dodatnich jak i ujemnych wartości oszacowanych parametrów $[d]$ i $[h]$ dla wszystkich kombinacji i 3 cech (tab. 3). Wartości parametru $[m]$ (który jest średnią wartością genotypowych homozygot $AABB$, $AAbb$, $aaBB$ i $aabb$) charakteryzowały się niskim błędem, natomiast wartości parametrów $[d]$ (suma efektów addytywnych)

i szczególnie [h] (suma efektów dominujących) były obciążone wysokim błędem standardowym przekraczającym w niektórych przypadkach wartości właściwych parametrów genetycznych. Ze względu na wysokie wartości błędów parametrów genetycznych [d] i [h] pominięto omawianie addytywno-dominujących sposobów działania cech dla liczby ziaren z rośliny i liczby wiech z rośliny (tab. 3).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy zmienności 5 cech dla form rodzicielskich P₁, P₂, pokoleń F₁, F₂, i BC₁, BC₂
Mean squares from analysis of variability within 5 traits in parental forms P₁, P₂, and generations F₁, F₂, BC₁, BC₂

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares					
		Sławko × Góral	Góral × Sławko	Góral × Szakal	Szakal × Góral	Szakal × Sławko	Sławko × Szakal
masa ziaren z rośliny grain yield per plant							
Pokolenia Generation	5	74,50**	75,41**	222,55**	118,90**	91,28**	237,48**
Błąd Error	106	9,22	8,38	17,46	16,46	21,91	19,33
liczba ziaren z rośliny number of grains per plant							
Pokolenia Generation	5	1003298,65**	80855,39**	152532,86**	50052,46	79725,06*	219986,40**
Błąd Error	106	18229,54	17328,95	28313,62	25832,36	26436,98	20581,39
masa ziaren z wiechy grain yield per panicle							
Pokolenia Generation	5	1,11**	1,28**	6,46**	7,48**	2,66**	4,81**
Błąd Error	104	0,14	0,16	0,29	0,35	0,29	0,39
liczba ziaren z wiechy number of grains per panicle							
Pokolenia Generation	5	788,39*	861,95*	2769,88**	3121,24**	1577,20**	3443,33**
Błąd Error	104	274, 87	321,60	478,81	466,21	320,39	431,41
liczba wiech na roślinę number of panicles per plant							
Pokolenia	5	11,05**	7,84**	5,63*	7,51**	3,62	10,12**
Błąd	104	2,51	2,31	2,16	1,49	2,55	1,83

*, ** — Istotne odpowiednio dla P= 0,05 lub 0,01

*, ** — Significant at P= 0,05 and 0,01, respectively

Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono dodatnie addytywne efekty genetyczne dla plonu ziarna z rośliny i wiechy oraz liczby ziaren z wiechy u mieszańca Szakal × Góral, oraz dla plonu ziarna z wiechy u kombinacji Szakal × Sławko, natomiast ujemne addytywne parametry genetyczne odnotowano dla plonu ziaren z rośliny i wiechy u kombinacji Góral × Szakal (tab. 3). Dodatnie efekty dominującego sposobu działania genów odnotowano tylko u kombinacji Szakal × Sławko dla plonu ziarna z wiechy i liczby ziaren z wiechy (tab. 3).

Tabela 2

Średnie wartości cech dla rodziców pokoleń F₁, F₂, BC₁, BC₂ oraz współczynniki zmienności cech dla badanych kombinacji
Means values for the traits in parents and generations F₁, F₂, BC₁, BC₂, and coefficient of variability for traits in experimental combinations

Pokolenia Generations	Średnie Averages											
	Ślawko × Góral		Góral × Ślawko		Góral × Szakal		Szakal × Góral		Szakal × Ślawko		Ślawko × Szakal	
	Średnia Mean	CV (%)	Średnia Mean	CV (%)	Średnia Mean	CV (%)	Średnia Mean	CV (%)	Średnia Mean	CV (%)	Średnia Mean	CV (%)
masa ziaren z rośliny grain yield per plant												
P ₁	5,4	38,3	3,8	50,9	4,2	39,6	10,3	34,3	10,7	62,2	6,1	61,7
P ₂	6,4	53,2	6,4	31,7	10,9	33,1	5,02	66,1	7,1	60,0	8,6	57,2
F ₁	5,8	52,5	5,9	56,6	11,3	40,5	9,3	36,1	13,2	36,5	11,1	43,6
F ₂	6,3	50,2	9,2	52,5	6,9	52,9	7,9	65,1	12,4	48,6	8,2	48,4
BC ₁ (F ₁ × P ₁)	9,8	45,6	4,8	42,3	5,8	50,8	11,9	51,2	10,6	30,7	7,1	51,5
BC ₂ (F ₁ × P ₂)	4,0	44,7	7,6	40,4	12,4	48,3	6,9	44,7	9,4	41,5	15,6	34,8
NIR — LSD	1,92		1,83		2,67		2,55		2,9		2,8	
liczba ziaren z rośliny number of grains per plant												
P ₁	238,0	37,2	226,3	51,5	251,4	39,2	352,8	32,8	371,8	58,9	259,8	54,2
P ₂	370,8	47,9	315,2	27,9	380,2	33,3	290,5	56,9	309,9	55,9	299,2	55,8
F ₁	294,9	43,0	301,6	48,1	470,0	47,3	394,7	33,3	486,2	37,7	387,7	40,1
F ₂	282,1	52,3	403,1	49,3	310,0	52,3	309,9	61,4	417,7	43,4	280,5	43,1
BC ₁ (F ₁ × P ₁)	423,0	43,9	252,7	39,9	301,9	49,1	424,2	53,0	345,9	29,4	279,8	39,6
BC ₂ (F ₁ × P ₂)	253,0	41,0	345,7	38,8	453,0	47,4	368,6	38,1	339,9	40,2	534,9	32,1
NIR — LSD	85,39		83,25		107,4		101,2		103,3		91,54	
masa ziaren z wiechy grain yield per panicle												
P ₁	1,22	23,8	0,83	34,9	0,90	36,7	2,48	25,9	2,05	25,4	1,18	42,4
P ₂	1,02	38,2	1,20	30,0	2,36	24,3	0,97	39,2	1,20	36,1	2,05	35,6
F ₁	1,03	38,8	1,15	40,0	1,82	30,9	1,72	22,7	2,17	16,2	2,01	31,3
F ₂	1,20	28,3	1,56	27,6	1,39	38,9	1,70	49,4	2,27	33,9	1,91	38,2
BC ₁ (F ₁ × P ₁)	1,62	24,1	1,11	28,8	1,15	49,2	2,41	38,6	2,06	23,8	1,40	42,9
BC ₂ (F ₁ × P ₂)	0,96	41,7	1,43	33,6	2,23	37,2	1,17	24,1	1,87	32,1	2,56	23,8
NIR — LSD	0,24		0,26		0,36		0,38		0,35		0,4	
liczba ziaren z wiechy number of grains per panicle												
P ₁	52,5	23,5	49,3	36,8	54,1	33,6	86,5	18,9	69,0	31,8	50,9	35,1
P ₂	59,3	33,7	59,4	27,2	82,2	24,0	55,9	31,2	52,6	34,3	72,3	34,9
F ₁	55,9	31,6	61,7	32,4	71,3	34,8	73,2	19,1	79,1	14,7	69,9	29,3
F ₂	53,3	29,3	68,4	21,2	61,9	37,8	66,5	41,9	76,8	28,2	65,7	39,6
BC ₁ (F ₁ × P ₁)	70,2	21,9	59,8	28,6	56,9	44,1	86,3	41,8	68,2	19,4	55,6	29,3
BC ₂ (F ₁ × P ₂)	58,8	35,3	65,7	20,7	81,9	33,3	61,9	20,5	67,9	27,4	88,0	20,8
NIR — LSD	10,5		11,4		14,4		13,7		11,5		13,3	
liczba wiech na roślinie number of panicles per plant												
P ₁	4,5	25,4	4,5	32,2	4,7	46,4	4,1	25,9	5,1	46,4	5,1	32,4
P ₂	6,2	32,1	5,4	29,1	4,6	30,9	5,2	31,7	5,4	30,9	4,1	35,4
F ₁	5,5	22,7	4,8	29,9	6,1	30,5	5,3	17,3	6,1	30,5	5,5	21,7
F ₂	5,1	39,1	5,8	36,9	4,9	28,0	4,5	23,4	5,3	28,0	4,4	27,7
BC ₁ (F ₁ × P ₁)	6,1	36,3	4,1	30,3	4,9	23,1	4,7	27,1	5,0	23,1	5,1	31,3
BC ₂ (F ₁ × P ₂)	4,5	30,5	5,4	34,4	5,1	27,4	5,8	25,2	4,9	27,4	6,1	21,1
NIR — LSD	1,01		0,97		0,97		0,77		1,02		0,86	

Tabela 3

Oszacowane efekty genetyczne wg 3-parametrycznego modelu Jinksa Jonesa, ze średnich rodziców, F₁, F₂ i BC₁, BC₂ u badanych kombinacji owsa
 Gene effects estimated according to a 3-parameter Jinks-Jones model based on the means of parents and hybrids F₁, F₂, BC₁, and BC₂ of spring oat

Efekty genetyczne Gene effects	Efekty genetyczne Gene effects estimation											
	Sławko × Góral		Góral × Sławko		Góral × Szakal		Szakal × Góral		Szakal × Sławko		Sławko × Szakal	
	ocena estimation	±SE	ocena estimation	±SE	ocena estimation	±SE	ocena estimation	±SE	ocena estimation	±SE	ocena estimation	±SE
masa ziaren z rośliny grain yield per plant												
$\hat{m}$	5,43	1,62	5,20	1,23	7,49	1,93	7,69	2,18	8,45	3,15	7,60	2,81
$\hat{d}$	0,49	1,59	-1,46	1,20	-3,53	1,90	2,85	2,17	1,52	2,87	-2,60	2,69
$\hat{h}$	0,00	3,36	1,31	2,84	1,43	4,31	1,57	4,00	4,17	5,79	3,22	5,31
χ^2	1,69		0,74		0,53		0,13		0,20		1,19	
liczba ziaren z rośliny number of grains per plant												
$\hat{m}$	283,10	77,16	273,67	68,60	310,94	78,06	323,69	88,26	309,15	114,84	286,72	97,20
$\hat{d}$	-27,85	76,30	-52,30	66,37	-70,74	76,70	29,36	88,56	14,17	101,86	-69,65	91,36
$\hat{h}$	7,85	151,87	47,15	144,28	100,99	187,72	74,26	161,97	125,76	215,62	90,70	180,31
χ^2	1,13		0,41		0,28		0,16		0,36		1,38	
masa ziaren z wiechy grain yield per panicle												
$\hat{m}$	1,15	0,22	1,07	0,21	1,59	0,30	1,71	0,34	1,65	0,29	1,70	0,40
$\hat{d}$	0,17	0,22	-0,20	0,21	-0,75	0,30	0,83	0,33	0,39	0,29	-0,61	0,38
$\hat{h}$	0,03	0,44	0,30	0,46	0,05	0,54	-0,52	0,52	0,55	0,48	0,36	0,74
χ^2	1,22		0,88		0,50		0,37		0,31		0,66	
liczba ziaren z wiechy number of grains per panicle												
$\hat{m}$	56,76	10,54	56,61	11,23	67,55	12,07	70,43	10,84	59,89	11,60	64,75	13,83
$\hat{d}$	-0,91	10,72	-5,01	11,08	-15,37	11,86	16,18	10,87	5,70	11,50	-17,39	13,01
$\hat{h}$	1,76	16,97	11,32	22,19	0,18	24,60	1,68	18,44	18,98	17,82	6,91	25,19
χ^2	0,88		0,30		0,18		0,10		0,24		0,63	
liczba wiech na roślinę number of panicles per plant												
$\hat{m}$	5,02	0,89	4,90	0,86	4,59	0,78	4,63	0,81	4,91	1,16	4,60	0,93
$\hat{d}$	-0,36	0,89	-0,63	0,85	-0,00	0,76	-0,64	0,83	-0,11	1,05	0,11	0,92
$\hat{h}$	0,16	1,60	-0,10	1,61	1,06	1,78	0,63	1,29	0,64	2,19	0,98	1,60
χ^2	1,06		0,40		0,09		0,32		0,25		1,14	

$\chi^2_{0,05;3} = 7,82$

Przeprowadzone badania nad poznaniem sposobów działania genów dla 5 cech struktury plonu u 6 mieszańców owsa wykluczyły niealleliczne działanie genów, ale nie wykazały jednoznacznie, które formy addytywno-dominującego sposobu działania odpowiadają za dziedzicznie badanych cech.

Autorzy innych prac Pfahler (1971), Kałasznik i wsp. (1984) wskazują również na istotny wpływ addytywno-dominującego sposobu działania genów na dziedziczenie cech u owsa. Natomiast badania Petra i in., 1966) dotyczące dziedziczenia cech struktury plonu wska-

zują na znaczną rolę dominującego sposobu działania genów w kształtowaniu liczby wiech z rośliny. W innych badaniach (Kox i in., 1984), Federiezzi (1989) stwierdzają u owsa dla niektórych cech interalleliczny sposób działania genów.

Podsumowując przeprowadzone przez nas badania nad poznaniem sposobów działania genów u owsa pomimo, że nie wyjaśniają wszystkich zjawisk dziedziczenia mogą stworzyć warunki w celu przyspieszenia postępu hodowlanego na wyhodowaniu nowych plenniejszych odmian owsa.

WNIOSKI

1. Stwierdzono, że model addytywno-dominujący okazał się odpowiedni do wyjaśnienia mechanizmów dziedziczenia wybranych cech struktury plonu u badanych kombinacji owsa. Oznacza to, że w tych kombinacjach, w których stwierdzono addytywno-dominujący sposób działania genów, wysoką odziedziczalność badanych cech, następuje szybki i skuteczny postęp hodowlany, wynikający z odpowiedniej selekcji.
2. Addytywne formy działania genów zarówno podwyższały jak i obniżały wartości parametrów genetycznych u niektórych cech i kombinacji, natomiast dominujące formy działania genów tylko podwyższały.
3. U mieszańca Szakal × Góral addytywne formy działania genów podwyższały plon ziarna z rośliny i wiechy oraz zwiększały liczbę ziarna z wiechy, u mieszańca Szakal × Sławko tylko podwyższały plon ziarna z wiechy, u kombinacji Góral × Szakal obniżały plon ziarna z rośliny i wiechy.
4. U kombinacji Szakal × Sławko dominujące formy działania genów podwyższały plon ziarna i zwiększały liczbę ziarna z wiechy.
5. W pokoleniu F_1 obserwowano silne efekty heterozji u mieszańców Góral × Szakal przy liczbie ziaren z rośliny i liczbie wiech z rośliny oraz Szakal × Sławko dla liczby ziaren z rośliny. Efekty te okazały się jednak nietrwałe w pokoleniu F_2 .

LITERATURA

- Kaczmarek Z., Surma M. 1983. Wyznaczenie współczynnika odziedziczalności w wąskim sensie w aspekcie addytywno-dominującego modelu działania genów. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 290. 23 — 41.
- Kalasznik N. A., Portjanko V. A., Bogaczkov V. J. 1985. Selekcjonno-gienieticeskij analiz produktivnosti gibridov owsa. Jun. Gienietika: 1722 — 1730.
- Kox D. J., Frey K. J. 1984. Combining Ability and the Selection of parents for inter specific oat matings. Crop. Sci. 24: 963 — 967.
- Johnson S. K., Helsel. D. B. Frey. K. J. 1983. Direct and indirect selection for grain yield in oat (*Avena sativa* L.). Euphytica 32: 407 — 413.
- Federiezzi L. C., Qualset C. O. 1989. Genetics of plant height reduction and panicle type in oat. Crop. Sci. 29: 551 — 557.
- Mather K., Jinks J. L. 1977. Introduction to biometrical genetics. London. Chapman and Hall Ltd.
- Muehlbauer F., Marshall H. G., Hill R. R Jr. 1971. Combining ability, heritability, and cytoplasm effects in oats. Crop Sciences, vol. 11, May-June: 376 — 378.
- Pfahler P.L. 1971. Heritability estimation for grain yield in oats (*Avena* sp.) Crop Sci. 11: 378 — 341.
- Petr F. C., Frey K. J. 1966. Genotypic correlations, dominance, and heritability of quantitative characters in oats. Crop Sci. 6: 259 — 262.

- Pixley K. V., Frey K. J. 1992. Genetic interrelations among grain quality indicators and agronomic traits for oat. *Euphytica* 60: 2. 149 — 156.
- Reich J. M., Brinkman M. A. 1984. Inheritance of groat protein percentage in *Avena sativa* L. × *Fatua* L. crosses. *Euphytica* 33: 907 — 913.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Interrelationships, variability and heritability of the important traits of oat (*Avena sativa* L) varieties and strains. XIV Zjazd PTG Poznań 2001: 228.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S., Nita Z. 1999. Zdolność kombinacyjna rodów i odmian owsa na podstawie oceny kilku cech. Część I. Owies białoziařmisty, (*Avena sativa* L. var *aristata*). Biul. IHAR 210: 53 — 59.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S., Nita Z. 2000. Combinig ability of the parental forms of the-naked-grain oat (*Avana sativa* L. var. *nuda*) based on evaluation of some traits in cultivars. *Plant Breed. Seed Sci.* 44: 29 — 36.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**RAFAŁ KURIATA**¹**JADWIGA HOROBIOWSKA**²**CECYLIA KARWOWSKA**²**ZBIGNIEW KURCZYCH**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej we Wrocławiu² Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” sp. z o.o.

Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy

Część I. Wykorzystanie testerów o ziarnie zęboksztalnym do oceny linii matecznych

Estimation of combining ability of inbred lines of maize Part I. Use of dent lines as testers of maternal lines

Badano 24 mieszańce pojedyncze otrzymane ze skrzyżowania 6 linii wsobnych z 4 liniami zęboksztalnymi (dent). Doświadczenie założono metodą bloków losowanych w 2 powtórzeniach w 2 miejscowościach. Przeprowadzono pomiary następujących cech: procent roślin stojących, procentowe porażenie głownią, zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna z poletka. Analiza wariancji wykazała istotne różnice między miejscowościami pod względem wszystkich badanych cech jak również zróżnicowanie mieszańców wewnątrz miejscowości dla suchej masy w ziarnie i plonu. Procent roślin stojących na poletkach różnicował mieszańce w Smolicach. Rozpatrując zdolności kombinacyjne stwierdzono istotną interakcję ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej z miejscowościami dla zawartości suchej masy w ziarnie i plonu. Wśród badanych linii należy wyróżnić 1294-7, ze względu na jednoczesny dodatni wpływ na plon ziarna i zawartość suchej masy. W grupie uzyskanych mieszańców należy wyróżnić kombinację 1044-87 × S335 o podwyższonym plonie i zawartości suchej masy w ziarnie.

Słowa kluczowe: kukurydza, zdolność kombinacyjna, interakcja genotypowo-środowiskowa

Genetic variability of agricultural traits of maize inbred lines is a valuable trait that is useful in breeding practice, especially for selecting parental lines to achieve the effect of heterosis. Twenty-four hybrids obtained from crossing 6 inbred lines with 4 dent lines were analyzed. The experiment was carried out in two localities (Kobierzyce and Smolice), using a randomized block design with two replications. Lodging at harvest, smut resistance, dry matter content and grain yield were evaluated. The of analysis variance showed significant differences between localities in all the traits as well as differences in two traits within Kobierzyce, and in three traits within Smolice localities. The analysis of combining ability revealed significant interaction of GCA and SCA with the environments affecting

dry matter content and grain yield. A female line 1294-7 is noteworthy, as it influenced both a grain yield and dry matter content. Hybrid 1044-87 × S335 was characterized by a high yield and high content of dry matter.

Key words: maize, combining ability, genotype × environment interaction

WSTĘP

Hodowla mieszańców liniowych kukurydzy jest praktycznym wykorzystaniem zjawiska heterozji, którego natura nie została poznana. Z tego względu w genetyce i hodowli wykorzystuje się parametry statystyczne, które pozwalają ocenić wartość posiadanego materiału hodowlanego. W pracach hodowlanych zmierzających do wytworzenia wartościowych linii wsobnych i mieszańców kukurydzy duże znaczenie ma poznanie zdolności kombinacyjnej. W przypadku linii wsobnych bada się ogólną zdolność kombinacyjną, a u mieszańców swoistą zdolność kombinacyjną. Uzyskanie pełnego obrazu wartości posiadanego materiału możliwe jest poprzez badania w kilku miejscowościach o zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych. Dużo uwagi poświęca się zagadnieniu interakcji genotypów ze środowiskiem i metodom wyboru właściwych punktów, gdzie prowadzi się badania (Fan i in., 2001). Celem badań było oszacowanie zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy skrzyżowanych z liniami o zianie zębokształtnym.

MATERIAŁ I METODY

Materiał stanowiły 24 mieszańce pojedyncze uzyskane w wyniku krzyżowania 6 linii wsobnych pochodzących z Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” sp. z o.o.: 1044-87 (dent), 1044-153 (dent), 1322-18 (dent), 1360-5-1 (flint), 1375-5 (flint), 1294-7 (semident) z 4 testerami o ziarnie zębokształtnym o różnym pochodzeniu: S41806A, K258, K259, S335. Doświadczenie zostało przeprowadzone w 2001 roku metodą losowanych bloków w dwóch powtórzeniach na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m² w dwóch miejscowościach: Kobierzycie i Smolice. Po wschodach dokonano przerywki pozostawiając na poletku 36 (Kobierzycie) i 40 (Smolice) roślin. W okresie wegetacji roślin i po zbiorze określono: procent roślin stojących, procent roślin porażonych głownią, zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna z poletka. Wykonano wstępną analizę wariancji oraz analizę wariancji zdolności kombinacyjnych dla dwóch miejscowości. Oszacowano efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych oraz efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców. Istotność efektów testowano stosując test F. Analizy statystyczne zostały wykonane przy użyciu programu SERGEN.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzona wstępna analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych obiektów w obu miejscowościach dla dwóch cech, tj. plonu ziarna i zawartości suchej masy w ziarnie. W przypadku Smolic wykazano również zróżnicowanie badanych obiektów pod względem wylegania (tab. 1). Analiza zdolności kombinacyjnej wykazała istotność

efektów interakcji zarówno ogólnej, jak i swoistej zdolności kombinacyjnej z miejscowościami dla plonu ziarna i zawartości suchej masy (tab. 2). Podobne wyniki uzyskał Dhillon (1990), a dla plonu ziarna także Mostafa Man (1996).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean squares for variability of investigated traits

Miejscowość Locality	Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square			
			plon ziarna grain yield t·ha ⁻¹	sucha masa dry matter %	porażenie głownią smuted plant %	wyleganie przed zbiorem lodging before harvest %
Kobierzyce	Genotypy Genotypes	23	2,09**	4,38**	13,17	32,35
	Błąd Error	23	0,4	0,37	8,18	34,48
Smolice	Genotypy Genotypes	23	1,99**	11,80**	3,53	9,19*
	Błąd Error	23	0,12	0,8	4,89	4,34

* — Istotność na poziomie $\alpha=0,05$

* — Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 2

Średnie kwadraty zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy
Means squares for combining ability of inbred lines of maize

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square			
		plon ziarna grain yield t·ha ⁻¹	sucha masa dry matter %	porażenie głownią smuted plant %	wyleganie przed zbiorem lodging before harvest %
Środowiska Environments	1	7,68**	47,38**	33,55**	516,08**
GCA linii GCA of lines	5	1,02	4,07	2,29	6,16
SCA mieszańców SCA of hybrids	15	0,42	2,09	2,35	5,17
GCA × Środowisko GCA × Environment	5	0,17**	0,96**	0,99	2,19
SCA × Środowisko SCA × Environment	15	0,54**	0,67*	2,98	5,66
Błąd Error	46	0,13	0,29	3,27	9,71

* — Istotność na poziomie $\alpha=0,05$

* — Significant at $\alpha = 0.05$

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych
Effects of general combining ability (GCA) of mother lines

Linie Lines	Plon ziarna Grain yield		Sucha masa Dry matter	
	Kobierzycze	Smolice	Kobierzycze	Smolice
1044-87	-0,575	-1,031	-0,467	-2,081**
1044-153	0,872	0,114**	-0,943	-0,994
1322-18	-0,093	0,579**	-0,473	-0,831
1360-5-1	1,182	-0,914	1,35	1,631
1375-5	1,182	0,914	-0,335	-1,081*
1294-7	-0,72	0,08**	0,0868	3,356**

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ średniego efektu GCA z miejscowości

* — Significant at $\alpha = 0,05$ for mean effect GCA in relation to the localities

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ średniego efektu GCA z miejscowości

** — Significant at $\alpha = 0,01$ for mean effect GCA in relation to the localities

Tabela 4

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców
Effects of specific combining ability (SCA) of the hybrids

Mieszańiec Hybrid	Plon Grain yield		Sucha masa Dry matter	
	Kobierzycze	Smolice	Kobierzycze	Smolice
1044-87 × S41806A	0,454	-0,968**	0,893	-0,160
1044-87 × K258	0,334	-1,124**	-0,905	-2,169*
1044-87 × K259	-0,371	1,054**	0,455	0,856
1044-87 × S335	-0,416	1,038**	-0,444	1,473**
1044-153 × S41806A	-0,484	0,137	0,129	1,252
1044-153 × K258	-0,079	0,486	0,712	0,344
1044-153 × K259	-0,204	-0,086	-0,903	-1,731
1044-153 × S335	0,767	-0,537*	0,063	0,135
1322-18 × S41806A	0,706	0,697	0,014	0,040
1322-18 × K258	0,511	0,451	0,112	-0,419
1322-18 × K259	0,001	-0,196	1,602	1,706
1322-18 × S335	-1,218	-0,952	-1,728	-1,327
1360-5-1 × S41806A	0,07	0,100	-1,205	-1,223
1360-5-1 × K258	-0,235	0,273	0,648	1,369
1360-5-1 × K259	0,44	-0,189	-0,567	-0,606
1360-5-1 × S335	-0,274	-0,184	1,124	0,460
1375-5 × S41806A	-0,854	0,217*	-0,290	-0,860
1375-5 × K258	0,266	-0,424	-0,312	0,431
1375-5 × K259	-0,299	0,054	0,648	-0,194
1375-5 × S335	0,887	0,153	-0,046	0,623
1294-7 × S41806A	0,109	-0,184	0,458	0,952
1294-7 × K258	-0,796	0,339*	-0,255	0,444
1294-7 × K259	0,434	-0,637*	-1,235	-0,031
1294-7 × S335	0,254	0,482	1,031	-1,365**

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ średniego efektu SCA z miejscowości

* — Significant at $\alpha = 0,05$ for mean effect GCA in relation to the localities

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ średniego efektu SCA z miejscowości

** — Significant at $\alpha = 0,01$ for mean effect GCA in relation to the localities

Istotnie różne od zera dodatnie efekty interakcji ogólnej zdolności kombinacyjnej testowanych linii z miejscowościami uzyskano w przypadku dwu linii dla plonu ziarna: 1044-153, 1322-18, ujemny dla linii 1294-7, należy zauważyć, że wszystkie efekty miały

niskie wartości. Podobne wyniki dla innego zestawu linii uzyskał Sedhom (1994). Dla zawartości suchej masy w ziarnie istotne efekty stwierdzono u trzech badanych linii. Ujemnym efektem charakteryzowały się linie 1044-87 i 1375-5, dodatnim zaś linia 1294-7, przy czym efekt ten był wysoki zwłaszcza w Smolicach. Na uwagę zasługuje linia 1294-7, która podnosi w potomstwie zawartość suchej masy a w niewielkim stopniu powoduje spadek plonu (tab. 3).

Istotnie różne od zera efekty interakcji SCA z miejscowościami dla plonu ziarna stwierdzono u ośmiu mieszańców. Podobne wyniki uzyskał Zelleke (2000). U pięciu mieszańców były to efekty ujemne, natomiast u trzech dodatnie, największe u mieszańców 1044-87 × K259 i 1044-87 × S335. W przypadku zawartości suchej masy istotnie różne od zera efekty uzyskano dla trzech mieszańców. Dla dwóch mieszańców efekt ten był ujemny, a dla jednego dodatni. Należy zauważyć, że efekty SCA w dwóch przypadkach były znacznie większe w Smolicach niż w Kobierzycach. Na uwagę zasługuje kombinacja 1044-87 × S335, u której stwierdzono jednocześnie dodanie efekty dla wielkości plon ziarna i zawartości suchej masy (tab. 4).

WNIOSKI

1. Przeprowadzona analiza zdolności kombinacyjnej wykazała istotność efektów interakcji GCA i SCA z miejscowościami dla plonu ziarna i zawartości suchej masy.
2. Wśród badanych linii należy wyróżnić linię 1294-7 ze względu na jednoczesny dodani wpływ na plon ziarna i zawartość suchej masy.
3. W grupie uzyskanych mieszańców należy wyróżnić kombinację 1044-87 × S335.

LITERATURA

- Dhillon B. S., Gurrath P. A., Zimmer E., Wermke., Pollmer W. G., Klein D. 1990. Analysis of diallel crosses of maize for variation and covariation in agronomic traits at silage and grain harvests. *Maydica*, 35/3: 297 — 302; 17 ref.
- Fan L. J., Hu B. M., Shi C. H., Wu J. G. 2001. A method of choosing locations based on genotype × environment interaction for regional trials of rice. *Plant Breeding*, 120: 139 — 142.
- Mostafa Man., El Aziz A. A. A., Mahgoub G. M. A., El Sherbiney H. Y. S. 1996. Diallel analyses of grain yield and natural resistance to late wilt disease in newly developed inbred lines of maize. *Bulletin of Faculty of Agriculture, University of Cairo*. 47/3: 393 — 403.
- Sedhom S. A. 1994. Genetic analysis of diallel crosses in maize (*Zea mays* L.) over two years. *Annals of Agricultural Science, Moshtohor*, 32/1: 95 — 107; 17 ref.
- Zelleke H. 2000. Combining ability for grain yield and other agronomic characters in inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2000, 60/1: 63 — 70; 19 ref.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**RAFAŁ KURIATA**¹**JADWIGA HOROBIEWSKA**²**CECYLIA KARWOWSKA**²**ZBIGNIEW KURCZYCH**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej we Wrocławiu² Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” sp. z o.o

Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy

Część II. Wykorzystanie testerów o ziarnie szklistym do oceny linii matecznych

Estimation of combining ability of inbred lines of maize Part II. Use of flint lines as testers of maternal lines

Poznanie zdolności kombinacyjnej linii wsobnych pozwala na określenie ich wartości hodowlanej i włączenie do programów hodowlanych. Badano 24 mieszańce pojedyncze otrzymane ze skrzyżowania 6 linii wsobnych z 4 liniami szklistoziarnistymi. Doświadczenie założono metodą bloków losowanych w 2 powtórzeniach w 2 miejscowościach. Przeprowadzono pomiary następujących cech: procent roślin stojących, procentowe porażenie głownią, zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna z poletka. Analiza wariancji wykazała istotne różnice między miejscowościami pod względem wszystkich badanych cech jak również zróżnicowanie mieszańców wewnątrz miejscowości dla suchej masy w ziarnie i plonu. Istotne porażenie głownią wystąpiło w Kobierzycach natomiast procent roślin stojących na poletkach w obu miejscowościach był na takim samym poziomie. Rozpatrując zdolności kombinacyjne stwierdzono jedynie istotną interakcję ogólnej zdolności kombinacyjnej z miejscowościami dla zawartości suchej masy w ziarnie oraz istotną interakcję swoistej zdolności kombinacyjnej z miejscowościami dla zawartości suchej masy i plonu. Do dalszych programów hodowlanych można polecić linię 1294-7 poprawiającą zawartość suchej masy u mieszańców, których jest komponentem. Z mieszańców należy wyróżnić kombinacje 1375-5 × S41324A-2, 1360-5-1 × Co255, 1044-87 × K154.

Słowa kluczowe: kukurydza, zdolność kombinacyjna

The aim of the study was to evaluate combining abilities of inbred maize lines. The experimental material consisted of 6 female lines and 4 male lines (flint types). The experiment was carried out in two localities (Kobierzycze and Smolice) using a randomized block design with two replications. Lodging at harvest, smut resistance, dry matter content and grain yield were evaluated. The analysis of variance showed significant differences between localities in all the traits as well as difference in three

traits within Kobierzyce, and in two traits within Smolice localities. The analysis of combining ability showed significant interaction of GCA with the environments, affecting dry matter content, and of SCA with the environments, influencing dry matter content and grain yield. A female line 1294-7 and hybrids 1375-5 $\times$ S41324A-2, 1360-5-1 $\times$ Co255, and 1044-87 $\times$ K154 were distinguished as the most valuable forms.

Key words: maize, combining ability

WSTĘP

Jedną z ocen często stosowanych w pracach genetyczno-hodowlanych jest zdolność kombinacyjna linii rodzicielskich biorących udział w programach krzyżówkowych. Wyróżniamy ogólną i swoistą zdolność kombinacyjną. Parametry te mają różne zastosowanie. GCA ma większe znaczenie w przypadku hodowli odmian populacyjnych i syntetycznych, natomiast SCA znajduje zastosowanie w hodowli mieszańców liniowych. Poprzez określenie stosunku GCA do SCA można wnioskować o sposobach działania genów warunkujących badane cechy (Lipińska, 1985). Ocena zdolności kombinacyjnej możliwa jest tylko wtedy gdy materiał spełnia określone warunki tzn. jest jednorodny genetycznie i został odpowiednio skrzyżowany (Węgrzyn, 1996).

Celem badań było oszacowanie zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy skrzyżowanych z testerami o ziarnie szklistym..

MATERIAŁ I METODY

Materiał stanowiły 24 mieszańce pojedyncze uzyskane w wyniku krzyżowania 6 linii matecznych pochodzących z Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” sp. z o.o.: 1044-87 (dent), 1044-153 (dent), 1322-18 (dent), 1360-5-1 (flint), 1375-5 (flint), 1294-7 (semident) z 4 testerami o ziarnie szklistym: S41324A-2, Co255, K154 i K188. Doświadczenie zostało przeprowadzone w 2001 roku metodą losowanych bloków w dwóch powtórzeniach na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m² w dwóch miejscowościach: Kobierzyce i Smolice. Po wschodach dokonano przerywki pozostawiając na poletku 36 (Kobierzyce) i 40 (Smolice) roślin, chwasty zwalczano chemicznie. W okresie wegetacji roślin i po zbiorze określono: procent roślin stojących, procent roślin porażonych głownią, zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna z poletka. Wykonano wstępną analizę wariancji oraz analizę wariancji zdolności kombinacyjnych dla dwóch miejscowości. Oszacowano efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych oraz efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców. Istotność efektów testowano stosując test F. Analizy statystyczne zostały wykonane przy użyciu programu SERGEN.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wykonana wstępna analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych obiektów w obu miejscowościach dla dwóch cech tj. plonu ziarna i zawartości suchej masy, a w Kobierzycach ponadto dla porażenia głownią (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Means squares for variability of investigated traits

Miejscowość Locality	Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square			
			Plon ziarna Grain yield t·ha ⁻¹	Sucha masa Dry matter %	Porażenie głownią Smuted plant %	Wyleganie przed zbiorem Lodging before harvest %
Kobierzyce	Genotypy Genotypes	23	3,02**	6,32**	46,53*	55,48
	Błąd Error	23	0,52	0,32	11,39	43,74
Smolice	Genotypy Genotypes	23	3,59**	12,34**	6,23	1,58
	Błąd Error	23	0,18	0,56	6,97	1,35

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ * — Significant at $\alpha = 0.05$ ** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** — Significant at $\alpha = 0.01$

Istotną interakcję ogólnej zdolności kombinacyjnej stwierdzono tylko w przypadku jednej cechy tj. zawartości suchej masy w ziarnie. Dla swoistej zdolności kombinacyjnej istotny efekt interakcji stwierdzono dla plonu ziarna i zawartości suchej masy (tab. 2), podobne wyniki dla plonu ziarna uzyskał Mostafa Man (1996), a dla zawartości suchej masy Hebert (1986).

Tabela 2

Średnie kwadraty zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy
Means squares for combining ability of inbred lines of maize

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square			
		Plon ziarna Grain yield t/ha	Sucha masa Dry matter %	Porażenie głownią Smuted plant %	Wyleganie przed zbiorem Lodging before harvest %
Środowiska Environments	1	6,53**	29,85**	108,14**	834,07**
GCA linii GCA of lines	5	0,38	1,9	4,35	1,76
SCA mieszańców SCA of hybrids	15	2,57	7,81	18,28	12,82
GCA × Środowisko GCA × Environment	5	0,1	1,33**	0,73	3,15
SCA × Środowisko SCA × Environment	15	0,38*	1,18**	8,44	12,25
Błąd Error	46	0,17	0,22	4,59	11,27

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ * — Significant at $\alpha = 0.05$ ** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** — Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych
Effects of general combining ability (GCA) of the mother lines

Linie Lines	Sucha masa w ziarnie Dry matter	
	Kobierzycze	Smolice
1044-87	-0,522	-0,173
1044-153	-2,227	-1,313**
1322-18	1,335	-0,249**
1360-5-1	0,498	0,663
1375-5	-1,052	1,232**
1294-7	1,998	-0,13**

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ średniego efektu GCA z miejscowości* — Significant at $\alpha = 0.05$ for mean effect GCA in relation to the localities** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ średniego efektu GCA z miejscowości** — Significant at $\alpha = 0.01$ for mean effect GCA in relation to the localities

Tabela 4

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców
Effects of specific combining ability (SCA) of the hybrids

Mieszaniec Hybrid	Plon Grain yield		Sucha masa w ziarnie Dry matter	
	Kobierzycze	Smolice	Kobierzycze	Smolice
1044-87 × S4134A-2	-0,751	0,272*	-0,074	-1,406*
1044-87 × Co255	0,485	0,118	-1,422	-2,031
1044-87 × K154	0,004	0,413	0,994	3,894**
1044-87 × K188	0,262	-0,802*	0,502	-0,456
1044-153 × S41324A-2	0,502	-0,436	-0,929	-0,181
1044-153 × Co255	-0,582	0,265	0,858	1,244
1044-153 × K154	0,166	0,565	-0,536	-0,431
1044-153 × K188	-0,086	-0,395	0,607	-0,631*
1322-18 × S41324A-2 x	-2,289	-2,268	3,592	2,856
1322-18 × Co255	0,151	0,363	-0,371	-0,469
1322-18 × K154	0,810	0,738	-1,930	-1,094
1322-18 × K188	1,328	1,168	-1,292	-1,294
1360-5-1 × S41324A-2	2,413	1,774	-3,515	-3,206
1360-5-1 × Co255	-0,041	-0,53	1,892	3,269*
1360-5-1 × K154	-1,148	-0,305	0,602	-0,906**
1360-5-1 × K188	-1,224	-0,94	1,021	0,844
1375-5 × S41324A-2	-0,564	0,564	1,481	3,644**
1375-5 × Co255	-1,62	-1,2	-0,387	-0,631
1375-5 × K154	1,009	-0,73**	-0,586	-2,556**
1375-5 × K188	0,047	1,365**	-0,508	-0,456
1294-7 × S41324A-2	-0,439	0,093	-0,556	-1,706*
1294-7 × Co255	1,606	0,984	0,57	-1,381
1294-7 × K154	-0,84	-0,681	1,456	1,094
1294-7 × K188	-0,327	-0,396	-0,33	1,994**

* — Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ średniego efektu GCA z miejscowości* — Significant at $\alpha = 0.05$ for mean effect GCA in relation to the localities** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ średniego efektu GCA z miejscowości** — Significant at $\alpha = 0.01$ for mean effect GCA in relation to the localities

Efekty interakcji ogólnej zdolności kombinacyjnej z miejscowościami okazały się istotne dla czterech linii. Ujemnym efektem charakteryzowała się linia 1044-153,

dotatnimi linie 1322-18, 1375-5 i 1294-7. Największy efekt charakteryzował linie 1294-7 przy czym efekty w każdej miejscowości różniły się znacznie (tab. 3).

Istotność efektów interakcji SCA z miejscowościami stwierdzono dla dwóch cech: plonu ziarna i zawartości suchej masy w ziarnie. Dla plonu ziarna istotność efektów wykazano w czterech przypadkach, u dwóch mieszańców były to efekty ujemne i u dwóch dodatnie. Największym dodatnim efektem charakteryzował się mieszaniec 1375-5 $\times$ K188, dla którego efekt dodatni stwierdzono w obu miejscowościach.

Dla zawartości suchej masy dodatnie efekty wykazano dla czterech mieszańców, dużymi efektami charakteryzowały się mieszańce 1375-5 $\times$ S41324A-2, 1360-5-1 $\times$ Co255, 1044-87 $\times$ K154. Należy zauważyć że w przypadku tych mieszańców efekty były dodatnie w obu miejscowościach. Ujemny efekt charakteryzował pięć analizowanych mieszańców (tab. 4)

WNIOSKI

1. Wykonana analiz zdolności kombinacyjnej wykazała istotność interakcji GCA ze środowiskami dla zawartości suchej masy, a w przypadku SCA dla plonu ziarna i zawartości suchej masy w ziarnie.
2. Wśród badanych linii należy wyróżnić linię 1294-7, która podnosi zawartość suchej masy w ziarnie.
3. Wśród badanych mieszańców wyróżnić należy kombinacje 1375-5 $\times$ S41324A-2, 1360-5-1 $\times$ Co255, 1044-87 $\times$ K154.

LITERATURA

- Hebert Y., Gallais A., Kearsey M. J., Werner C. P. 1986. Heterosis and genetic variation for quantitative characters in a 12 $\times$ 12 diallel mating in maize. *Biometrics in plant breeding*, Eucarpia: 140 — 152, 19 ref.
- Mostafa Man., El Aziz A. A. A., Mahgoub G. M. A., El Sherbiney H. Y. S. 1996. Diallel analyses of grain yield and natural resistance to late wilt disease in newly developed inbred lines of maize. *Bulletin of Faculty of Agriculture, University of Cairo*. 47/3: 393-403.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. *Biul. IHAR* 156: 91 — 101.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowanie komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 — 13.

HENRYK CYGERT¹ZYGMUNT KRÓLIKOWSKI¹JAN KACZMAREK²JÓZEF ADAMCZYK¹¹ Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.² Akademia Rolnicza Wrocław, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Ocena współdziałania genotypowo- środowiskowego dla plonu ziarna mieszańców kukurydzy (*Zea mays* L.)

The effects of genotype-environment interaction on grain yield of maize (*Zea mays* L.) hybrids

W pracy oceniono plony ziarna wybranych 10 mieszańców kukurydzy badanych w doświadczeniach wstępnych z zastosowaniem pakietu statystycznego SERGEN 3, przeznaczonego do analizy serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych umożliwiającego bardziej wszechstronną analizę interakcji mieszańców z miejscowościami i w latach. W analizie dokonano zestawienia średnich plonów ziarna tych mieszańców uzyskanych z doświadczeń 3-powtórzeniowych, zlokalizowanych w 5 miejscowościach w latach 1999–2000. Przedstawiono ogólną analizę wariancji. Zweryfikowano hipotezy o zerowych wartościach wszystkich efektów głównych lat, miejscowości, środowisk i mieszańców. Przeprowadzono szczegółowe testowanie hipotez o interakcji genotypów ze środowiskiem. Oceny efektów głównych i proste regresji od efektów środowiskowych przedstawiono na rysunkach. Dokonano podziału mieszańców na grupy o średnim plonowaniu, istotnie powyżej średniej ogólnej i istotnie poniżej średniej ogólnej. W dalszej analizie interakcji oceniono odchylenia interakcyjne oraz odchylenia środowiskowe. Przeprowadzono badania struktury interakcji ze względu na środowiska oraz ze względu na genotypy (mieszańce) i przedstawiono ich wyniki graficznie. Uzyskane wyniki pozwoliły zidentyfikować 5 stabilnych w plonowaniu mieszańców, które nie wykazały interakcji z latami, miejscowościami i ze środowiskami. Te mieszańce mogą być polecane do uprawy w całym kraju.

Słowa kluczowe: analiza regresji łącznej, kukurydza, mieszańiec, program SERGEN 3, współdziałanie $G \times E$

A detailed analysis of genotype $\times$ environment interaction was carried out among yields of ten hybrids of maize grown at five localities in the years 1999–2000. Statistical analysis was performed using computer package SerGen 3. The hybrids were divided into 3 groups: depending on whether they yielded at the average level above or below a grand mean. The results allowed to identify five stable hybrids which can be recommended for cultivation across all environments in Poland.

Key words: environment, hybrid, interaction $G \times E$, maize, program SERGEN 3, regression

WSTĘP

Rozwiązywanie zagadnień związanych z hodowlą i oceną nowych odmian roślin uprawnych dokonuje się przez prowadzenie doświadczeń powtarzanych w czasie i przestrzeni, tzn. w różnych sezonach wegetacyjnych i w różnych miejscowościach. Jeśli chcemy, aby badania dostarczyły jak najwięcej informacji o plonowaniu genotypów nie w jednym środowisku, lecz w określonym rejonie uprawnym i w różnych warunkach pogodowych, musimy zakładać doświadczenia w wielu miejscach przez kilka lat. Doświadczenia takie nazywamy wielokrotnymi i wieloletnimi lub seriami doświadczeń (Neyman, 1932; Przyborowski i Wileński, 1938; Elandt, 1956; Królikowski, 2001).

W analizie wyników serii doświadczeń odmianowych najbardziej interesującą z punktu widzenia oceny stabilności i zdolności adaptacyjnej genotypów, jest interakcja genotypowo-środowiskowa (z ang. $G \times E$, „genotype-environment interaction”) (Freeman, 1973; Mungomery i Shorter, 1974; Hill, 1975; Wood, 1976; Freeman i Crips, 1979; Lin, 1982; Freeman, 1985). Nazwą tą określamy zjawisko polegające na tym, że reakcja fenotypowa roślin na zmianę środowiska nie jest jednakowa dla wszystkich genotypów. W konsekwencji różnice obserwowane między porównywanymi genotypami zależą od środowiska, w którym są porównywane. Bardzo interesujące jest wykrycie genotypów, które uzyskują wysokie plony we wszystkich środowiskach, czyli są genotypami średnio wysoko plonującymi oraz stabilnymi tj. takimi, których plonowanie jest proporcjonalne do wydajności warunków środowiska. Wyniki analizy interakcji genotypów z różnymi środowiskami mogą być pomocne przy rekomendacji odmiany do praktyki rolniczej, czyli jej rejonizacji.

Celem pracy jest przedstawienie wyników oceny i interpretacji interakcji genotyp $\times$ środowisko oraz stabilności genotypów dla 10 mieszańców kukurydzy pod względem plonu ziarna uzyskanych w doświadczeniach wstępnych w roku 1999 i 2000, zgodnie z możliwościami, jakie daje pakiet statystyczny SERGEN 3 (Czajka, 1996; Caliński i in., 1998).

MATERIAŁ I METODY

W analizie wykorzystano wyniki plonu ziarna dla 10 mieszańców (genotypów) badanych w doświadczeniach wstępnych w roku 1999 i 2000. Spośród 125 mieszańców badanych w tych latach, 10 wybranych do analizy mieszańców badano w obu latach w tych samych doświadczeniach. Doświadczenia założono metodą bloków niekompletnych (krata kwadratowa 5×5) w trzech powtórzeniach, na poletkach dwurzędkowych o powierzchni 10 m^2 . Doświadczenia wysiano w 5 miejscowościach, w dwóch latach, czyli w dziesięciu środowiskach. Po przeliczeniu plonu ziarna z poletka na plon z jednostki powierzchni w dt/ha z hektara przy 15% zawartości wody, wyniki opracowano statystycznie korzystając z pakietu statystycznego SERGEN 3 (Caliński i in., 1998).

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wstępna

W analizie dokonano zestawienia średnich plonów dla mieszańców w poszczególnych środowiskach (miejscowości w danym roku) i miejscowościach (tab. 1 a i 1 b).

Tabela 1 a

Plon ziarna w dt/ha — wartości średnie dla mieszańców w poszczególnych środowiskach
Grain yield in dt/ha — mean values for hybrids in particular environments

Lata Years	Środowisko Environment	1999					Wartości średnie Mean values 1999
		Kobierzycze AB1	Łagiewniki AB2	Mikulice AB3	Radzików AB4	Smolice AB5	
Mieszaniec Hybrid							
SMH 1177-9910		114,3	108,0	107,7	116,7	94,0	108,1
KOC 9939		118,7	100,3	105,3	119,0	93,0	107,2
KOC 9943		114,3	98,0	116,3	115,3	85,0	105,8
KOC 9944		118,0	97,0	97,7	118,7	97,3	105,7
KOCKOSZ 99301		122,3	97,0	107,0	102,7	90,0	103,8
KOCKOSZ971102		122,0	98,7	94,0	118,7	80,7	102,8
KOCSWS 971104		116,7	103,7	111,0	106,3	90,3	105,6
Janna		94,3	80,0	103,7	91,7	78,3	89,6
Caraibe		108,3	95,7	99,0	103,7	98,7	101,0
Electra		115,7	110,0	106,7	122,7	98,0	110,6
Średnia Mean		114,5	98,8	104,8	111,5	90,5	104,0
Lata Years	Środowisko Environment	2000					wartości średnie mean values 2000
		Kobierzycze AB6	Łagiewniki AB7	Mikulice AB8	Radzików AB9	Smolice AB10	
Mieszaniec Hybrid							
SMH 1177-9910		118,0	124,3	118,3	122,0	87,3	114,0
KOC 9939		111,0	109,0	113,3	119,7	88,3	108,2
KOC 9943		110,3	119,0	126,0	128,7	102,7	117,3
KOC 9944		117,0	112,7	126,3	118,7	98,3	114,6
KOCKOSZ 99301		119,0	108,0	125,3	123,0	104,3	115,9
KOCKOSZ971102		123,3	119,3	112,3	113,3	107,0	115,1
KOCSWS 971104		116,3	112,3	113,7	120,7	97,7	112,1
Janna		86,3	86,0	108,3	92,3	73,7	89,3
Caraibe		112,3	111,7	116,3	100,3	96,0	107,3
Electra		115,7	119,3	116,7	127,0	101,3	116,0
Średnia Mean		112,9	112,2	117,7	116,6	95,7	111,0

Najwyższy średni plon dla wszystkich mieszańców uzyskano w środowisku AB8, tj. w Mikulicach w 2000 roku — 117,7 dt/ha, a najniższy w środowisku AB5, tj. w Smolicach w 1999 roku — 90,5 dt/ha. Spośród wszystkich miejscowości, w których przeprowadzono doświadczenia, najwyższy średni plon za dwulecie 1999–2000 uzyskano w Radzikowie — 114,1 dt/ha, natomiast najniższy w Smolicach — 93,1 dt/ha. Średni plon z miejscowości i lat wyniósł 107,5 dt/ha i należy go uznać za wysoki, natomiast w poszczególnych latach

przedstawiał się następująco: 104,0 dt/ha w 1999 roku, i 111,0 dt/ha w 2000 roku. Średni plon w roku 2000 był o 6,7% wyższy w stosunku do roku 1999.

Tabela 1 b

Plon ziarna w dt/ha — wartości średnie dla mieszańców w poszczególnych miejscowościach (średnie z dwóch lat)

Grain yield in dt/ha — mean value for hybrids in particular localities (two — year average)

Mieszaniec Hybrid	Kobierzyce	Łagiewniki	Mikulice	Radzików	Smolice	Średnia Mean
SMH 1177-9910	116,3	116,2	113,0	119,3	90,7	111,1
KOC 9939	114,8	104,7	109,3	119,3	90,7	107,7
KOC 9943	112,3	108,5	121,2	122,0	93,8	111,6
KOC 9944	117,5	104,8	112,0	118,7	97,8	110,2
KOCKOSZ 99301	120,7	102,5	116,2	112,8	97,2	109,9
KOCKOSZ 971102	122,7	109,0	103,2	116,0	93,8	108,9
KOCSWS 971104	116,5	108,0	112,3	113,5	94,0	108,9
Janna	90,3	83,0	106,0	92,0	76,0	89,5
Caraibe	110,3	103,7	107,7	102,0	97,3	104,2
Electra	115,7	114,7	111,7	124,8	99,7	113,3
Średnia Mean	113,7	105,5	111,3	114,1	93,1	107,5

W wykonanej wstępnej analizie wariancji dla doświadczenia z 10 mieszańcami stwierdzono istotne zróżnicowanie plonowania we wszystkich miejscowościach na poziomie istotności 0,05, natomiast na poziomie istotności 0,01 różnice w plonowaniu mieszańców nie były istotne tylko w Radzikowie w 1999 roku (tab. 2 a).

Tabela 2 a

Wstępna analiza wariancji dla doświadczenia o blokach niekompletnych
Preliminary analysis of variance for the lattice design trials

Środowisko Environment	Mieszaniec Hybrid		Błąd Error		F
	stopnie swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square	stopnie swobody degrees of freedom	średnie kwadraty mean square	
Kobierzyce 1999	9	1,99	20	0,46	4,33**
Łagiewniki 1999	9	2,02	20	0,31	6,51**
Mikulice 1999	9	1,30	20	0,16	8,35**
Radzików 1999	9	2,95	20	0,97	3,04*
Smolice 1999	9	1,54	20	0,35	4,47**
Kobierzyce 2000	9	3,08	20	0,60	5,15**
Łagiewniki 2000	9	3,37	20	0,20	16,50**
Mikulice 2000	9	1,19	20	0,06	18,59**
Radzików 2000	9	4,06	20	0,45	9,10**
Smolice 2000	9	3,01	20	0,32	9,54**
Wartości krytyczne	0,05*	2,39			
Critical values	0,01**	3,46			

Po analizie wstępnej wykonano ocenę efektów genotypowych, tj. odchylenie wartości dla każdego z mieszańców od średniej ogólnej w poszczególnych środowiskach (tab. 2 b). Najlepszym mieszańcem, który uzyskał tylko w środowisku AB8 ujemne odchylenie od średniej ogólnej był mieszaniec 10 (Electra), pozostałe mieszańce uzyskały ujemne

odchylenia w większej liczbie środowisk. Najwyższe dodatnie odchylenie +12,17 dt/ha uzyskał mieszaniec 1 w środowisku AB7, a najwyższe ujemne odchylenie -26,6 dt/ha uzyskał mieszaniec 8 w środowisku AB6.

Tabela 2 b

Oceny efektów genotypowych plonu dla poszczególnych środowisk
Estimation of genotypic effects for particular environments

Mieszaniec Hybrid	Środowisko Environment									
	Kobierzyce AB1	Łagiewniki AB2	Mikulice AB3	Radzików AB4	Smolice AB5	Kobierzyce AB6	Łagiewniki AB7	Mikulice AB8	Radzików AB9	Smolice AB10
SMH 1177-9910	-0,13	9,17	2,83	5,13	3,47	5,07	12,17	0,67	5,43	-8,33
KOC 9939	4,20	1,50	0,50	7,47	2,47	-1,93	-3,17	-4,33	3,10	-7,33
KOC 9943	-0,13	-0,83	11,50	3,80	-5,53	-2,60	6,83	8,33	12,10	7,00
KOC 9944	3,53	-1,83	-7,17	7,13	6,80	4,07	0,50	8,67	2,10	2,67
KOCKOSZ 99301	7,87	-1,83	2,17	-8,87	-0,53	6,07	-4,17	7,67	6,43	8,67
KOCKOSZ 971102	7,53	-0,17	-10,83	7,13	-9,87	10,40	7,17	-5,33	-3,23	11,33
KOCSWS 971104	2,20	4,83	6,17	-5,20	-0,20	3,40	0,17	-4,00	4,10	2,00
Janna	-20,13	-18,83	-1,17	-19,87	-12,20	-26,60	-26,17	-9,33	-24,23	-22,00
Caraibe	-6,13	-3,17	-5,83	-7,87	8,13	-0,60	-0,50	-1,33	-16,23	0,33
Electra	1,20	11,17	1,83	11,13	7,47	2,73	7,17	-1,00	10,43	5,67

Analiza ogólna genotypów

Z ogólnej analizy wariancji (tab. 3) wynika, że hipotezy: o równości efektów głównych miejscowości, środowisk, mieszańców oraz interakcja mieszańców ze środowiskiem na poziomie istotności 0,05 zostały odrzucone.

Tabela 3

Ogólna analiza wariancji
General analysis of variance

Źródło zmienności Source of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Suma kwadratów Sum of squares	Średni kwadrat Mean squares	Stat F. F Stat.	Wartość krytyczna F F critical values	
					0,05	0,01
Lata — Years	1	12,11	12,11	6,28	7,71	21,2
Miejscowość — Locality	4	61,35	15,34	7,95*	6,39	15,98
Środowiska — Environments	4	7,72	1,93	14,94**	2,42	3,41
Mieszaniec — Hybrid	9	41,57	4,62	9,68**	1,93	
Mieszaniec × Lata — Hybrid × Years	9	4,29	0,48			
Mieszaniec × Miejscowość Hybrid × Locality	36	18,50	0,51			
Mieszaniec × Środowiska Hybrid × Environments	36	9,21	0,26	1,98**	1,48	1,73
Regresja względem środowiska Regression/environment	9	1,14	0,13	2,31**	1,54	1,84
Odchylenie od regresji Deviation from regress	27	8,07	0,30			
Błąd doświadczenia — Error	200		0,13			

Odrzucenie hipotezy o braku równości efektów głównych mieszańców oraz o braku interakcji mieszańiec $\times$ środowisko, świadczy o niestabilnym plonowaniu mieszańców w poszczególnych miejscowościach i środowiskach, oraz ich reakcji na zmienne warunki środowiskowe. Tylko hipoteza o równości efektów głównych lat nie została odrzucona, czyli nie stwierdzono różnic w plonowaniu mieszańców w poszczególnych latach.

Dokonane w analizie wariancji rozbięcie sumy kwadratów dla interakcji mieszańiec $\times$ środowisko na dwa składniki: dla regresji efektów interakcyjnych względem środowiska i odchylenia od regresji, umożliwiło testowanie hipotezy o braku interakcji poziomu plonowania mieszańców ze środowiskami. Ta hipoteza została odrzucona, o czym świadczy wynik wyższej wartości statystyki F ($F = 2,31$) od wartości krytycznej na poziomie 0,01 ($F = 1,73$).

Analiza interakcji genotyp $\times$ lata i genotyp $\times$ środowisko

Ponieważ przeprowadzona analiza ogólna nie daje pełnej odpowiedzi na zasadnicze pytanie dotyczące różnic między mieszańcami pod względem efektów głównych oraz interakcji z latami i miejscowościami, wykonano analizę szczegółową (tab. 4 a).

Tabela 4 a

Analiza szczegółowa — testowanie poszczególnych mieszańców i ich interakcji
In detail analysis — testing of particular hybrids and their interactions

Mieszańiec Hybrid	Ocena efektu głównego Value of main effect	Stat. F dla efektu głównego F Stat. for main effect	Statystyka F dla interakcji z : F-statistic for interaction with:		
			latami years	miejscowościami locations	środowiskami environments
SMH 1177-9910	3,55	5,78	0,14	2,16	1,87
KOC 9939	0,25	0,24	35,07**	7,74*	0,22
KOC 9943	4,05	6,67	2,13	1,86	2,11
KOC 9944	2,65	2,00	0,26	0,34	3,02*
KOCKOSZ 99301	2,35	1,97	2,39	1,29	2,41
KOCKOSZ971102	1,41	0,31	1,11	1,20	5,47**
KOCSWS 971104	1,35	0,67	0,02	0,13	2,33
Janna	-18,05	1602,16**	64,18**	56,24**	0,18
Caraibe	-3,32	4,73	0,05	2,91	2,01
Electra	5,78	148,97**	2,71	17,93**	0,19
Wartości krytyczne Critical values					
F 0,05*		7,71	7,71	6,39	2,24
F 0,01**		21,20	21,20	5,98	3,41

Z przeprowadzonej analizy mieszańców wynika, że dwa spośród dziesięciu ocenianych mieszańców uzyskały efekt główny różny od zera na poziomie istotności 0,05 i 0,01. Mieszańiec 8 uzyskał efekt ujemny a mieszańiec 10 efekt dodatni. Porównując te dwa mieszańce zauważamy, że najbardziej od średniego poziomu plonowania odbiegał mieszańiec 8, który wykazał istotną interakcję zarówno w latach jak i w miejscowościach. Mieszańiec 10 wykazał interakcję tylko w miejscowościach, był mieszańcem najwyżej plonującym i nie ulegał wpływom środowiska i lat (nie wykazał interakcji w latach i miejscowościach). Oprócz mieszańca 8, interakcję w latach wykazał również mieszańiec 2, a interakcję ze środowiskiem, mieszańce 4 i 6. Mieszańce te należy zaliczyć do wysoko plonujących, ale mniej stabilnych.

Graficzny obraz oceny efektu głównego i proste regresji efektów interakcyjnych względem środowiska oraz podział na mieszańce o dodatnim i ujemnym plonowaniu w stosunku do średniego efektu głównego (odchylenie od średniej ogólnej) przedstawiono na rysunku 1.

Regresję poszczególnych mieszańców względem środowiska, wartość współczynnika regresji i współczynnika determinacji oraz statystykę F regresji dla testowania hipotezy zerowej tej regresji, statystykę odchylen, czyli testowanie hipotezy zerowej odchylen od tej regresji przedstawiono w tabeli 4 b. Na poziomie istotności 0,05 zależnością regresyjną charakteryzuje się mieszaniec 10, przy bardzo wysokim współczynniku determinacji (92,2%) i ujemnym współczynniku regresji.

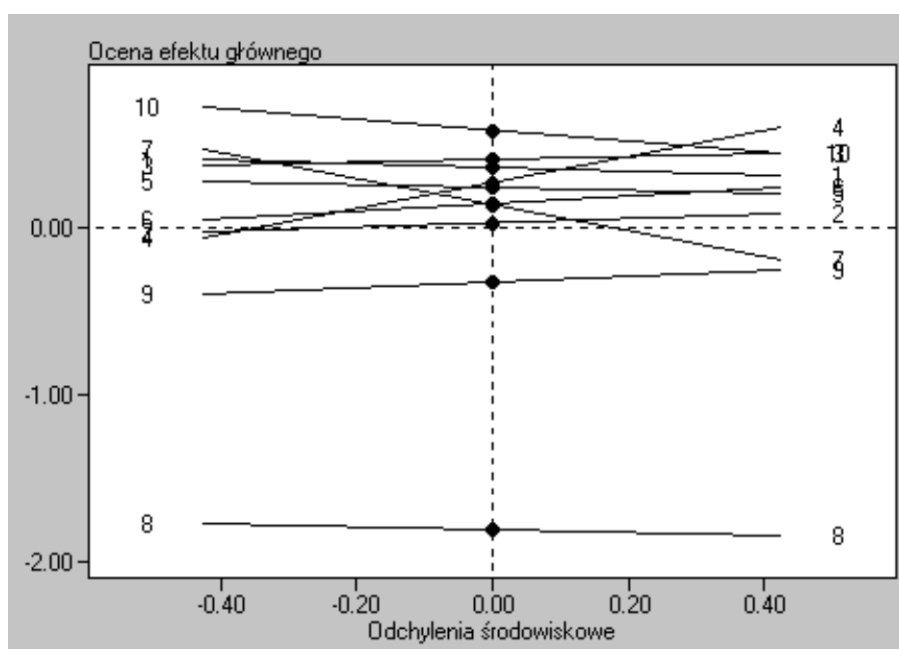
Tabela 4 b

Testowanie regresji interakcji poszczególnych mieszańców względem środowiska
Testing for regression of interaction of particular hybrids against environment

Mieszaniec Hybrid	Współczynnik Coefficient		Statystyka F dla: F statistic for:	
	regresji regression	determinacji (%) determination	regresji regression	odchylen deviation
SMH 1177-9910	-1,09	1,05	0,03	2,47
KOC 9939	1,31	13,15	0,45	0,25
KOC 9943	0,80	0,50	0,02	2,80*
KOC 9944	7,81	33,58	1,52	2,67*
KOCKOSZ 99301	-0,88	0,53	0,02	3,19*
KOCKOSZ971102	2,33	1,65	0,05	7,17**
KOCWS 971104	-7,88	44,15	2,37	1,74
Janna	-0,87	7,22	0,23	0,22
Caraibe	1,74	2,50	0,08	2,61
Electra	-3,27	92,20	35,46	0,02
Wartości krytyczne Critical values				
F 0,05*			10,13	2,65
F 0,01**			34,12	3,88

Mieszańca tego można określić jako mieszaniec ekstensywny, który wykazał pozytywną interakcję ze środowiskami o niższych plonach, a negatywną ze środowiskami o wyższych plonach. Jest to mieszaniec o wysokim efekcie głównym, tj. plonujący znacznie wyżej niż średnia ze wszystkich porównywanych mieszańców, stabilny w latach i można go polecać do uprawy w warunkach mniej sprzyjających. Mieszaniec ten kontrastuje z mieszańcem 4, który ma wysoki dodatni współczynnik regresji i jest mieszańcem intensywnym (rys. 1).

Wśród najbardziej wyrównanych w sensie braku interakcji względem średniej środowiskowej są mieszańce 5 i 3; mieszaniec 3 ma najniższy współczynnik determinacji (także najniższą wartość F dla regresji). Mniej wyrównane są mieszańce 6 i 9 o stosunkowo niskim współczynniku determinacji i niskiej wartości F dla regresji. Natomiast mieszańce 10, 7 i 4 odznaczają się dużą zależnością regresyjną od średniej środowiskowej, wyrażającą się wysokim współczynnikiem determinacji. Wśród nich, mieszańce 7 i 10 należy zaliczyć do ekstensywnych, a mieszaniec 4 do intensywnych.



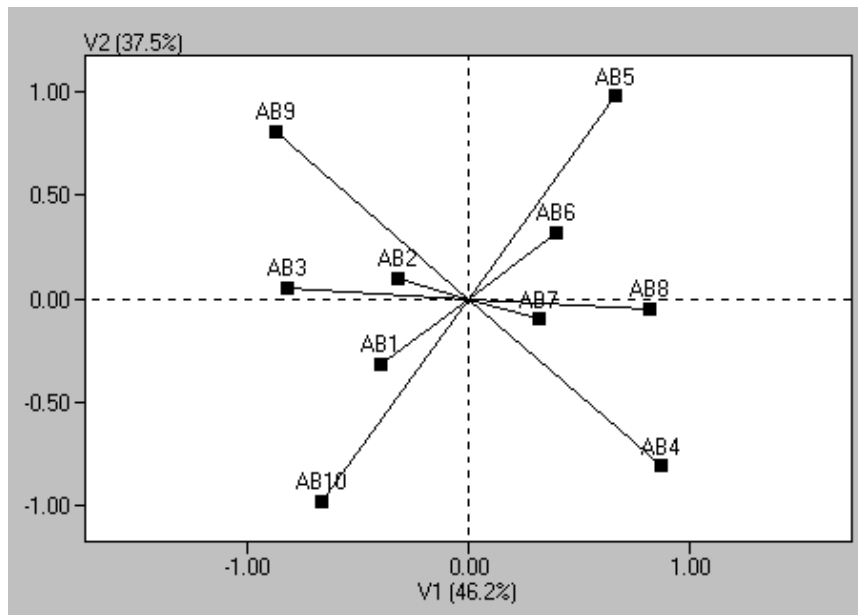
Rys. 1. Efekty główne i proste regresji efektów interakcyjnych mieszańców względem środowiska
 Fig. 1. Main effects and regression lines of interaction effects of hybrids on environment

Badanie struktury interakcji ze względu na środowisko i na mieszańce

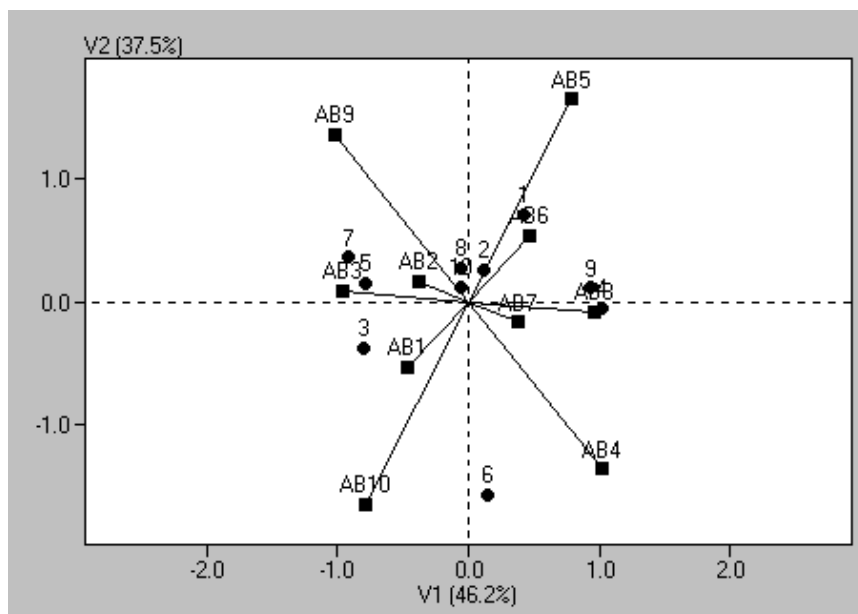
Z pomocą analizy składowych głównych wyznaczono współczynniki kontrastów między mieszańcami, a następnie otrzymano oceny tych kontrastów w poszczególnych środowiskach (rys. 2). Okazało się, że najbardziej odbiegającymi od innych jest środowisko AB5 o bardzo wysokich składowych i środowisko AB10 o obu składowych bardzo niskich. Najbardziej odległymi od siebie są środowiska AB5 i AB10 oraz środowiska AB4 i AB9, natomiast najbliższe są środowiska AB1 i AB2 oraz AB7 i AB6.

Strukturę interakcji polegającą na ocenie kontrastów między środowiskami dla poszczególnych mieszańców pokazano graficznie na rysunku 3.

Mieszańce skupiają się w pewne grupy, przy czym grupa z mieszańcami 2, 8 i 10 ułożyła się bardzo blisko środka układu, podczas gdy grupa z mieszańcami 7, 5 i 3 ułożyła się stosunkowo daleko od środka układu, a najdalej ułożyła się samodzielnie mieszaniec 6. Mieszańce skupiające się w grupy i leżące bardzo blisko siebie, są mieszańcami o stosunkowo małej interakcji tzn. są bardzo zbliżonymi pod względem plonowania. Ich cechą wspólną jest nie tylko podobny potencjał plonowania ale także brak różnic w reakcji na warunki środowiska.



Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych
Fig. 2. Representation of environments in the system of principal components



Rys. 3. Przedstawienie mieszańców w układzie składowych głównych
Fig. 3. Representation of hybrids in the system of principal components

Wartości statystyki F dla interakcji różnic między mieszańcami przedstawiono w tabeli 5. Mieszańce, które mają najmniejsze wartości, czyli mają najkrótszy dendryt są mieszańcami o najbliższym podobieństwie względem interakcji ze środowiskiem, są to mieszańce 2 i 8 oraz mieszańce 8 i 10. Mieszańce 2, 8 i 10 należą do grupy mieszańców o małej interakcji, odznaczającymi się małymi różnicami w plonowaniu w poszczególnych środowiskach. Mieszańcami o dużej interakcji, przekraczającej wartości krytyczne nawet na poziomie 0,01 były mieszańce: 1 i 6, 3 i 4, 4 i 6, 4 i 7, 5 i 6, 5 i 9 oraz 6 i 7. Mieszańce te odznaczały się dużymi różnicami w plonowaniu w poszczególnych środowiskach.

Interesujące jest jednocześnie graficzne przedstawienie środowisk i mieszańców (rys. 4). Z rysunku wynika, że ze środowiskami AB4 i AB10 (o wysokiej ujemnej interakcji) koresponduje mieszaniec 6, ze środowiskiem AB3 mieszańce 5 i 7, ze środowiskiem AB8 mieszańce 9 i 4, oraz ze środowiskiem AB5 mieszaniec 1.

Tabela 5

Wartości statystyki F dla interakcji różnic między mieszańcami
F-statistic values for interaction of differences among hybrids

Mieszaniec Hybrid	KOC 9939	KOC 9943	KOC 9944	KOCKOSZ 99301	KOCKOSZ 971102	KOCSWS 971104	Janna	Caraibe	Electra
SMH 1177-9910									
KOC 9939	0,49								
KOC 9943	2,79**	1,32							
KOC 9944	1,88	1,18	3,96**						
KOCKOSZ 99301	2,93*	1,25	1,13	3,25*					
KOCKOSZ971102	5,23**	3,36*	2,54*	3,63**	4,44**				
KOCSWS 971104	2,00	1,26	0,96	4,57**	0,91	4,72**			
Janna	0,56	0,05	1,11	1,62	1,03	3,39*	0,82		
Caraibe	0,65	0,77	3,39*	0,70	3,66**	3,36*	3,39*	1,02	
Electra	0,79	0,21	1,21	1,71	1,13	2,84*	0,79	0,10	0,99
Wartości krytyczne Critical values									
F 0,05*	2,42								
F 0,01**	3,41								

Dendryt najkrótszy

The shortest dendrite

$$F(1,2) = 0,49$$

$$F(2,8) = 0,05$$

$$F(8,10) = 0,10$$

$$F(10,7) = 0,79$$

$$F(7,3) = 0,96$$

$$F(3,6) = 2,54$$

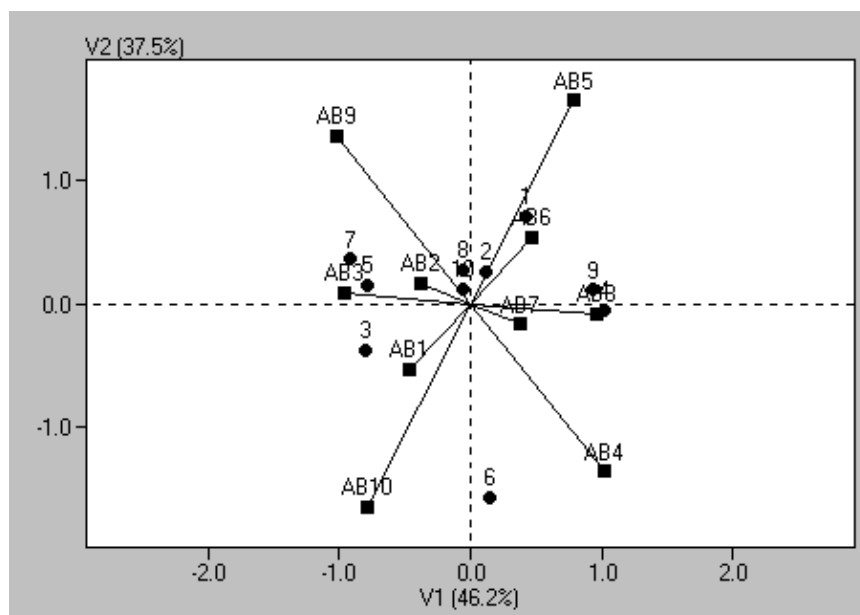
$$F(7,5) = 0,91$$

$$F(1,9) = 0,65$$

$$F(9,4) = 0,70$$

Można to interpretować tak, że jeśli mieszaniec charakteryzuje się interakcją dodatnią z danym środowiskiem to jest najlepiej zaadaptowanym w danym środowisku, warunki tego środowiska są dla niego najbardziej korzystne. Mieszańce kukurydzy, dla których w doświadczeniach stwierdzono odchylenie interakcyjne w niektórych środowiskach dodatnie a w innych ujemne, uznać należy za mało plastyczne, ulegające presji środowiska.

Nie oznacza to, że są one bezwartościowe, ale powinny być rejonizowane dla pewnych, ściśle określonych rejonów uprawy.



Rys. 4. Jednoczesne przedstawienie środowisk i mieszańców w układzie składowych głównych
Fig. 4. Simultaneous representation of environments and hybrids in the system of principal components

WNIOSKI

1. Analiza plonu ziarna badanych mieszańców z zastosowaniem nowoczesnego programu statystycznego SERGEN 3 dostarczyła dużo informacji o stabilności ich plonowania.
2. Stwierdzono interakcję mieszańców ze środowiskami, natomiast nie stwierdzono interakcji mieszańców z latami.
3. Najplenniejszy mieszaniec 10 (Electra) wykazał się tylko interakcją z miejscowościami, jest mieszańcem ekstensywnym, zalecanym do uprawy w warunkach mniej korzystnych.
4. Pięć mieszańców: SMH 1177-9910, KOC 9939, KOC 9943, KOCKOSZ 99301 i KOCSWS 971104 nie wykazało żadnej interakcji z latami, miejscowościami i ze środowiskami, są to najbardziej stabilne mieszańce polecane do uprawy w całym kraju.
5. Najniżej plonujący mieszaniec 8 (Janna) wykazał bardzo dużą interakcję zarówno w latach jak i w miejscowościach, jest mieszańcem niestabilnym i przez to mało wartościowym.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 3. IGR PAN Poznań.
- Czajka S. 1996. Metody analizy serii doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich zakładanych w układzie bloków niekompletnych. Listy Biometryczne — Biometrical Letters 32: 101 — 129.
- Elandt R. 1956. O pewnych testach interakcji w doświadczeniach wieloletnich i wielokrotnych. Zagadnienie rejonizacji. Zast. Matemat. 3: 8 — 45.
- Freeman G.H. 1973. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. Heredity 31: 339 — 354.
- Freeman G. H. 1985. The analysis and interpretation of interactions. J. Appl. Statist. 12: 3 — 10.
- Freeman G. H., Crisp P. 1979. The use of related variables in explaining genotype-environment interactions. Heredity 42: 1 — 11.
- Hill J. 1975. Genotype-environment interactions — a challenge for plant breeding. J. Agricult. Sci. Cambridge. 85: 477 — 493.
- Królikowski Z. 2001. Zmienność liczby liści okrywowych kolb linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.) na tle różnych środowisk. Biul. IHAR 217: 139 — 150.
- Lin C. S. 1982. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. Theor. Appl. Genet. 26: 277 — 280.
- Mungomery V. E., Shorter R., Byth D .E. 1974. Genotype x environment interactions and environmental adaptation. 1. Pattern analysis application to soy bean populations. Aust. J. Agricult. Res. 25: 59 — 72.
- Neyman J. 1932. O metodach opracowywania doświadczeń wielokrotnych. Roczn. Nauk Rol. i Leśn. 28: 154 — 210.
- Przyborowski J., Wileński H. 1938. Analiza zmienności wyników doświadczeń wielokrotnych. Roczn. Nauk Rol. i Leśn. 44: 3 — 19.
- Wood J. I. 1976. The use of environmental variables in the interpretation of genotype-environment interaction. Heredity 37: 1 — 7.

HENRYK CYGERT¹JÓZEF ADAMCZYK¹ZYGMUNT KRÓLIKOWSKI¹JAN KACZMAREK²¹ Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław

Wartość gospodarcza wybranych mieszańców kukurydzy (*Zea mays* L.) badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 1999–2000

Agronomic value of selected maize hybrids (*Zea mays* L.) tested in preliminary trials in 1999–2000

W pracy oceniono wartość gospodarczą 36 mieszańców kukurydzy w uprawie na ziarno badanych w cyklu dwuletnim w 1999 i 2000 roku, wybranych spośród 110 mieszańców badanych corocznie w doświadczeniach wstępnych założonych w 5 miejscowościach: Smolice, Łagiewniki, Kobierzyce, Mikulice i Radzików. Doświadczenia założono metodą bloków niekompletnych (krata kwadratowa 5 x 5) na poletkach dwurzędkowych o powierzchni 10 m² w 3 powtórzeniach. Określono plon ziarna (w dt/ha) przy 15% zawartości wody oraz zawartość suchej masy w ziarnie w czasie zbioru. Dla badanych mieszańców w cyklu dwuletnim, wyniki zestawiono w 3 tabelach, jako wartości średnie w poszczególnych latach badań oraz w dwuleciu 1999–2000. Wyniki poszczególnych mieszańców dla plonu ziarna przedstawiono tabelarycznie w formie wartości bezwzględnych (dt/ha) oraz jako procent średniej wartości tej cechy do trzech wzorców: Janna, Caraibe i Electra. Wyniki dla zawartości suchej masy w ziarnie przedstawiono w wartościach bezwzględnych (w%) dla poszczególnych mieszańców oraz jako odchylenia od średniej wzorców. Spośród 36 mieszańców badanych w cyklu dwuletnim istotnie powyżej średniej wzorców plonowały 24 mieszańce, a na poziomie średniej wzorców 10 mieszańców. Istotnie wyższą zawartość suchej masy w ziarnie od średniej wzorców uzyskały 3 mieszańce, a dla 6 mieszańców wartość tej cechy była na poziomie średniej wzorców. Tylko 1 mieszaniec uzyskał jednocześnie wartości istotnie wyższe od średniej wzorców dla obu cech. Natomiast 5 mieszańców uzyskało plon istotnie wyższy od średniej wzorców przy zawartości suchej masy na poziomie średniej wzorców. Uzyskane wyniki były podstawą zgłoszenia najlepszych 12 mieszańców do doświadczeń rejestrowych COBORU w 2001 roku.

Słowa kluczowe: doświadczenia wstępne, kukurydza, mieszaniec, plon ziarna, sucha masa w ziarnie

In this paper the agronomic value of 110 maize hybrids included into preliminary grain trials carried out in 1999 and 2000 in 5 localities was studied. Out of these, 36 hybrids were tested in both years. The

trials were performed in a lattice design on 10 m² two-row plots in three replications. The yield of grain in dt/ha at 15% moisture content and dry matter content in grain at harvest were evaluated. For 36 hybrids tested in both years the data are presented in three tables as mean values obtained in each year of testing and as a two-year average. Based on the results obtained, the best twelve hybrids were applied for the official trials in 2001.

Key words: grain dry matter, grain yield, hybrid, maize, preliminary trials

WSTĘP

Możliwość wszechstronnego wykorzystania ziarna kukurydzy oraz rosnący zasięg geograficzny uprawy sprawiają, że wielu specjalistów na całym świecie poświęca dużą uwagę tej roślinie (Olbycht i Nadwyczawski, 1956; Adamczyk, 1999; Warzecha, 2000). Kukurydza w uprawie na ziarno jest jedną z roślin uprawnych o najwyższej opłacalności, dająca możliwość zwiększenia plonów, a tym samym dochodów rolnika (Kawczycka i Cieślak, 1997). Uzyskany plon ziarna jest zależny od intensywności i czasu trwania wypełniania się ziarna, czyli gromadzenia suchej masy w ziarnie w określonych warunkach środowiskowo-pogodowych.

Plon ziarna oraz zawartość suchej masy w ziarnie są w znaczącym stopniu uwarunkowane genetycznie, są więc cechami odmianowymi (Troyer i Brown, 1976).

W warunkach klimatu Polski na produkcję biomasy korzystniej wpływa dostępność wody w okresie wegetacji (w szczególności w miesiącach lipiec i sierpień), niż temperatura powietrza (Michalski i in., 1996; Sulewska, 1997). W związku z dynamicznym postępowaniem w hodowli wczesnych mieszańców, granica uprawy kukurydzy stopniowo przesuwa się na północ oraz zmniejsza się ujemna korelacja między wysokością plonu a zawartością suchej masy w ziarnie (Adamczyk, 2001). Według Sprague'a (1977) hodowcy nie wyczerpali i nie prędko wyczerpią wszystkie możliwości w kreowaniu wciąż nowych, plenniejszych i lepiej zaadaptowanych do środowiska mieszańców kukurydzy.

Ocena wartości gospodarczej jest bardzo ważnym etapem w procesie hodowlanym. Nowe mieszańce badane są w różnego typu doświadczeniach, jednym z nich są doświadczenia wstępne. Doświadczenia te są ostatnią fazą badań przez hodowcę i dają podstawę zgłoszenia najlepszych mieszańców do doświadczeń rejestrowych COBORU.

Celem pracy była ocena 36 mieszańców kukurydzy badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 1999–2000. W ocenie uwzględniono plon ziarna oraz zawartość suchej masy w czasie zbioru.

MATERIAŁ I METODY

W doświadczeniach wstępnych wykonanych w roku 1999 i 2000 badano po 110 eksperymentalnych mieszańców kukurydzy krajowych i zagranicznych firm hodowlanych: Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o., Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o., Pracownia Kukurydzy IHAR w Radzikowie, Advanta z Holandii, SWS z Niemiec oraz Oseva z Czech.

Mieszańce porównywano w pięciu doświadczeniach wstępnych na ziarno (WZ1 do WZ5) po 25 obiektów w każdym, z trzema odmianami wzorcowymi: wczesna — Janna, średnio wczesna — Caraiibe i średnio późna — Electra.

Spośród 110 mieszańców badanych w doświadczeniach w roku 1999 wybrano 36 mieszańców, które uzyskały najlepsze oceny i włączono je do doświadczeń w roku 2000 wraz z innymi mieszańcami.

W każdym roku badań doświadczenia zlokalizowano w pięciu miejscowościach różnych pod względem położenia geograficznego i warunków klimatycznych: Smolice i Łagiewniki woj. wielkopolskie, Kobierzyce woj. dolnośląskie, Radzików woj. mazowieckie oraz Mikulice woj. małopolskie.

Doświadczenia założono metodą bloków niekompletnych (krata kwadratowa 5 x 5), w trzech powtórzeniach na poletkach dwurzędkowych o powierzchni 10 m².

Warunki klimatyczne w obu latach badań były odmienne: rok 1999 był bardzo ciepły z okresami suszy w miesiącu sierpniu i wrześniu, natomiast w roku 2000 wiosna była bardzo ciepła i sucha a lato chłodniejsze od średniej wieloletniej i z większą ilością opadów. Opóźniło to kwitnienie i dojrzewanie kukurydzy, wydłużając jednocześnie sezon wegetacyjny.

Dla wyników obserwacji dwóch cech, tj. plonu ziarna przy 15% zawartości wody oraz zawartości suchej masy w ziarnie, w każdej miejscowości i roku wykonano analizy korzystając z programu opracowanego przez Studio komputerowe Agrosoft w Radzikowie. Podzielono mieszańce na grupy jednorodne. Dla 36 mieszańców badanych w cyklu dwuletnim przedstawiono średnie wyniki w roku 1999 (tab. 1) i w 2000 (tab. 2), oraz średnie za lata 1999–2000 (tab. 3) dla plonu ziarna i zawartości suchej masy w ziarnie.

Zgodnie z przyjętą przez COBORU (Siódmiak, 1990) metodą opracowania wyników doświadczeń wstępnych dla kukurydzy, uzyskane wyniki dla plonu ziarna przedstawiono w tabelach 1, 2 i 3 jako wartości bezwzględne (dt/ha), procent średniej wartości tej cechy w stosunku do trzech wzorców, oraz wartości NIR dla danego doświadczenia, w którym był badany mieszaniec.

Wyniki dla zawartości suchej masy w ziarnie przedstawiono w wartościach bezwzględnych (w %) dla poszczególnych mieszańców, jako odchylenia tej cechy od średniej wzorców, oraz wartości NIR dla danego doświadczenia w którym był badany mieszaniec.

W tabeli 1 i 2 zestawiono wyniki dla 36 mieszańców uzyskane w pięciu doświadczeniach wstępnych w latach 1999 i 2000, wyliczone według programu opracowanego przez Studio komputerowe Agrosoft w Radzikowie, a w tabeli 3 średnie wyniki tych mieszańców z obu lat.

WYNIKI

Rok 1999

Średnie wartości dla plonu ziarna były zróżnicowane dla poszczególnych doświadczeń i miejscowości. Najwyższy średni plon uzyskano w doświadczeniu WZ5 — 103,3 dt/ha i WZ2 — 102,0 dt/ha, natomiast najniższy w doświadczeniu WZ1 — 96,1 dt/ha.

Tabela 1

**Średnie wyniki plonowania i zawartości suchej masy w ziarnie mieszańców kukurydzy badanych
w doświadczeniach wstępnych w roku 1999**

Average yield and dry matter content in grain of maize hybrids tested in preliminary trials in 1999

Numer mieszańca Hybrid no.	Rok 1999 Year 1999					
	plon yield			sucha masa dry mass		
	dt/ha	% wzorca percentage of standard	NIR LSD (%)	%	odchylenie od wzorca standard deviation	NIR LSD (%)
1	2	3	4	5	6	7
SMH 1192-9926	115,0	116,6*	3,60	73,50	-1,11*	0,62
SMH 1189-9923	112,9	112,3*	4,05	72,36	-2,39*	0,75
SMH 1197-9931	109,9	109,4*	4,05	73,22	-1,53*	0,62
SMRAH 1208-9942	110,5	108,5*	3,80	72,80	-1,29*	0,59
SMH 1186-9920	109,2	110,7*	3,60	73,55	-1,06*	0,55
SMH 1199-9933	110,8	108,8*	3,80	72,86	-1,23*	0,59
SMH 1206-9940	112,5	110,5*	3,80	73,68	-0,41	0,59
SMH 1128-9814	105,8	105,3*	4,05	74,04	-0,71*	0,54
SMH 1194-9928	106,0	107,6*	3,96	72,18	-2,40*	0,55
SMRAH 1209-9943	110,6	108,6*	3,80	72,34	-1,75*	0,59
SMH 1145-9831	104,6	104,1*	4,05	74,76	+0,01	0,54
KOC 9943	105,8	105,3*	4,05	69,78	-4,97*	0,54
ADV 2308	108,5	106,6*	3,80	73,64	-0,45	0,54
SMH 1177-9911	107,9	107,4*	4,05	72,72	-2,03*	0,59
SMH 1144-9830	106,3	106,3*	3,96	72,85	-1,73*	0,55
ADV 4308	111,2	109,2*	3,80	75,64	+1,55*	0,59
ADV 1308	107,3	105,4*	3,80	76,10	+2,01*	0,59
KOC 9943	105,7	105,2*	4,05	70,88	-3,87*	0,54
KOC KOSZ 99301	103,5	103,0	4,05	71,74	-3,01*	0,54
KOC SWS 971102	103,6	103,1	4,05	71,12	-3,63*	0,54
ADV 3056	108,3	106,4*	3,80	73,74	-0,35	0,59
SMH 1179-9913	103,2	104,6*	3,65	71,14	-2,79*	0,61
KOC 9939	108,3	107,8*	4,05	69,92	-4,83*	0,54
KOC SWS 971104	104,4	103,9	4,05	71,52	-3,23*	0,54
KOC 9814	95,4	96,6	3,65	72,60	-1,33*	0,61
KOC 9918	97,9	97,4	4,05	73,42	-1,33*	0,54
KOC SWS 991117	97,8	99,1	3,65	73,08	-0,85*	0,61
KOC 9917	97,9	97,4	4,05	73,68	-1,07*	0,54
KOC 9942	99,6	97,8	3,80	68,94	-5,15*	0,59
KOC 9929	101,1	99,2	3,80	72,32	-1,77*	0,59
KOC 9945	98,2	99,5	3,96	70,95	-3,63*	0,55
KOC 9915	95,0	96,4	3,96	74,93	+0,35	0,55
KOC 9903	98,7	98,2	4,05	74,62	-0,13	0,54
KOC 9920	96,4	97,7	3,65	73,04	-0,89*	0,61
KOC 9904	94,0	92,3*	3,80	78,58	+4,49*	0,59
KOC 9937	91,8	93,0*	3,65	76,24	+2,31*	0,61

* — Istotnie różne od średniej wzorców przy $P = 0,05$

* — Significantly different from the mean value of standards at $P = 0.05$

Średnia wartość tej cechy w poszczególnych miejscowościach dla wszystkich doświadczeń była następująca: 108,1 dt/ha w Radzikowie, 101,7 dt/ha w Mikulicach, 101,3 dt/ha w Łagiewnikach, 99,8 dt/ha w Kobierzycach i 90,5 dt/ha w Smolicach.

Stwierdzono istotne różnicowanie dla plonu ziarna między obiektami w doświadczeniach (przeciętnie w miejscowościach), oraz między poszczególnymi miejscowościami (przeciętnie dla obiektów) (tabel analiz wariancji nie zamieszczono w pracy).

Spośród 36 mieszańców badanych w cyklu dwuletnim, powyżej średniej wzorców w 1999 roku plonowały 24 mieszańce, w tym dla 21 mieszańców były to wartości istotne (tab. 1). Najwyższy plon ziarna, wynoszący 116,6% średniej wzorców (NIR 3,6%) uzyskał mieszaniec SMH 1192-9926. Tylko 2 mieszańce, tj. KOC 9904 i KOC 9937 plonowały istotnie poniżej średniej wzorców, tj. 92,3% i 93,0% średniej wzorców przy wartości NIR odpowiednio 3,8% i 3,65%.

Średnia zawartość suchej masy w czasie zbioru doświadczeń wynosiła ponad 70% we wszystkich miejscowościach, uzyskując najwyższą wartość 76,12% w Łagiewnikach i najniższą wartość 70,49% w Radzikowie.

Dla odmian wzorcowych średnia wartość tej cechy wyniosła 74,39% przy odchyleniu +3,72% dla mieszańca Janna, +0,70% dla mieszańca Caraibe i -4,42% dla mieszańca Electra. Wyższą od średniej wzorców zawartości suchej masy w ziarnie uzyskało 6 mieszańców, w tym dla 4 mieszańców: KOC 9904, KOC 9937, ADV 1308 i ADV 4308 były to odchylenia istotne. Dla 26 mieszańców wartość tej cechy była istotnie niższa od średniej wzorców (tab. 1).

Rok 2000

Średnie wartości dla plonu ziarna ze wszystkich miejscowości były wyższe niż w 1999 roku. Najwyższy średni plon uzyskano w doświadczeniu WZ 3 — 115,7 dt/ha, a najniższy w doświadczeniu WZ 2 — 111,5 dt/ha.

Tabela 2

Średnie wyniki plonowania i zawartości suchej masy w ziarnie mieszańców kukurydzy badanych w doświadczeniach wstępnych w roku 2000
Average yield and dry matter content in grain of maize hybrids tested in preliminary trials in 2000

Numer mieszańca Hybrid no.	Rok 2000 Year 2000					
	plon yield			sucha masa dry mass		
	dt/ha	% wzorca percentage of standard	NIR LSD (%)	%	odchylenie od wzorca standard deviation	NIR LSD (%)
1	2	3	4	5	6	7
SMH 1192-9926	126,9	121,7*	3,40	68,82	-1,19*	0,35
SMH 1189-9923	126,3	120,2*	3,09	68,36	-2,62*	0,43
SMH 1197-9931	132,2	122,7*	3,11	68,14	-1,91*	0,46
SMRAH 1208-9942	131,3	121,9*	3,11	69,30	-0,75*	0,46
SMH 1186-9920	125,7	116,7*	3,11	70,90	+0,85*	0,46
SMH 1199-9933	123,6	118,5*	3,40	69,48	-1,25*	0,35
SMH 1206-9940	124,0	114,5*	3,29	70,24	+0,15	0,51
SMH 1128-9814	128,4	119,2*	3,11	65,96	-4,09*	0,46
SMH 1194-9928	121,5	116,5*	3,40	68,86	-1,87*	0,35
SMRAH 1209-9943	121,2	112,5*	3,11	68,80	-1,25*	0,46
SMH 1145-9831	124,8	115,8*	3,11	69,50	-0,55*	0,46

c.d. Tabela 2

1	2	3	4	5	6	7
KOC 9943	117,2	112,4*	3,40	65,96	-4,77*	0,35
ADV 2308	119,2	110,1*	3,29	68,42	-1,67*	0,51
SMH 1177-9911	114,1	109,4*	3,40	67,78	-2,95*	0,35
SMH 1144-9830	118,6	110,1*	3,11	68,12	-1,93*	0,46
ADV 4308	115,8	106,9*	3,29	69,72	-0,37	0,51
ADV 1308	119,7	110,5*	3,29	68,66	-1,43*	0,51
KOC 9943	114,1	109,4*	3,40	67,18	-3,55*	0,51
KOC KOSZ 99301	116,0	111,2*	3,40	66,82	-3,91*	0,35
KOC SWS 971102	115,1	110,3*	3,40	66,06	-4,67*	0,35
ADV 3056	114,6	105,8*	3,29	69,34	-0,75*	0,51
SMH 1179-9913	112,8	107,3*	3,09	69,22	-1,76*	0,43
KOC 9939	108,3	103,8*	3,40	66,72	-4,01*	0,35
KOC SWS 971104	111,9	107,3*	3,40	66,10	-4,63*	0,35
KOC 9814	117,1	108,1*	3,29	66,80	-3,29*	0,51
KOC 9918	115,8	106,9*	3,29	67,50	-2,59*	0,51
KOC SWS 991117	107,6	103,2	3,40	68,30	-2,43*	0,35
KOC 9917	113,4	104,7*	3,29	67,64	-2,45*	0,51
KOC 9942	108,5	102,8	2,81	66,14	-3,98*	0,39
KOC 9929	105,9	100,4	2,81	67,62	-2,50*	0,39
KOC 9945	105,2	99,7	2,81	68,00	-2,12*	0,39
KOC 9915	109,4	101,0	3,29	68,96	-1,13*	0,51
KOC 9903	107,0	98,8	3,29	68,58	-1,51*	0,51
KOC 9920	107,0	98,8	3,29	68,06	-2,03*	0,51
KOC 9904	104,8	98,8	3,29	73,26	+3,17*	0,51
KOC 9937	99,5	95,4*	3,40	73,06	+2,33*	0,35

* — Istotnie różne od średniej wzorców przy $P = 0,05$

* — Significantly different from the mean value of standards at $P = 0.05$

Średnia wartość tej cechy dla wszystkich doświadczeń była najwyższa w Mikulicach — 118,4 dt/ha, a najniższa w Smolicach — 104,4 dt/ha.

Pośród 36 mieszańców badanych w cyklu dwuletnim, plony ziarna istotnie wyższe od średniej wzorców uzyskało 27 mieszańców, a tylko 1 mieszaniec KOC 9937 uzyskał plon istotnie niższy od średniej wzorców (tab. 2). Najwyższy plon, wynoszący 122,7% średniej wzorców uzyskał mieszaniec SMH 1197-9931.

Średnia zawartość suchej masy w ziarnie przy zbiorze doświadczeń była niższa o 4,58% niż w 1999 roku, uzyskując najwyższą wartość w Łagiewnikach — 70,26%, a najniższą w Mikulicach — 65,94%.

Dla odmian wzorcowych średnia wartość tej cechy wyniosła 70,39%, przy odchyleniu + 4,73% dla mieszańca Janna, — 0,43% dla mieszańca Caraibe i — 4,29% dla mieszańca Electra. Wyższą od średniej wzorców zawartość suchej masy w ziarnie uzyskały 4 mieszańce, w tym dla 3 mieszańców: KOC 9904, KOC 9937 i SMH 1186-9920 były to odchylenia istotne. Dla 31 mieszańców wartość tej cechy była istotnie niższa od średniej wzorców (tab. 2).

Wyniki za dwulecie 1999–2000

Zestawienie średnich za dwulecie 1999-2000 dla plonów ziarna oraz zawartości suchej masy w ziarnie dla 36 mieszańców przedstawiono w tabeli 3. Istotnie powyżej średniej wzorców plonowały 24 mieszańce, a najplenniejszy mieszaniec SMH 1192-9926 uzyskał

119,2% średniego plonu wzorców. Dwa mieszańce -KOC 9904 i KOC 9937 plonowały istotnie poniżej średniej wzorców.

Tabela 3

**Średnie wyniki plonowania i zawartości suchej masy w ziarnie mieszańców kukurydzy badanych
w doświadczeniach wstępnych w latach 1999–2000**

Average yield and dry mass content in grain of maize hybrids tested in preliminary trials in 1999–2000

Numer mieszańca Hybrid no.	Średnia z a lata 199 9–2000 Arverage for 1999–2000					
	plon yield			sucha masa dry mass		
	dt/ha	% wzorca percentage of standard	NIR LSD w %	%	odchylenie od wzorca standard deviation	NIR LSD %
1	2	3	4	5	6	7
SMH 1192-9926	121,0	119,2*	3,50	71,16	-1,51*	0,49
SMH 1189-9923	119,6	116,3*	3,52	70,36	-2,51*	0,59
SMH 1197-9931	121,1	116,1*	3,53	70,68	-1,72*	0,61
SMRAH 1208-9942	120,9	115,2*	3,46	71,05	-1,02*	0,53
SMH 1186-9920	117,5	113,7*	3,36	72,23	-0,11	0,54
SMH 1199-9933	117,2	113,7*	3,60	71,17	-1,24*	0,47
SMH 1206-9940	118,3	112,5*	3,55	71,96	-0,13	0,55
SMH 1128-9814	117,1	112,3*	3,53	70,00	-2,40*	0,61
SMH 1194-9928	113,8	112,1*	3,68	70,52	-2,14*	0,50
SMRAH 1209-9943	115,9	110,6*	3,46	70,57	-1,55*	0,53
SMH 1145-9831	114,7	110,0*	3,53	72,13	-0,27	0,61
KOC 9943	111,5	108,9*	3,67	67,87	-4,87*	0,55
ADV 2308	113,9	108,4*	3,55	71,03	-1,06*	0,55
SMH 1177-9911	111,0	108,4*	3,67	70,25	-2,49*	0,55
SMH 1144-9830	112,5	108,2*	3,54	70,49	-1,83*	0,56
ADV 4308	113,5	108,1*	3,55	72,68	+0,59*	0,55
ADV 1308	113,5	108,0*	3,55	72,38	+0,29	0,55
KOC 9943	109,9	107,3*	3,67	69,03	-3,71*	0,55
KOC KOSZ 99301	109,8	107,1*	3,67	69,28	-3,46*	0,55
KOC SWS 971102	109,4	106,7*	3,67	68,59	-4,15*	0,55
ADV 3056	111,5	106,1*	3,55	71,54	-0,55	0,55
SMH 1179-9913	108,0	106,0*	3,37	70,18	-2,28*	0,52
KOC 9939	108,3	105,8*	3,67	68,32	-4,42*	0,55
KOC SWS 971104	108,2	105,6*	3,67	68,81	-3,93*	0,55
KOC 9814	106,3	103,3	3,47	69,70	-2,31*	0,56
KOC 9918	106,9	102,2	3,60	70,46	-1,96*	0,63
KOC SWS 991117	102,7	101,2	3,53	70,69	-1,64*	0,48
KOC 9917	105,7	101,1	3,60	70,66	-1,76*	0,63
KOC 9942	104,1	100,3	3,31	67,54	-4,57*	0,49
KOC 9929	103,5	99,8	3,31	69,97	-2,14*	0,49
KOC 9945	101,7	99,6	3,39	69,48	-2,88*	0,52
KOC 9915	102,2	98,7	3,63	71,95	-0,39	0,58
KOC 9903	102,9	98,5	3,62	71,60	-0,82*	0,63
KOC 9920	101,7	98,3	3,47	70,55	-1,46*	0,56
KOC 9904	99,4	94,6*	3,55	75,92	+3,83*	0,55
KOC 9937	95,7	94,2*	3,53	74,65	+2,32*	0,48

* — Istotnie różne od średniej wzorców przy P= 0,05

* — Significantly different from the mean value of standards at P = 0.05

Tylko 3 mieszańce KOC 9904, KOC 9937 i ADV 4308 uzyskały zawartość suchej masy w ziarnie istotnie wyższą od średniej wzorców, a dla 27 mieszańców wartość tej cechy była istotnie niższa od średniej wzorców (tab. 3).

DYSKUSJA

Doświadczenia wstępne są ostatnim etapem oceny wartości gospodarczej nowych mieszańców kukurydzy prowadzonym przez hodowcę. Wyniki tych doświadczeń stanowią podstawę zgłoszenia najlepszych mieszańców do doświadczeń rejestrowych COBORU. Hodowca, oczekując końcowego efektu w postaci wpisania odmiany do rejestru, dąży do możliwie wszechstronnej jej oceny aby uzyskać powtarzalne w latach wyniki z jak największej liczby środowisk (Królikowski, 1979; Troyer, 1996; Adamczyk, 1998).

Oceniane w tej pracy mieszańce kukurydzy były włączone do doświadczeń wstępnych w uprawie na ziarno w różnych pod względem pogody latach 1999–2000 i w pięciu różnych pod względem glebowo-klimatycznym środowiskach. W bardzo ciepłym i stosunkowo suchym sezonie wegetacyjnym 1999 najwyższe średnie plony ziarna (108,1 dt/ha) uzyskano w Radzikowie, czyli najdalej na północ wysuniętej miejscowości, natomiast w chłodniejszym i z większą ilością opadów sezonie 2000 najwyższe średnie plony ziarna (118,4 dt/ha) uzyskano w Mikulicach, leżących w południowo-wschodniej Polsce.

Wzrostowi plonu w 2000 roku towarzyszył znaczący, bo średnio o 4,58% spadek zawartości suchej masy w ziarnie przy zbiorze. W praktyce rolniczej oznacza to znaczny wzrost kosztów suszenia ziarna, który nie zawsze jest rekompensowany wyższym plonem. Według Michalskiego (2001) wyższa o 1% zawartość suchej masy w ziarnie równoważy obniżenie plonu ziarna o ok. 2 dt/ha.

Spśród 36 mieszańców badanych w cyklu dwuletnim, plony ziarna istotnie wyższe od średniej wzorców uzyskano dla 21 mieszańców w 1999 i dla 27 mieszańców w 2000 roku. Istotnie poniżej średniej wzorców plonowały dwa mieszańce w 1999 i jeden w 2000 roku. Te wyniki wskazują na uzyskanie znaczącego postępu biologicznego w hodowli mieszańców kukurydzy przeznaczonych do uprawy na ziarno w stosunku do średniego plonu 3 mieszańców wzorcowych.

Najbardziej plennym mieszańcem (119,2% średniej wzorców) był SMH 1192-9926, który wykazał stabilność plonowania w dwu latach, zajmując w 1999 r pierwsze miejsce, a w 2000 r trzecie miejsce, ustępując nieznacznie mieszańcom SMH 1197-9931 i SMH 1208-9942 (tab. 3).

Tylko jeden mieszaniec, tj. ADV 4308 uzyskał wartości istotnie wyższe od średniej wzorców dla plonu ziarna i dla zawartości suchej masy w ziarnie. Jako interesujące należy uznać również następujące mieszańce, które przy istotnie wyższym od średniej wzorców plonie ziarna, miały zawartość suchej masy w ziarnie na poziomie średniej wzorców: SMH 1186-9920, SMH 1206-9940, SMH 1145-9831, ADV 1308 i ADV 3056.

Na uwagę zasługuje także mieszaniec KOC 9904, który wprowadzie plonował istotnie poniżej średniej wzorców (94,6%) ale miał istotnie wyższą zawartość suchej masy

w ziarnie (odchylenie +3,83% od średniej wzorców). Ten mieszaniec jako bardzo wczesny, mógłby być zalecany dla rejonów mniej korzystnych do uprawy kukurydzy.

WNIOSKI

1. Uzyskane wyniki dały podstawę zgłoszenia do doświadczeń rejestrowych na ziarno w 2001 roku 12 mieszańców (Hodowla Roślin Smolice — 9, Advanta — 2 i HRR „Nasiona Kobierzyc” — 1).
2. Zgłoszone do doświadczeń rejestrowych mieszańce plonowały istotnie wyżej od średniej wzorców, co wskazuje na uzyskanie znaczącego postępu biologicznego w hodowli polskich mieszańców kukurydzy przeznaczonych do uprawy na ziarno.
3. W dwuleciu 1999–2000 istotnie wyżej od średniej wzorców plonowały 24 mieszańce, a tylko 3 mieszańce uzyskały istotnie wyższą od wzorców zawartość suchej masy w ziarnie.
4. Najplenniejszym mieszańcem w dwuleciu 1999–2000 okazał się mieszaniec SMH 1192-9926, który uzyskał odpowiednio 116,6% i 121,7% średniego plonu wzorców, przy niższej o 1,51% zawartości suchej masy w ziarnie.
5. Wartości istotnie wyższe od średniej wzorców dla plonu ziarna i dla zawartości suchej masy w ziarnie uzyskał tylko mieszaniec ADV 4308.
6. Jako interesujące należy również uznać 5 mieszańców, które przy plonie ziarna istotnie wyższym od średniej wzorców uzyskały zawartość suchej masy na poziomie wzorców.

LITERATURA

- Adamczyk J. 1998. Przegląd metod hodowli kukurydzy i ich skuteczność w praktyce. Biul. IHAR 208: 123 — 129.
- Adamczyk J. 1999. Oszacowanie wartości hodowlanej odmian populacyjnych i syntetycznych kukurydzy (*Zea mays* L.). Biul. IHAR 209: 223 — 245.
- Adamczyk J. 2001. Wprowadzenie do krajowych materiałów hodowlanych plazmy zarodkowej kukurydzy północnoamerykańskiej. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR nr 13. IHAR, Radzików.
- Kawczycka K., Cieślak B. 1997. Kalkulacja opłacalności produkcji wybranych roślin. Kwiecień 1997. ODR Balice.
- Królikowski Z. 1979. Hodowla kukurydzy — zagadnienia wybrane. Biul. IHAR 136: 13 — 20.
- Michalski T. 2001. Nowoczesna technologia zbioru i zagospodarowania kukurydzy. Kukurydza rośliną przyszłości — poradnik dla producentów: 41 — 47.
- Michalski T., Sulewska H., Waligóra H., Dubas A. 1996. Reakcja odmian kukurydzy uprawianej na ziarno na zmienne warunki pogodowe. Rocznik Nauk Rol. Seria A 112 (1/2): 103 — 111.
- Olbrzyt T., Nadwyzawski W. 1956. Kukurydza. PWRL, Warszawa.
- Sprague G. 1977. Corn and corn improvement. Americ. Soc. of Agronomy. Madison, Wisconsin.
- Sulewska H. 1997. Środowiskowe i ekonomiczne uwarunkowania uprawy kukurydzy w Polsce. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 450: 15 — 29.
- Siódmiak J. 1990. Metodyka prowadzenia doświadczeń odmianowych z kukurydzą pastewną. COBORU. Słupia Wielka.
- Troyer A. F. 1996. Breeding widely adapted, popular maize hybrids. Euphytica 92: 163 — 174.
- Troyer A. F., Brown W. L. 1976. Selection for early flowering in corn: seven late synthetics. Crop Sci. 16: 767 — 772.
- Warzecha R. 2000. W Polsce produkuje się za mało kukurydzy. Agroserwis 7 (190): 1 — 2.

ELŻBIETA ADAMSKA¹
TERESA CEGIELSKA-TARAS²
LAURENCJA SZALA²
KRYSTYNA CZERNIK-KOŁODZIEJ²

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Poznaniu

Analiza genetyczna zawartości kwasów tłuszczowych w liniach DH rzepaku ozimego

The genetic analysis of oilseed rape fatty acids composition on the basis of field experiments with doubled haploid lines

Doświadczenia polowe przeprowadzono w dwóch środowiskach na Polu Doświadczalnym Zakładu Roślin Oleistych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Poznaniu w sezonie 1998–1999 oraz w Stacji Doświadczalnej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerekwicy w sezonie 1999–2000. Każde z doświadczeń założono w układzie całkowicie losowym w trzech powtórzeniach. Obiektami były 32 linie podwojonych haploidów (linie DH) wyprowadzone metodą izolowanych mikrospor z pokolenia F₁ mieszańca DH 0-120 × DH C-1041, mieszańce pokolenia F₁ i F₂ (w pierwszym roku badań), F₂ i F₃ (w drugim roku badań) oraz ich formy rodzicielskie. Badano w oleju nasion zawartość następujących kwasów tłuszczowych: kwasu palmitynowego (C16 : 0), kwasu stearynowego (C18 : 0), oleinowego (C18 : 1), linolowego (C18 : 2) i linolenowego (C18 : 3). W wyniku przeprowadzonej dwuczynnikowej analizy wariancji stwierdzono istotne różnice między latami oraz między badanymi genotypami. Natomiast nie wystąpiła dla żadnego kwasu tłuszczowego istotna interakcja genotypy × lata. Na podstawie linii DH oraz odpowiednich pokoleń segregujących oszacowano parametry genetyczne określające efekty addytywnego działania genów [d], dominacji [h] i nieallelicznej interakcji *loci* homozygotycznych [i] i heterozygotycznych [l] dla zawartości poszczególnych kwasów tłuszczowych w każdym roku badań oraz dla obu lat łącznie. Praca stanowi także przykład na wyznaczanie średnich dla dwóch lat badań ocen parametrów genetycznych z wykorzystaniem mieszańców pokolenia F₁ i F₂ w pierwszym roku badań i F₂ i F₃ w drugim roku badań.

Słowa kluczowe: kwasy tłuszczowe, linie DH, parametry genetyczne, rzepak

The field trials were carried out at two sites: Plant Breeding and Acclimatization Institute experimental field in Poznań in the season 1998–1999 and the Experimental Station Institute of Plant Genetics Polish Academy of Science in Cerekwica in the season 1999–2000. Field experiments were conducted in randomized blocks, in three replications. Thirty-two lines of doubled haploid (DH) winter oilseed rape were obtained from F₁ hybrid DH-0120 × DH- C-1041 using isolated microspore culture. Parental forms and F₁ hybrids (in the first year) and F₂ and F₃ hybrids (in the second year) were studied. A content of the following fatty acids: palmitic acid (C16 : 0), stearic acid (C18 : 0), oleic acid (C18 : 1), linoleic acid (C18 : 2), linolenic acid (C18 : 3) was determined. Two-factor analysis of variance

showed significant differences between the years of the study and genotypes. However the interaction genotypes $\times$ years was not significant with any of the acids. Based on DH lines and respective segregating generations, genetic parameters describing the effects of: additive genes (d), dominant genes (h) and non allelic interaction of homozygous (i) and, heterozygous (l) loci were estimated. The parameters were calculated for a content of fatty acids in each year (period) of the study and for two years in total. This work provides the example of how to determinate the means for genetic parameters in a two-year estimation period with the use of F₁ and F₂ hybrids in the first year and F₂ and F₃ hybrids in the second year.

Key words: DH lines, fatty acids, genetic parameters, oilseed rape

WSTĘP

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) jest najważniejszą rośliną oleistą w strefie klimatu umiarkowanego. Na świecie olej rzepakowy w 80% wykorzystywany jest na cele konsumpcyjne. Pozostała część zużywana jest na cele przemysłowe. Według Krzymańskiego (2000) jednym z aktualnych zadań badawczych i hodowlanych jest lepsze dostosowanie jakości odmian rzepaku ozimego dla odbiorców tego surowca, uwzględniające różne zastosowanie oleju rzepaku. Szczególnie pożądane są genotypy z dużą zawartością kwasu oleinowego np. do produkcji oleju napędowego.

Standardowy skład oleju rzepakowego to: 4,5% kwasu palmitynowego (C_{16:0}), 1,5% stearynowego (C_{18:0}), 60% kwasu oleinowego (C_{18:1}), 20% kwasu linolowego (C_{18:2}) oraz 10% kwasu linolenowego (C_{18:3}).

W hodowli rzepaku przy wykorzystaniu form haploidalnych, linie podwojonych haploidów (DH) wyprowadza się najczęściej z mieszańców pokolenia F₁. Linie te mogą stanowić równocześnie interesujący z naukowego punktu widzenia materiał, pozwalający na uzyskanie informacji o efektach addytywnego działania genów i epistazy loci w stanie homozygotycznym. Dla uzyskania informacji o efektach dominowania i współdziałania genów dominujących konieczne jest włączenie do doświadczeń dwóch następujących po sobie pokoleń segregujących. Z ekonomicznego punktu widzenia korzystne jest przeprowadzanie eksperymentów w pierwszym roku badań z udziałem mieszańców pokolenia F₁ i F₂. Liczba nasion uzyskanych z generacji pokolenia F₂ i F₃ pozwala, bowiem na powtórzenie w kolejnym roku doświadczenia bez konieczności ponoszenia kosztów związanych z produkcją nasion pokolenia F₁. Praca zawiera wyniki analizy statystyczno-genetycznej dotyczącej parametrów genetycznych wyznaczonych dla różnych kwasów tłuszczowych rzepaku. Celem badań była ocena efektów działania genów kontrolujących zawartość kwasów tłuszczowych w oleju nasion, jak również wyznaczenie liczby genów (grup genów) kontrolujących zawartość tych kwasów. Praca stanowi równocześnie przykład estymacji i testowania średnich ocen parametrów genetycznych na podstawie doświadczeń dwuletnich obejmujących linie DH oraz mieszańce pokolenia F₁ i F₂ (w pierwszym roku badań) oraz F₂ i F₃ (w drugim roku badań).

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia przeprowadzono na polach doświadczalnych IHAR w Poznaniu w sezonie 1998–1999 oraz IGR PAN w Cerekwicy w sezonie 1999–2000. W obu

doświadczeniach materiał do badań stanowiły 32 linie podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego, otrzymane metodą izolowanych mikrospor z mieszańców pokolenia F_1 (DH 0-120 $\times$ C-1041) oraz ich formy wyjściowe (Cegielska-Taras, Szała, 1997). W doświadczeniu pierwszym brały także udział mieszańce pokolenia F_1 i F_2 , natomiast drugim mieszańce pokolenia F_2 i F_3 . Sposób przeprowadzenia doświadczeń podano w pracy Adamskiej i wsp. (2001). Skład kwasów tłuszczowych w oleju nasion oznaczano metodą chromatografii gazowej (Byczyńska, Krzymański, 1969). Określono procentową zawartość pięciu kwasów tłuszczowych: palmitynowego (C16 : 0), stearynowego, (C18 : 0), oleinowego (C18 : 1), linolowego (C18 : 2), i linolenowego (C18 : 3).

Dane uzyskane z doświadczeń posłużyły do przeprowadzenia obliczeń statystycznych dotyczących efektów addytywnego działania genów [d], dominacji [h] i nieallelicznej interakcji *loci* homozygotycznych [i] oraz heterozygotycznych [l]. Z uwagi na to, że doświadczenie w roku pierwszym obejmowało 32 linie DH oraz mieszańce F_1 i F_2 , oceny parametrów genetycznych wyznaczono za pomocą wzorów podanych w pracy Surma i wsp. (1984). Ponieważ w drugim roku badań uczestniczyły te same linie DH oraz mieszańce pokolenia F_2 i F_3 , dla oceny parametrów wykorzystano metodę opracowaną przez Surmę i wsp. (1997) Aby przeprowadzić pewnego rodzaju syntezę czyli wyznaczyć parametry genetyczne na podstawie obu doświadczeń (różniących się jednym obiektem) konieczne było zastosowanie transformacji umożliwiającej uzupełnienie brakujących obserwacji. Możliwe było albo znalezienie „brakujących” obserwacji mieszańców F_3 w pierwszym roku badań na podstawie pokoleń F_1 i F_2 oraz linii DH, albo też znalezienie „brakujących” obserwacji mieszańców pokolenia F_1 w doświadczeniu z roku drugiego na podstawie obserwacji tej cechy u mieszańców pokolenia F_2 i F_3 . W naszych obliczeniach dokonaliśmy uzupełnienia obserwacji mieszańców pokolenia F_3 w pierwszym roku badań według wzoru:

$$F_3 = \frac{6F_2 + 3L - F_1}{8} \quad (1)$$

Liczbę genów (grup genów) oszacowano metodą podaną w pracy Adamskiego i wsp. (1987). Zastosowane przekształcenie umożliwiło wykonanie analizy wariancji łącznej dla obu lat oraz znalezienie ocen wspomnianych wyżej parametrów genetycznych i przeprowadzenia testowania ich istotności.

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie zawartości badanych kwasów tłuszczowych w oleju nasion dla mieszańców pokolenia F_1 , F_2 , F_3 , linii DH oraz linii DH o wartościach ekstremalnych i oceny parametrów genetycznych przedstawiono w tabelach 1–5.

Tabela 1

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości kwasu palmitynowego (C16 : 0)
Mean values for hybrids, DH lines and estimates and results of testing genetic parameters for palmitic acid (C16 : 0) content

Pokolenia mieszańcowe i linie DH Hybrids and DH lines	Lata Years		
	1999	2000	Średnia Mean
F ₁	4,90	—	—
F ₂	4,96	5,20	5,08
F ₃	(4,96)	5,33	5,14
L _{max}	5,13	5,31	5,22
L _{min}	4,75	4,84	4,80
L _{mean}	4,94	5,23	5,09
Parametry genetyczne Genetic parameters			
[d]	0,183**	0,235**	0,209**
[h]	0,123	1,572	0,848
[i]	0,003	-0,032	-0,014
[l]	-0,147	2,088	1,476
Liczba genów Number of genes	3	4	4

* — Istotne na poziomie p = 0,05

* — Significance at p = 0.05

** — Istotne na poziomie p = 0,01

** — Significance at p = 0.01

(4,96) — Wartość uzyskana ze wzoru (1)

(4.96) — Value obtained from formula (1)

Tabela 2

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości kwasu stearynowego (C18 : 0)
Mean values for hybrids and DH lines, and estimates and results of testing genetic parameters for stearic acid (C18 : 0) content

Pokolenia mieszańcowe i linie DH Hybrids and DH lines	Lata Years		
	1999	2000	Średnia Mean
F ₁	1,56	—	—
F ₂	1,40	1,46	1,43
F ₃	(1,43)	1,20	1,31
L _{max}	1,62	1,60	1,61
L _{min}	1,22	1,04	1,13
L _{mean}	1,53	1,37	1,45
Parametry genetyczne Genetic parameters			
[d]	0,201**	0,266**	0,234**
[h]	-0,489	-1,614	-1,052
[i]	-0,099**	-0,063	-0,081**
[l]	0,475	3,574	2,841
Liczba genów Number of genes	1	1	1

* — Istotne na poziomie p = 0,05

* — Significance at p = 0.05

** — Istotne na poziomie p = 0,01

** — Significance at p = 0.01

(1,43) — Wartość uzyskana ze wzoru (1)

(1.43) — Value obtained from formula (1)

Tabela 3

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości kwasu oleinowego (C18 : 1)
Mean values for hybrids and DH lines and estimates and results of testing genetic parameters for oleic acid (C18 : 1) content

Pokolenia mieszańcowe i linie DH Hybrids and DH lines	Lata Years		
	1999	2000	Średnia Mean
F ₁	63,4	—	—
F ₂	61,9	58,7	60,3
F ₃	(62,0)	59,3	60,7
L _{max}	66,2	63,4	64,8
L _{min}	60,7	57,4	59,0
L _{mean}	62,4	59,2	60,8
Parametry genetyczne Genetic parameters			
[d]	2,71**	2,98**	2,851**
[h]	-2,98	2,01	-0,487
[i]	0,98*	1,20*	1,019**
[l]	3,94	-6,05	-1,057
Liczba genów Number of genes	3	3	3

* — Istotne na poziomie p= 0,05

* — Significance at p = 0.05

** — Istotne na poziomie p= 0,01

** — Significance at p = 0.01

(62,0) — Wartość uzyskana ze wzoru (1)

(62.0) — Value obtained from formula (1)

Tabela 4

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości kwasu linolowego (C18 : 2)
Mean values for hybrids and DH lines and estimates and results of testing genetic parameters for linoleic acid (C18 : 2) content

Pokolenia mieszańcowe i linie DH Hybrids and DH lines	Lata Years		
	1999	2000	Średnia Mean
F ₁	18,5	—	—
F ₂	19,8	22,8	21,3
F ₃	(19,8)	21,5	20,6
L _{max}	20,7	23,7	22,2
L _{min}	18,2	20,5	19,3
L _{mean}	19,3	22,0	20,6
Parametry genetyczne Genetic parameters			
[d]	1,249**	1,616**	1,432**
[h]	2,715	-6,171	-1,728
[i]	0,205	0,060	0,151
[l]	-3,513	15,516	6,002
Liczba genów Number of genes	3	4	3

* — Istotne na poziomie p = 0,05

* — Significance at p = 0.05

** — Istotne na poziomie p= 0,01

** — Significance at p = 0.01

(19,8) — Wartość uzyskana ze wzoru (1)

(19.8) — value obtained from formula (1)

Tabela 5

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości kwasu linolenowego (C18 : 3)

Mean values for hybrids and DH lines and estimates and results of testing genetic parameters for linolenic acid (C18 : 3) content

Pokolenia mieszańcowe i linie DH Hybrids and DH lines	Lata Years		
	1999	2000	Średnia Mean
F ₁	10,3	—	—
F ₂	10,3	11,1	10,7
F ₃	(10,5)	11,2	10,9
L _{max}	11,3	12,4	11,8
L _{min}	9,7	10,2	9,9
L _{mean}	10,5	11,4	10,9
Parametry genetyczne Genetic parameters			
[d]	0,833**	1,094**	0,963**
[h]	0,573	-0,841	-0,134
[i]	0,000	-0,056	-0,028
[l]	-1,812	0,233	-0,790
Liczba genów Number of genes	1	2	2

* — Istotne na poziomie $p = 0,05$

* — Significance at $p = 0.05$

** — Istotne na poziomie $p = 0,01$

** — Significance at $p = 0.01$

(10,5) — Wartość uzyskana ze wzoru (1)

(10.5) — Value obtained from formula (1)

Efekty addytywnego działania genów obliczone zarówno dla każdego roku oddzielnie, jak i średnio dla obu lat okazały się istotne dla zawartości wszystkich badanych kwasów tłuszczowych. W przypadku badanych kwasów uwagę zwraca brak dominowania oraz efektów związanych z niealleliczną interakcją *loci* w stanie heterozygotycznym (tab. 1–5).

Daje się jednak zauważyć pewien, aczkolwiek nieistotny wpływ warunków środowiska na ujawnianie się efektów związanych ze stanem heterozygotycznym *loci*. Dowodem na to są uzyskane stosunkowo wysokie co do bezwzględnej wartości oceny parametru [h] i [l] dla kwasu oleinowego i linolowego (szczególnie w 2000 roku), wskazujące zarazem na różny w poszczególnych latach kierunek działania genów. Nie można więc wykluczyć, iż dla tych kwasów w innych warunkach środowiska efekty te mogą okazać się istotne. Interakcja *loci* homozygotycznych wywierała istotny wpływ na ekspresję zawartości kwasu stearynowego w kierunku zmniejszenia zawartości tego kwasu w oleju nasion. Świadczy o tym zarówno ujemna średnia wartość parametru [i], oszacowana na podstawie dwuletniego doświadczenia jak i ocena uzyskana na podstawie wyników z eksperymentu przeprowadzonego w 1999 roku. Z zamieszczonych w tabeli 3 ocen parametrów genetycznych dla zawartości kwasu oleinowego wynika, iż na ekspresję tej cechy, oprócz działania genów addytywnych, istotny wpływ miała interakcja genów homozygotycznych w kierunku zwiększenia ilości tego kwasu w nasionach.

Liczba genów lub grup genów ściśle ze sobą sprzężonych kontrolujących zawartość poszczególnych kwasów tłuszczowych w oleju rzepaku, którymi różniły się badane formy rodzicielskie wynosiła jeden dla kwasu stearynowego, cztery dla palmitynowego trzy dla linolowego i oleinowego oraz dwa dla linolenowego.

W ocenie jakości oleju w pierwszym rzędzie bierze się pod uwagę skład kwasów tłuszczowych. Na wystąpienie różnic w zawartości poszczególnych nienasyconych kwasów tłuszczowych oprócz czynników genetycznych mają wpływ warunki środowiska (wilgotnościowo-termiczne oraz agrotechniczne takie jak termin siewu, nawożenie) (Kotecki i in., 2001; Spasibionek i in., 1998), chociaż Schierholt i Becker, (2001) u mutantów wysoko- i niskooleinowych wykazali odziedziczalność ($h^2 = 0,99$) i brak istotnego wpływu lokalizacji na zawartość kwasu oleinowego.

W prezentowanej pracy pokazano możliwość oszacowania średnich ocen parametrów genetycznych z dwóch lat badań w przypadku, gdy w jednym z doświadczeń biorą udział mieszańce pokolenia F_1 i F_2 , natomiast w drugim F_2 i F_3 . Znajomość średnich efektów działania genów w znacznym stopniu ułatwia przeprowadzenie wnioskowania o sposobie działania genów kontrolujących daną cechę ilościową. W prowadzonych przez nas badaniach wyznaczenie średniej oceny wartości parametru na podstawie wyników uzyskanych z dwóch doświadczeń i odpowiednie testowanie istotności tego parametru pozwoliły w przypadku zawartości kwasu stearynowego (C18 : 0) jednoznacznie stwierdzić o wpływie nieallelicznej interakcji na ekspresję tej cechy.

Uzyskane wyniki wskazują, iż z dużym prawdopodobieństwem możliwe będzie częściowe poprawienie spektrum zawartości badanych kwasów tłuszczowych w oleju rzepaku zgodnie z oczekiwaniami przemysłu. Szczególnie widoczne jest to w przypadku kwasu oleinowego, gdzie efekty związane z addytywnym działaniem genów i współdziałaniem homozygotycznych *loci* świadczą o szansie wyhodowania nowych form rzepaku o podwyższonej zawartości tego kwasu w oleju rzepaku i uzyskanie dostosowanego dla produkcji biopaliw surowca. Z kolei jednak z analizowanych mieszańców trudno będzie wyselekcjonować formy o podwyższonej zawartości kwasu stearynowego. Współdziałanie nieallelicznych *loci* w stanie homozygotycznym powoduje bowiem spadek zawartości tego kwasu w oleju rzepaku. Potwierdzeniem są wcześniejsze badania Adamskiej i wsp. 2001, dotyczące oceny badanych linii rzepaku ozimego pod względem wybranych cech struktury plonu i zawartości nienasyconych kwasów tłuszczowych, w których autorom nie udało się uzyskać ani linii transgresyjnych ani też linii przewyższających pod względem zawartości tego kwasu odmianę wzorcową Kana. Z uwagi na istotne efekty addytywnego działania genów dla zawartości kwasu linolowego i linolenowego możliwe wydaje się wyselekcjonowanie form zarówno o obniżonej, jak i podwyższonej zawartości tego kwasu w oleju rzepaku.

WNIOSKI

1. Efekty addytywnego działania genów obliczone dla każdego roku oraz dwóch lat łącznie były istotne dla zawartości wszystkich badanych kwasów tłuszczowych.
2. U żadnego z badanych kwasów nie wystąpiły efekty związane z dominowaniem oraz niealleliczną interakcją *loci* w stanie heterozygotycznym.
3. Liczba genów lub grup genów ściśle ze sobą sprzężonych którymi różniły się badane formy rodzicielskie pod względem zawartości poszczególnych kwasów tłuszczowych wynosiła od 1 do 4.

LITERATURA

- Adamska E., Szała L., Kołodziej K., Cegielska T. 2001. Ocena linii DH rzepaku ozimego pod względem wybranych cech na podstawie doświadczeń polowych przeprowadzonych w dwóch środowiskach. *Rośliny Oleiste XXII*: 13 — 25.
- Adamski T., Kaczmarek Z., Surma M. 1987. Ocena czynników efektywnych na podstawie linii autopoloidalnych. *Siedemnaste Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii*, Lublin, PAN: 247 — 256.
- Byczyńska B., Krzymański J. 1969. Szybki sposób otrzymywania estrów metylowych kwasów tłuszczowych do analizy metodą chromatografii gazowej. *Tłuszcze Jadalne* 13: 108 — 114.
- Cegielska-Taras T., Szała L. 1997. Regeneracja roślin z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste XVIII*: 21 — 30.
- Kotecki A., Malarz W., Kozak M., Aniołowski K. 2001. Wpływ nawożenia azotem na skład chemiczny pięciu odmian rzepaku jarego. *Rośliny Oleiste XXII*: 81 — 89.
- Krzymański J. 2000. Perspektywy badań nad rzepakiem i jego hodowlą. *Rośliny Oleiste XXI*: 7 — 14.
- Schierholt A., Becker H. C. 2001. Environmental variability and heritability of high oleic acid content in winter oilseed rape. *Plant Breeding* 120: 63 — 66.
- Spasibonek S., Byczyńska B., Krzymański J. 1998. Wpływ środowiska na zmiany składu kwasów tłuszczowych w olejach mutantów 1207 rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste XIX*: 627 — 632.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 1984. The use of doubled haploids lines for estimation of genetic parameters. *Genet. Pol.* 25: 27 — 32.
- Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T. 1997. Estimation of genetic parameters based on doubled haploids and early generations. In: *Advances in Biometrical Genetics*. (Edited by P. Krajewski and Z. Kaczmarek): 281 — 285.

JAN KACZMAREK¹**ANDRZEJ KOTECKI**²**LUDWIK KOTOWICZ**³**RYSZARD WEBER**⁴¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej we Wrocławiu² Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin Akademii Rolniczej we Wrocławiu³ Stacja Doświadczalna Oceny Odmian, Tomaszów Bolesławiecki⁴ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Jelcz Laskowice

Interakcja genotypowo-środowiskowa plonowania odmian rzepaku ozimego w doświadczeniach PDO*

Genotype-environment interaction in yield of winter rape in post registration variety trials

Badano zmienność plonowania rzepaku ozimego w 4 miejscowościach (Głubczyce, Krościna Mała, Tarnów, Tomaszów Bolesławiecki) oraz 3 latach (1999, 2000, 2001). Plony odmian z 4 zróżnicowanych miejscowości porównywano w standardowym i intensywnym wariantcie uprawy. Intensywny poziom różnił się od standardowego wyższym o 50 kg/ha nawożeniem azotowym, stosowaniem antywylegacza, dolistnym dokarmianiem roślin mikroelementami oraz pełną chemiczną ochroną przed szkodnikami i chorobami. Pozostałe zabiegi dotyczące zwalczania chwastów oraz nawożenia fosforem i potasem wykonano w tym samym zakresie w obu wariantach uprawy. Badanie struktury interakcji ($G \times E$) wykazało, że Krościna charakteryzowała się dużym wkładem w wielkość interakcji. Wyższą stabilność ale przy niższym plonowaniu obserwowano w środowisku Tomaszowa Bolesławieckiego. Trzyletnie wyniki badań wskazują, że odmiany Lisek i Bristol można zalecić do uprawy w warunkach standardowych na Dolnym Śląsku. Odmiana Buffalo wysoko plonuje w obu wariantach uprawy, jednak cechuje się wyższą wrażliwością na zmiany środowiska glebowo-klimatycznego. Zróżnicowana reakcja genotypów na zmiany środowisk glebowo-klimatycznych wskazuje na celowość badania odmian w wielu miejscowościach.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, odmiany rzepaku, warianty uprawy

Winter oilseed rape is an important crop as the demand for plant oils has successively been growing. The yield trials with rape cultivars were conducted at 4 sites (Głubczyce, Krościna Mała, Tarnów and Tomaszów Bolesławiecki) in the years 1999–2001. Standard and intensive variants of cultivation were applied. In the intensive variant, as compared with the standard one, a dose of nitrogen fertilization

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

higher by 50 kg/ha, application of anti-lodging agents, foliar feeding of plants with microelements and complete control of fungal diseases and insects were used. Herbicides, potash and phosphate fertilizers were applied at the same level in both variants. Statistical analysis was performed according to computer program *Sergen 3*. The study of $G \times E$ interaction structure revealed a major contribution of the Krościna site to the significance of the interaction. At this site, the yields of winter rape were relatively high, but variable. In contrast, stable but lower yields were observed at Tomaszów Bolesławiecki. The results of three-year trials indicate that cultivars Lisek and Bristol can be recommended for standard cultivation in the Lower Silesia region. The yields of Buffalo are satisfactorily high at both variants of cultivation, but this cultivar exhibits higher sensitivity to changes in environmental conditions. A differential response of rape genotypes to environmental factors suggests that it is advisable to survey rape cultivars at various locations.

Key words: rape cultivars, genotype $\times$ environment interaction, tillage systems

WSTĘP

Rzepak jest praktycznie jedyną rośliną oleistą w naszym kraju. Jego plonowanie w ostatnich latach było niskie. Według COBORU wykorzystanie potencjału plonotwórczego można określić na poziomie około 48% (Haimann i Lewandowski, 2001).

W 2001 roku w województwie dolnośląskim plony nasion rzepaku były o 10% niższe niż średnio w Polsce. Przyczyny tego stanu rzeczy należy upatrywać w ograniczeniach nakładów na przemysłowe środki produkcji oraz licznych błędach agrotechnicznych. Rzepak najlepiej plonuje na roli uprawianej w sposób klasyczny i umieszczony po roślinach strączkowych, a wiosną obficie nawożony azotem (Muśnicki, 1989, 1992). Obecnie najczęściej uprawiany jest po zbożach przy czym za najgorszy przedplon uważa się pszenicę (Dembński, 1983).

Do innych czynników różnicujących pokrój roślin zalicza się termin i ilość wysiewu (Budzyński, 1986). Dotychczas funkcjonował pogląd oparty o doświadczenia COBORU, że rzepak się nie rejonizuje. Może być on prawdziwy dla niewielkiej liczby odmian o małym genetycznym zróżnicowaniu. Obecnie między odmianami różnice genetyczne są większe, ponieważ zdecydowanie powiększyła się liczba odmian, które pochodzą z różnych krajowych i zagranicznych hodowli, w tym występują również mieszańce wykorzystujące efekt heterozji. Odmiany mogą niejednakowo reagować na lokalne warunki środowiskowe, a także na zwiększone nawożenie azotowe i stosowanie fungicydów.

Liczne odmiany rzepaku mogą szybko pogarszać swą wartość gospodarczą po zarejestrowaniu oraz niejednakowo reagować na lokalne warunki środowiskowe z powodu zróżnicowanej zimotrwałości, wczesności, odporności na wyleganie, porażenie przez patogeny.

Dlatego badanie interakcji genotypowo-środowiskowej w plonowaniu rzepaku prowadzono w ramach sieci doświadczeń PDO zlokalizowanych w korzystnych, jak i mniej korzystnych warunkach różnicujących odmiany. Uwzględniono podrejon I o słabszych glebach i mniejszych opadach oraz podrejon II na glebie dobrej.

Doświadczenia w Tomaszowie Bolesławieckim i Krościnie Małej założono na glebie kompleksów żytnio ziemniaczanych, a w Tarnowie i Głubczycach (woj. opolskie) na glebie dobrej.

Celem pracy było zbadanie interakcji genotypowo-środowiskowej odmian rzepaku ozimego uczestniczących w doświadczeniach PDO na Dolnym Śląsku, a w szczególności poznanie odmian stabilnych, najkorzystniej reagujących na intensywne warunki uprawy oraz odmian, które można zarekomendować do mniej korzystnych warunków środowiskowych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy uzyskano z Doświadczeń Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) na Dolnym Śląsku. W celu oceny stabilności plonów rzepaku ozimego wybrano 9 odmian, które analizowano na podstawie wyników uzyskanych z 4 miejscowości przez okres 3 lat. Wytypowane miejscowości (środowiska) odznaczały się zróżnicowanymi warunkami glebowymi:

- Głubczyce — klasa II gleby
- Tarnów — klasa IIIa gleby
- Krościna Mała — klasa IIIb gleby
- Tomaszów Bolesławiecki klasa IVb gleby

Wszystkie doświadczenia założono w dwu powtórzeniach metodą pasów prostopadłych porównując wariant standardowy z intensywnym sposobem uprawy. Intensywny poziom różnił się od standardowego wyższym o $50 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ nawożeniem azotowym, stosowaniem antywylegacza, dolistnym dokarmianiem roślin mikroelementami oraz pełną ochroną roślin przed szkodnikami i chorobami rzepaku. Pozostałe zabiegi agrotechniczne, zwalczanie chwastów oraz nawożenie fosforem i potasem wykonano w tym samym zakresie na obu wariantach uprawy. Plony wymienionych odmian (tab. 1) analizowano rozważając odrębnie intensywny i standardowy system uprawy. Powierzchnia poletka w każdym doświadczeniu wynosiła 12 m^2 . Obliczenia statystyczne przeprowadzono za pomocą programu komputerowego SERGEN 3 (Caliński i in., 1998). Program ten umożliwiał obliczenia dla układu bloków niekompletnych wprowadzając średnie poprawione dla odmiany Buffalo, której plony uzyskano jedynie w 2000 i 2001 roku.

WYNIKI

Średnie wartości plonów w standardowym i intensywnym wariantcie uprawy ilustruje tabela 1. Istotna zmienność plonów odmian w każdej miejscowości umożliwiła przeprowadzenie syntezy statystycznej w postaci łącznej analizy wariancji (tab. 2).

Wyniki tej analizy pozwoliły na weryfikację hipotez ogólnych dotyczących zróżnicowania środowisk ($3 \text{ lata} \times 4 \text{ miejscowości}$) oraz istotności interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$). Stwierdzono istotną zmienność plonowania odmian rzepaku w badanych środowiskach jak również znaczny wpływ miejscowości i lat na zmienność plonów badanych genotypów. Mniejsza liczba badanych środowisk w porównaniu do odmian uniemożliwiła testowanie hipotez zerowych o braku efektów głównych genotypów oraz ich interakcji z latami i doświadczeniami.

Tabela 1

Średnia wartość plonów odmian w standardowym i intensywnym wariancie uprawy (kg/poletko)
Mean yield values for analyzed genotypes (in kg/plot)

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy Standard variant			
	Głubczyce AB1; 5; 9	Tarnów AB2; 6; 10	Krościna AB3; 7; 11	Tomaszów AB4; 8; 12
Lirajet	5,2	3,7	5,6	3,8
Silvida	4,8	4,1	4,6	3,9
Wotan	5,3	4,0	5,5	4,1
Kana	5,0	4,2	4,5	3,7
Lisek	5,6	4,8	5,9	4,5
Liropa	5,0	4,1	5,8	3,8
Bermuda	5,3	4,3	5,0	4,2
Bristol	5,4	4,9	5,6	4,5
Buffalo	5,4	5,1	6,2	4,5
wariant intensywny intensive variant				
Lirajet	6,0	4,4	5,9	5,0
Silvida	5,9	4,6	5,8	4,9
Wotan	6,0	4,7	6,4	5,1
Kana	5,6	4,7	5,6	4,7
Lisek	6,3	5,5	6,4	5,1
Liropa	5,6	5,0	6,0	4,7
Bermuda	5,8	5,2	5,4	5,0
Bristol	6,0	5,8	5,9	5,2
Buffalo	6,4	6,3	6,7	5,5

Literami AB i cyframi oznaczono odpowiednio rok 1999; 2000 i 2001

Tabela 2

Średnie kwadraty zmienności w łącznej analizie wariancji
Mean square variation in the overall analysis of variances

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Wariant podstawowy Standard cultivation	Wariant intensywny Intensive cult.variant
		średni kwadrat mean square	średni kwadrat mean square
Lata Years	2	7,77	15,23
Miejscowości Locations	3	10,99	7,34
Środowiska Environments	6	11,15**	18,48**
Genotypy Genotypes	8	1,48	1,37
Genotypy × lata Genotypes × Years	16	0,15	0,15
Genotypy × miejscowości Genotypes × Localities	24	0,24	0,26
Genotypy × środowiska Genotypes × Environments	48	0,14**	0,18**
Regresja względem środowiska Regression on explanatory variabl.	8	0,14	0,18
Odchylenie od regresji Regression deviation	40	0,14**	0,18**
Błąd doświadczeń Experimental error	92	0,07	0,05

Jednak zastosowanie testu przybliżonego opartego na ilorazie odpowiednich średnich kwadratów dla genotypów i interakcji ($G \times E$) wskazuje na znaczne zróżnicowanie plonów analizowanych odmian. Istotna wartość odchylenia od regresji w wariantach intensywnym i standardowym wskazuje na małą zależność regresyjną efektów interakcji ($G \times E$) względem efektu środowiska. Analizę poszczególnych odmian i ich współdziałania ze środowiskiem przedstawia tabela 3.

Oceniając przeciętną wysokość plonowania genotypów wyrażoną efektami głównymi oraz odpowiednią wartością statystyki F można stwierdzić, że w wariantie ekstensywnym odmiany Buffalo, Bristol i Lisek cechowały się istotnie wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów. Odmiana Buffalo wykazywała mniejszą stabilność plonowania o czym świadczy istotna wartość statystyki F interakcji tej odmiany z środowiskami (tab. 3). Genotyp ten charakteryzował się również dodatnią oceną efektu głównego w wariantie intensywnym. Natomiast pozostałe odmiany w tym systemie uprawy roli plonowały słabiej. Wyższe wartości statystyki F dla interakcji badanych odmian ze środowiskami w wariantie intensywnym, wskazują na większą wrażliwość genotypów na zmiany środowiska w tym systemie w porównaniu do standardowego sposobu uprawy roli.

Tabela 3

Testowanie odmian i ich interakcji z środowiskami
Testing of genotypes and their interaction with environments

Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard variant			Wariant intensywny Intensive variant		
	ocena efektu głównego estimation of main effect	stat. F dla efektu głównego stat F for main effect	stat. F dla interakcji ze środowiskami for interaction with environments	ocena efektu głównego estimation of main effect	stat. F dla efektu głównego stat. F - for main effect	stat. F dla interakcji ze środowiskami stat. F for interaction with environments
Lirajet	-0,210	9,92	0,82	-0,208	2,94	4,26
Silvida	-0,412	15,64	1,99	-0,212	3,51	3,71
Wotan	-0,057	0,50	1,19	0,011	0,01	4,10
Kana	-0,412	7,55	4,11	-0,387	15,09	0,78
Lisek	0,453	35,60	1,05	0,312	4,35	6,49
Liropa	-0,103	0,80	2,43	-0,206	12,28	1,00
Bermuda	-0,097	1,30	1,33	-0,184	2,61	3,77
Bristol	0,315	11,33	1,60	0,191	1,38	7,68
Buffalo	0,524	21,57	2,33	0,682	48,01	2,82
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$		5,99	2,20	4,76		2,20
Critical value $\alpha = 0.05$		5,99	2,20	4,76		2,20

Dalszą analizę badanych odmian przedstawiono poprzez testowanie regresji poszczególnych genotypów i ich interakcji względem środowiska (tab. 4). Niskie i większości przypadków nie istotne współczynniki regresji zarówno w wariantie standardowym jak i intensywnym potwierdzają brak zależności regresyjnej między plonami analizowanych odmian a środowiskami. Jedynie w intensywnym systemie uprawy Silvida i Kana odznaczały się istotnymi wartościami tych współczynników oraz niskimi odchyleniami od regresji. Odmiany te charakteryzują się większą stabilnością plonowania w trzyletnim okresie badań niż inne badane obiekty. Jednak niskie oceny efektu głównego tych genotypów wskazują, że nie powinny być zalecane do uprawy na terenie Dolnego Śląska.

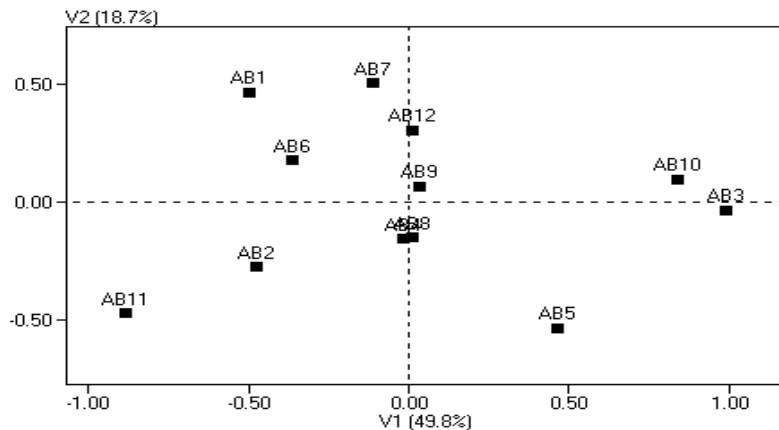
W wariancie ekstensywnym odmiany Lisek i Brystol odznaczały się również niskimi odchyleniami od regresji. Genotypy te można więc określić jako bardziej stabilne w sensie braku zależności regresyjnej względem średniej środowiskowej. Wysokie plony tych obiektów uzyskane w analizowanych środowiskach rekomendują je do uprawy na terenie Polski południowo zachodniej.

Tabela 4

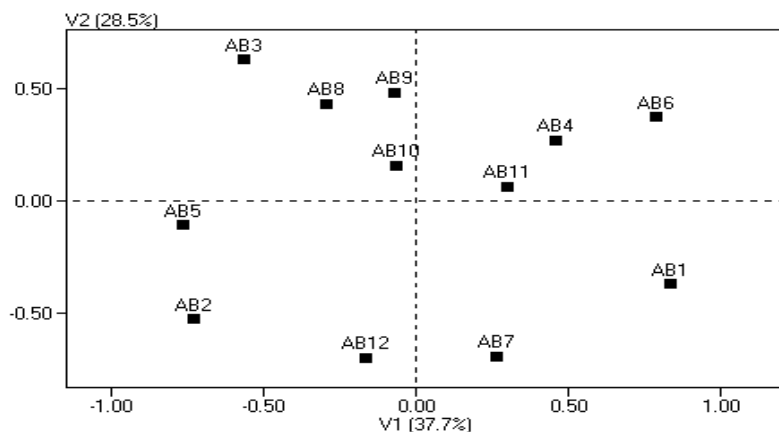
Testowanie regresji interakcji poszczególnych genotypów względem środowiska
Testing of regression of interaction genotypes-environment

Genotyp Genotype	Wariant standardowy Standard variant				Wariant intensywny Intensive variant			
	współczynnik regresji coefficient of regression	współczynnik determinacji coefficient of determination %	stat. F dla regresji stat. F- for regression	stat. F dla odchyleń stat F - for deviations	współczynnik regresji coefficient of regression	współczynnik determinacji coefficient of determination %	stat. F dla regresji stat. F for regression	stat. F dla odchyleń stat. F for deviations
Lirajet	-0,016	0,61	0,03	0,97	0,095	10,63	0,59	4,57
Silvida	-0,182	31,45	2,29	1,63	-0,241	78,03	17,76	0,98
Wotan	-0,093	13,89	0,81	1,23	-0,092	10,18	0,57	4,41
Kana	0,194	17,24	1,04	4,08	0,111	78,68	18,45	0,20
Lisek	0,042	3,10	0,16	1,22	-0,038	1,13	0,06	7,70
Liropa	0,098	7,49	0,40	2,69	0,101	50,41	5,08	0,60
Bermuda	0,186	49,30	4,86	0,81	0,127	21,21	1,35	3,57
Bristol	-0,118	16,36	0,98	1,61	-0,015	0,15	0,01	9,21
Buffalo	-0,110	9,87	0,55	2,52	-0,048	4,05	0,21	3,25
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$			6,61	2,31				
Critical value $\alpha = 0.05$								6,61 2,31

W celu uzyskania dalszych informacji odnośnie zachowania się poszczególnych odmian rzepaku w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych przeprowadzono badanie struktury interakcji ($G \times E$) za pomocą analizy składowych głównych. Analiza ta poprzedzona jest podziałem statystyki F interakcji genotypowo-środowiskowej (uzyskanej z ogólnej analizy wariancji) na składowe odpowiadające odpowiednim kontrastom między genotypami. Uwzględniając dwa pierwsze kontrasty o największym udziale w statystyce F, przedstawiono przy pomocy dwóch pierwszych składowych głównych graficzne rozmieszczenie środowisk na płaszczyźnie. Środowiska o wysokim udziale w interakcji ($G \times E$) odznaczają się dużą odległością od początku układu współrzędnych (rys. 1). Analizując środowiska wariantu standardowego można stwierdzić, że miejscowość Krościna (AB3; AB7; AB11) odznaczała się dużym wkładem w wielkość interakcji genotypowo-środowiskowej. Odmiany plonujące w tej miejscowości wykazywały wyższy plon w porównaniu do pozostałych analizowanych środowisk.



Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant standardowy
 Fig. 1. Environments „Station” in the system of principal components — standard variation



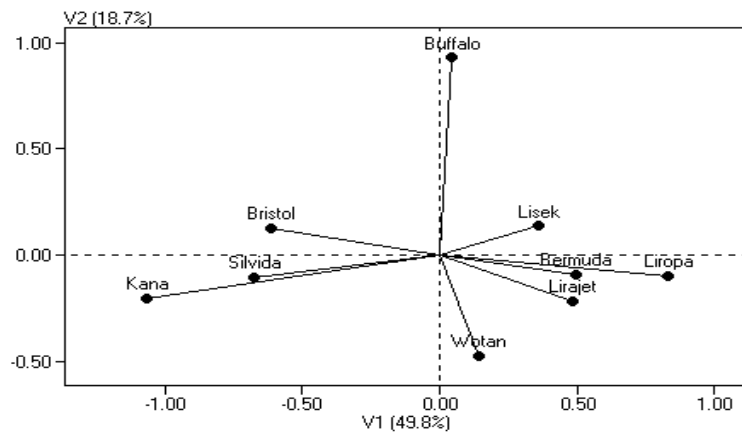
Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant intensywny
 Fig. 2. Environments „Station” in the system of principal components — intensive variant

Znaczne odległości między punktami AB7, AB3 i AB 11 wskazują jednak na dużą zmienność plonowania odmian rzepaku. Duży udział w interakcji ($G \times E$) wykazywało również środowisko Głubczyc, szczególnie w latach 1999 (AB1) oraz 2000 (AB5).

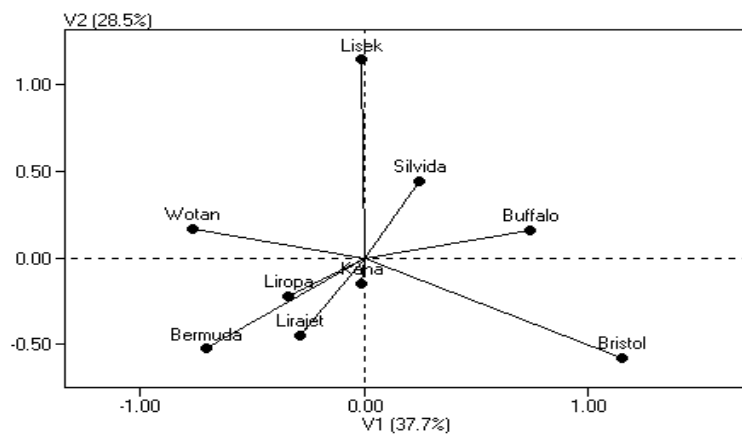
Wysokie plony rzepaku w tych miejscowościach uzależnione były w większym stopniu od warunków atmosferycznych w analizowanym trójleciu niż od potencjalnej produktywności gleb. Na uwagę zasługuje duża stabilność plonowania rzepaku w środowisku Tomaszowa. Niższe plony w tej miejscowości wskazują, że klasa gleby IVa jest mniej odpowiednia do uprawy tego gatunku w wariancie standardowym. Analizując wariant intensywny (rys. 2) można wykazać również znaczną zmienność plonowania badanych odmian w zależności

od środowiska. Duże różnice w plonowaniu genotypów stwierdzono w latach 1999 i 2000, o czym świadczą znaczne odległości od początku układu oraz między sobą punktów obrazujących miejscowości Tarnów (AB2–AB6), Krościna (AB3–AB7) lub Głubczyce (AB5–AB1).

Wektorowe rozmieszczenie genotypów w układzie dwu pierwszych składowych głównych dla wariantu standardowego przedstawiono na rysunku 3. Znaczne oddalenie odmian Buffalo i Kana od początku układu wskazuje na dużą interakcję tych odmian z badanymi środowiskami. Genotypy te odznaczają się większym zróżnicowaniem plonowania w analizowanych środowiskach w porównaniu do pozostałych obiektów. Niższą i zbliżoną interakcję genotypowo-środowiskową charakteryzują się odmiany Bermuda, Liropa i Lirajet.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant ekstensywny
Fig. 3. Vector representation of genotypes in the system of principal components — intensive variant



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych — wariant intensywny
Fig. 4. Vector representation of genotypes in the system of principal components — intensive variant

Intensywny sposób uprawy roli (rys. 4) w badanych środowiskach spowodował znaczne różnice w plonowaniu odmian Lisek i Bristol, o czym świadczą duże odległości tych odmian od początku układu. Natomiast niższą interakcję genotypowo-środowiskową wykazała odmiana Kana. Genotypy Liropa, Bermuda i Lirajet odznaczały się również w tym wariancie uprawy zbliżoną reakcją pod względem plonowania na zmiany środowiska glebowo-klimatycznego. Znaczne odległości między punktami obrazującymi badane genotypy zarówno w wariancie intensywnym jak i standardowym wskazują na duże różnice w plonowaniu odmian w zależności od warunków klimatycznych i środowiskowych.

WNIOSKI

1. Wyniki trzyletnich badań wykazały, że odmiany Lisek i Bristol mogą być zalecane do uprawy na obszarze Dolnego Śląska szczególnie w wariancie standardowym.
2. Odmiana Buffalo odznaczająca się wysokimi plonami w wariancie standardowym i intensywnym cechuje się jednak większą wrażliwością na zmiany środowiska glebowo-klimatycznego.
3. Plony analizowanych odmian w większym stopniu uzależnione były od warunków atmosferycznych niż od potencjalnej produktywności gleb.
4. Zróżnicowana reakcja genotypów na zmiany środowiska glebowo-klimatycznego wskazuje na konieczność badania odmian w wielu miejscowościach w celu określenia wielkości interakcji genotypowo-środowiskowej.

LITERATURA

- Budzyński W. 1986. Studium nad wpływem niektórych czynników agrotechnicznych na zimowanie i plonowanie odmian podwójnie uszlachetnionego rzepaku ozimego. *Acta Acad. Agricult. Tech. Olst. Agricult.* 41, (B): 3 — 56.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski J. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. IGR Poznań.
- Dembiński F. 1983. Jak uprawiać rzepak i rzepik. PWRiL, Warszawa.
- Heiman S. 1999. Rzepak ozimy. Podstawy Organizacji i Planowania z Zarejestrowanymi Odmianami Roślin uprawnych na Dolnym Śląsku. *Dolnośląski Zespół PDO 1*: 63 — 69.
- Heiman S., Lewandowski A. 2001. Syntezy wyników doświadczeń rejestrowych. *Rośliny oleiste 2000*, Zeszyt 2, COBORU, Słupia Wielka.

TERESA PIĘTKA
KRYSTYNA KRÓTKA
JAN KRZYMAŃSKI.

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Poznaniu

Ogólna zdolność kombinacyjna i odziedziczalność zawartości glukozynolanów w nasionach rzepaku ozimego

General combining ability and heritability of glucosinolate content of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) seeds

Zawartość glukozynolanów alifatycznych w nasionach rzepaku jest bardzo ważną cechą określającą wartość żywieniową otrzymywanej z nich śruty poekstrakcyjnej. Dalsze obniżanie ich zawartości jest jednym z głównych celów prac hodowlanych. Lepsze poznanie zasad ich dziedziczenia powinno umożliwić skuteczną selekcję. Znajomość ogólnej zdolności kombinacyjnej (OZK) w odniesieniu do poszczególnych glukozynolanów ma duże znaczenie tak dla hodowli odmian populacyjnych, jak i mieszańców. Przebadano 11 linii wsobnych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego o bardzo niskiej zawartości glukozynolanów. Do badań użyto nasion zebranych z pokoleń F_1 i F_2 mieszańców. Mieszańce uzyskano z krzyżowań linii wsobnych z pięcioma zarejestrowanymi odmianami jako testerami. Krzyżowania wykonano w obu kierunkach. Uzyskane mieszańce były oceniane w doświadczeniach polowych w dwu powtórzeniach. Wartości OZK i testy statystyczne ich istotności obliczono oddzielnie dla poszczególnych glukozynolanów oraz dla pokoleń F_1 i F_2 . Jako oszacowania stopnia odziedziczalności OZK w odniesieniu do glukozynolanów obliczono współczynniki: regresji, korelacji i determinacji pomiędzy obu pokoleniami. Większość obliczonych współczynników okazała się istotna statystycznie na poziomie $\alpha = 0,01$ lub $\alpha = 0,05$, co świadczy o dobrej powtarzalności oceny OZK.

Słowa kluczowe: glukozynolany, odziedziczalność, ogólna zdolność kombinacyjna, substancje antyżywieniowe

A content of aliphatic glucosinolates in seeds of winter oilseed rape is a very important trait determining the nutritional value of fodder. Further reduction of their content is one of the most important goals in breeding of improved cultivars. Better understanding of their inheritance should make selection more effective and speed up the breeding process. The knowledge of general combining ability (GCA) values in respect to individual glucosinolates is of great importance for breeding both population varieties and hybrids. Eleven inbred lines of winter oilseed rape characterized by a very low glucosinolate content were studied. These lines were crossed with five cultivars used as testers. The crosses were carried out in both directions. Hybrids were grown in field trials in two replications. Statistical analyses of GCA values were performed separately for particular glucosinolates as well as

F₁ and F₂ generations. To estimate the heritabilities analyses of regression, correlation and determination coefficients between both generations were made. Most of the calculated coefficients were significant at the level $\alpha = 0,01$ or $\alpha = 0,05$, which proved that the method of GCA estimation used in our experiments was satisfactorily reproducible.

Key words: antinutritive components, general combining ability, glucosinolate, heritability

WSTĘP

Bardzo ważną cechą jakościową nasion rzepaku określającą wartość żywieniową otrzymywanej z nich śruty poekstrakcyjnej jest zawartość glukozynolanów alifatycznych. Niski poziom glukozynolanów w wyhodowanych dotąd podwójnie ulepszonych odmianach populacyjnych, jak i wchodzących coraz szerzej do uprawy nowych odmianach mieszańcowych rzepaku ozimego (Bartkowiak-Broda, 1998; Friedt, 1999) pozwala na uzyskanie wartościowej śruty (Krzymański, 1970, 1993). Jednak badania żywieniowe wykazały, że dla polepszenia jej wartości biologicznej, konieczne jest dalsze obniżenie zawartości antyżywniowych związków jakimi są glukozynolany alifatyczne (Rakowska, Ochodzki, 1995; Frankiewicz i in., 1995; Kudła, 1997). Wymagania w tym kierunku będą ulegały zaostrzeniu przy rejestracji nowych odmian w Polsce i w krajach UE (Heimann, 1999). Konieczne jest zatem prowadzenie intensywnych prac badawczych i hodowlanych dla uzyskania nowych odmian i mieszańców rzepaku ozimego o jeszcze niższej zawartości glukozynolanów. Jednym z ważnych kierunków tych prac jest dobranie odpowiednich metod określania zdolności kombinacyjnej i zbadanie sposobu jej dziedziczenia.

MATERIAŁ I METODY

Jedenaście linii wsobnych o ekstremalnie obniżonej zawartości glukozynolanów (poniżej 5,0 $\mu\text{M/g}$ nasion) wybranych do krzyżowania zostało wyprowadzonych z plennych, dobrze zimujących rodów hodowlanych Zakładu Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu. Linie te przekrzyżowano z testerami, którymi były rośliny wyselekcjonowane na podstawie analiz biochemicznych z pięciu zarejestrowanych odmian krajowych i zagranicznych: Lirajet, Silvia, Mar, Polo i Wotan. Krzyżowania wykonano ręcznie w obu kierunkach. Dokładny opis materiału roślinnego został podany w publikacjach (Krzymański i in., 1999; Piętka i in., 2000).

Do badań użyto nasion zebranych z pokoleń F₁ i F₂ mieszańców. Nasiona zostały zebrane z roślin rosnących w dwóch doświadczeniach z mieszańcami pokolenia F₁ i w dwóch doświadczeniach z mieszańcami F₂. Analizy na zawartość i skład glukozynolanów wykonano za pomocą chromatografii gazowej pochodnych siliowych desulfo-glukozynolanów (Michalski i in., 1995). W metodzie tej do kalibracji chromatografu zastosowano wzorzec europejski CRM-366 o sumarycznej zawartości glukozynolanów 12,1 $\mu\text{M/g}$ nasion z tolerancją 0,8 $\mu\text{M/g}$ nasion. Wzorzec ten został opracowany przez Community Bureau of Reference-BCR jako uśredniona wartość analiz z ring-testu pomiędzy osiemnastoma laboratoriami.

Obliczenia ogólnej zdolności kombinacyjnej (OZK) wykonano w układzie North Caroline'a II (NCII) (Garretsen, Keuls, 1985; Ubysz-Borucka, 1985). Współczynniki regresji, korelacji i determinacji obliczono za pomocą programu Microsoft Excel.

OMÓWIENIE WYNIKÓW

Obliczenia wykazały, że linie wsobne są wysoce istotnie zróżnicowane pod względem wartości OZK dla większości glukozynolanów w obu pokoleniach i w obu kierunkach krzyżowań (tab. 1 i 2). Współczynnik F jest wysoce istotny (na poziomie $\alpha = 0,01$) dla OZK zawartości glukonapiny, progoitryny i sumy glukozynolanów alkenowych w obu kierunkach krzyżowania zarówno w pokoleniu F_1 , jak i w pokoleniu F_2 mieszańców. Wysokie istotności wartości OZK wskazują na addytywne działanie genów w dziedziczeniu tych cech. Podobne wyniki otrzymano w uprzednio prowadzonych badaniach dla tych cech w krzyżowaniach diallelicznych (Krzymański i in., 1993, 1994, 1995). Wysokie istotności zróżnicowania efektów OZK pod względem zawartości glukobrassicanapiny obserwowano tylko w pokoleniu F_1 dla linii wsobnych użytych jako formy mateczne. Natomiast dla zawartości 4-hydroksybrassicyny wysoce istotne efekty OZK obserwowano w pokoleniu F_1 tylko dla linii wsobnych jeżeli były użyte jako zapylacze.

Ustalono, że linia PN 3734/95 jest szczególnie cenna pod względem hodowlanym, bowiem obniża istotnie zawartość glukozynolanów w mieszańcach, zarówno gdy występuje jako forma mateczna jak i ojcowska.

Współczynniki korelacji dla wartości OZK wyliczone pomiędzy kierunkami krzyżowań okazały się nie dla wszystkich glukozynolanów istotne (tab. 3). Wskazuje to na możliwość, że w niektórych wypadkach kierunek krzyżowania wpływał na wartość OZK. Dotyczy to glukobrassicanapiny i 4-hydroksybrassicyny. Otrzymany wynik może być również spowodowany brakiem wystarczającego zróżnicowania genetycznego tych cech u badanych linii wsobnych.

Ważne jest nie tylko poznanie wartości ogólnej zdolności kombinacyjnej, ale również na ile otrzymane wartości są powtarzalne w następnych pokoleniach, czyli jaka jest ich odziedziczalność. Ponieważ wartości OZK zależą od efektów addytywnych to do próby oceny ich odziedziczalności można wykorzystać wartości OZK obliczone dla dwu kolejnych pokoleń, tym bardziej, że rosły one w kolejnych dwóch latach. Oszacowania odziedziczalności uzyskano poprzez obliczenie współczynników regresji, korelacji i determinacji (tab. 4, 5 i 6). Mimo bardzo obniżonej i stosunkowo wyrównanej zawartości glukozynolanów w badanych liniach wsobnych uzyskano wysoką odziedziczalność OZK dla glukonapiny, progoitryny, sumy glukozynolanów alkenowych i sumy wszystkich glukozynolanów. Dla glukobrassicanapiny odziedziczalność jest istotna tylko w jednym kierunku krzyżowania. Brak odziedziczalności efektów OZK dla 4-hydroksybrassicyny wynika prawdopodobnie z braku wystarczającego zróżnicowania genetycznego pod względem tej cechy.

Tabela 1

**Wartości ogólnej zdolności kombinacyjnej dla linii wsobnych w odniesieniu do zawartości glukozynolanów badane w pokoleniach
F₁ i F₂ mieszańców**

Values of general combining ability for inbred lines in relation to a content glucosinolates estimated in F₁ and F₂ generations of hybrids

Linia Line	Glukonapina Gluconapin		Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin		Progoitryna Progoitrin		Suma gluk.alkenowych Total aliphatic glucosin.		4-hidroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin		Suma glukozynolanów Total glucosinolates	
	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
jako rośliny mateczne — as maternal plants												
PN-3181	-0,14	0,03	-0,04*	-0,06	-0,60**	-0,40	-0,79**	-0,39	-0,44	0,17	-1,20**	-0,24
PN-3451	0,22*	0,06	-0,02	0,01	0,04	-0,67*	0,24	-0,65	0,27	0,04	0,49	-0,64
PN-3455	-0,20*	-0,24*	0,03	-0,04	0,05	-0,39	-0,11	-0,75	0,05	-0,09	-0,08	-0,86
PN-3462	0,06	-0,14	0,00	0,02	0,55**	0,21	0,62**	0,15	0,01	-0,18	0,64	0,01
PN-3707	-0,11	0,21	-0,08**	-0,01	0,10	0,85**	-0,11	1,06*	0,07	-0,20	-0,07	0,85
PN-3710	0,08	-0,22	0,05**	-0,02	-0,04	-0,36	0,09	-0,68	-0,68*	0,13	-0,60	-0,57
PN-3734	-0,37**	-0,26*	-0,02	-0,03	-0,85**	-0,63*	-1,25**	-0,80	0,33	-0,21	-0,90*	-0,98
PN-3999	-0,23**	0,12	-0,04*	0,04	-0,34**	0,30	-0,61**	0,41	0,06	0,36	-0,55	0,79
PN-4043	0,13	-0,05	0,16**	0,14**	-0,02	0,00	0,30	0,13	0,32	0,46	0,63	0,59
PN-4272	0,49**	0,35**	0,00	-0,03	1,15**	0,86**	1,68**	1,19**	0,41	-0,30	2,09**	0,88
PN-4287	0,09	0,14	-0,05	0,00	-0,08	0,23	-0,07	0,32	-0,44	-0,22	-0,46	0,16
F	6,52**	2,56*	10,28**	1,39	16,85**	3,80**	11,04**	2,69**	1,74	0,72	4,38**	1,15
jako zapylacze — as pollinators												
PN-3181	0,17	0,18*	0,02	0,00	-0,05	0,03	0,15	0,19	0,04	-0,23	0,20	-0,05
PN-3451	0,07	0,11	-0,02	0,04	-0,37*	-0,27	-0,35	-0,18	0,03	-0,02	-0,28	-0,18
PN-3455	-0,19	0,15	-0,01	0,02	-0,07	0,38	-0,27	0,55	-0,41*	-0,01	-0,74*	0,50
PN-3462	0,13	0,19*	-0,01	0,01	0,47*	0,68**	0,57	0,84**	0,18	0,59*	0,77*	1,45**
PN-3707	-0,26*	-0,27**	-0,05	-0,06*	0,25	0,16	-0,07	-0,18	-0,02	-0,04	-0,16	-0,26
PN-3710	-0,01	0,06	0,02	0,02	0,15	-0,16	0,14	-0,15	0,00	0,06	0,13	-0,12
PN-3734	-0,19	-0,29**	0,02	-0,01	-0,42*	-0,61**	-0,61*	-0,95**	-0,01	-0,04	-0,62	-0,99*
PN-3999	-0,27*	-0,04	-0,02	0,02	-0,57**	-0,25	-0,86**	-0,23	-0,38*	-0,38	-1,24**	-0,61
PN-4043	-0,26*	-0,37**	0,02	0,00	-0,56**	-0,93**	-0,79**	-1,27**	0,13	0,29	-0,63	-0,95*
PN-4272	0,82**	0,48**	0,06	-0,01	1,44**	1,18**	2,37**	1,78**	0,70**	-0,28	3,07**	1,53**
PN-4287	-0,03	-0,18*	0,01	-0,04	-0,26	-0,17	-0,26	-0,36	-0,27	0,03	-0,54	-0,34
F	6,93**	7,36**	1,40	1,14	9,07**	8,35**	8,35**	6,78**	2,75**	0,75	9,18**	2,96**

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$

* — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$

** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$

** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 2

Wartości ogólnej zdolności kombinacyjnej dla linii wsobnych w odniesieniu do zawartości glukozynolanów badane w pokoleniach
F₁ i F₂ mieszańców

Values of general combining ability for inbred lines in relation to a content of glucosinolates estimated in F₁ and F₂ generations of hybrids

Linia Line	Glukonapina Gluconapin		Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin		Progoitryna Progoitrin		Suma gluk.alkenowych Total aliphatic glucosin.		4-hydroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin		Suma glukozynolanów Total glucosinolates	
	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
łącznie rośliny mateczne i zapylacze maternal plants and pollinators in total												
PN-3181	0,01	0,10	-0,01	-0,03	-0,32*	-0,19	-0,32	-0,10	-0,20	-0,03	-0,50	-0,14
PN-3451	0,14	0,08	-0,02	0,02	-0,16	-0,47*	-0,06	-0,42	0,15	0,01	0,11	-0,41
PN-3455	-0,20*	-0,04	0,01	-0,01	-0,01	-0,01	-0,19	-0,10	-0,18	-0,05	-0,41	-0,18
PN-3462	0,10	0,03	-0,01	0,02	0,51**	0,44*	0,59*	0,50	0,10	0,21	0,71*	0,73
PN-3707	-0,19*	-0,03	-0,07**	-0,04	0,18	0,50*	-0,09	0,44	0,03	-0,12	-0,11	0,30
PN-3710	0,04	-0,08	0,03	-0,00	0,06	-0,26	0,12	-0,42	-0,34*	0,10	-0,24	-0,34
PN-3734	-0,28**	-0,28**	0,00	-0,02	-0,63**	-0,62**	-0,93**	-0,88**	0,16	-0,12	-0,76*	-0,98*
PN-3999	-0,25**	0,04	-0,03	0,03	-0,45**	0,02	-0,74**	0,09	-0,16	-0,01	-0,89**	0,09
PN-4043	-0,07	-0,21*	0,09**	0,07*	-0,29*	-0,47*	-0,25	-0,57	0,23	0,38	0,00	-0,18
PN-4272	0,65**	0,42**	0,03	-0,02	1,30**	1,02**	2,02**	1,48**	0,56**	-0,29	2,58**	1,21**
PN-4287	0,03	-0,02	-0,02	-0,02	-0,17	0,03	-0,17	-0,02	-0,35*	-0,09	-0,50	-0,09
F	8,26**	3,22**	3,24**	1,36	14,82**	5,96**	10,87**	4,05**	2,44*	0,72	8,58**	1,74

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$

* — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$

** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$

** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Współczynniki korelacji między kierunkami krzyżowań obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych

Coefficients of correlation between cross directions based on GCA values for inbred lines

Pokolenie Generation	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassic. Glucobrassic.	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alken. Total aliph. gluc.	4-hydroksybras. 4-hydroxybras.	Suma glukozy. Total glucos.
F ₁	0,734**	0,391	0,812**	0,762**	0,355	0,713*
F ₂	0,216	0,091	0,516	0,364	-0,069	0,130
F ₁ i F ₂ F ₁ and F ₂	0,526*	0,252	0,662**	0,577**	0,192	0,504*

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$ * — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$ ** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$ ** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 4

Współczynniki korelacji między pokoleniami F₁ i F₂ obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych

Coefficients of correlation between generations F₁ and F₂ based on GCA values for inbred lines

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassic. Glucobrassic.	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alken. Total aliph. gluc.	4-hydroksybras. 4-hydroxybras.	Suma glukozy. Total glucos.
Rośliny mateczne Maternal plants	0,525	0,636*	0,627*	0,530	-0,108	0,447
Zapyłacze Pollinators	0,814**	0,087	0,895**	0,870**	0,098	0,783**
Rośliny mateczne i zapyłacze Maternal plants and pollinators	0,706**	0,525*	0,773**	0,726**	-0,011	0,648**

Tabela 5

Współczynniki determinacji między pokoleniami F₁ i F₂ obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych

Coefficients of determination between generations F₁ and F₂ based on GCA values for inbred lines

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassic. Glucobrassic.	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alken. Total aliph. gluc.	4-hydroksybras. 4-hydroxybras.	Suma glukozy. Total glucos.
Rośliny mateczne Maternal plants	0,276	0,404*	0,393*	0,281	0,012	0,200
Zapyłacze Pollinators	0,663**	0,008	0,801**	0,757**	0,010	0,613**
Rośliny mateczne i zapyłacze Maternal plants and pollinators	0,498**	0,276*	0,598**	0,527**	0,000	0,420**

Większość obliczonych współczynników okazała się istotna statystycznie co świadczy o dobrej powtarzalności oceny OZK dokonanej zastosowaną metodą mimo, że ocena ta była oparta na wynikach z jednorocznych doświadczeń. Stwierdzenie to ma duże znaczenie dla wyboru skutecznego schematu pracy hodowlanej. Pozwala bowiem na wybór

najlepszych form rodzicielskich do krzyżowania i na wyeliminowanie mieszańców mało przydatnych gospodarczo z dalszych prac selekcyjnych.

Tabela 6

Współczynniki regresji wartości OZK pokolenia F₂ na wartościach OZK pokolenia F₁
Regression coefficients of GCA values of F₂ generation on GCA values of F₁ generation

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassic. Glucobrassic.	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk.alken. Total aliph.gluc.	4-hidroksybras. 4-hydroxybras.	Suma glukozy. Total glucos.
Rośliny mateczne Maternal plants	0,434	0,530*	0,637*	0,490	-0,076	0,341
Zapylacze Pollinators	0,662**	0,085	0,901**	0,815**	0,086	0,575**
Rośliny mateczne i zapylacze Maternal plants and pollinators	0,578**	0,452*	0,781**	0,676**	-0,009	0,483**

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$

* — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$

** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$

** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 7

Współczynniki korelacji między glukozyzolanami zawartymi w nasionach rzepaku ozimego obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych będących roślinami matecznymi (w pokoleniach F₁ i F₂ łącznie)

Coefficients of correlation between glucosinolate contents in seeds of winter rapeseed calculated based on GCA values for inbred lines used as maternal plants (for F₁ and F₂ generations in total)

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassicapina Glucobrassicapin	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alkenowych Total aliphatic gluc.	4-hidroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	Suma glukozyzolanów Total glucocinolates
Glukonapina Gluconapin	1					
Glukobrassicapina Glucobrassicapin	0,166	1				
Progoitryna Progoitrin	0,775**	0,136	1			
Suma glukozyzolanów alkenowych Total aliphatic glucosinolates	0,877**	0,241	0,975**	1		
4-hidroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	0,028	0,327	0,040	0,066	1	
Suma glukozyzolanów Total glucocinolates	0,801**	0,344	0,895**	0,928**	0,431*	1

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$

* — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$

** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$

** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 8

Współczynniki korelacji między glukozynolanami zawartymi w nasionach rzepaku ozimego obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych będących zapylaczami (w pokoleniach F₁ i F₂ łącznie)
Coefficients of correlation between glucosinolate contents in seeds of winter rapeseed calculated based on GCA values for inbred lines used as pollinators (for F₁ and F₂ generations in total)

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alkenowych Total aliphatic gluc.	4-hydroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	Suma glukozynolanów Total glucocinolates
Glukonapina Gluconapin	1					
Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin	0,545**	1				
Progoitryna Progoitrin	0,821**	0,162	1			
Suma glukozynolanów alkenowych Total aliphatic glucosinolates	0,923**	0,323	0,976**	1		
4-hydroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	0,380	0,333	0,362	0,376	1	
Suma glukozynolanów Total glucocinolates	0,904**	0,380	0,933**	0,962**	0,613**	1

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$ * — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$
 ** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$ ** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 9

Współczynniki korelacji między glukozynolanami zawartymi w nasionach rzepaku ozimego obliczone na podstawie wartości OZK dla linii wsobnych przy krzyżowaniu w obu kierunkach (w pokoleniach F₁ i F₂ łącznie)
Coefficients of correlation between glucosinolate contents in seeds of winter rapeseed calculated based on GCA values for inbred lines after crossing in both directions (for F₁ and F₂ generations in total)

	Glukonapina Gluconapin	Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin	Progoitryna Progoitrin	Suma gluk. alkenowych Total aliphatic gluc.	4-hydroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	Suma glukozynolanów Total glucocinolates
Glukonapina Gluconapin	1					
Glukobrassicinapina Glucobrassicinapin	0,281	1				
Progoitryna Progoitrin	0,799**	0,135	1			
Suma glukozynolanów alkenowych Total of aliphatic glucosinolates	0,904**	0,249	0,975**	1		
4-hydroksybrassicyna 4-hydroxybrassicin	0,216	0,315*	0,200	0,224	1	
Suma glukozynolanów Total of glucocinolates	0,864**	0,325*	0,915**	0,948**	0,522**	1

* — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,05$ * — Effects significant at the level $\alpha = 0.05$
 ** — Efekty istotne statystycznie przy $\alpha = 0,01$ ** — Effects significant at the level $\alpha = 0.01$

Wysokie współczynniki korelacji (tab. 7, 8 i 9) pomiędzy badanymi glukozynolanami obliczone na podstawie wartości OZK linii wsobnych będących formami matecznymi i ojcowskimi wskazują na bardzo istotne sprzężenie pomiędzy glukozynolanami alkenowymi, których prekursorem jest metionina. Jedynie glukozynolany indolowe, których prekursorem jest tryptofan nie są skorelowane z glukozynolanami alkenowymi.

Otrzymane wyniki wskazują, że mimo wyrównanej i niskiej zawartości glukozynolanów w badanych liniach wsobnych nadal występuje wystarczające zróżnicowanie umożliwiające hodowlę w kierunku bardzo niskiej zawartości tych związków w nasionach rzepaku.

WNIOSKI

1. Stwierdzono występowanie istotnych efektów OZK pod względem zawartości poszczególnych glukozynolanów u badanych linii wsobnych.
2. Szczególnie wartościowa okazała się linia PN 3734/95, bowiem w sposób istotny obniża zawartość glukozynolanów w mieszańcach niezależnie od kierunku krzyżowania.
3. Większość współczynników regresji, korelacji i determinacji dla wartości OZK pomiędzy kolejnymi pokoleniami okazała się istotna statystycznie na poziomie $\alpha = 0,01$ lub $\alpha = 0,05$, co świadczy o dobrej odziedziczalności oceny OZK zastosowaną metodą. Pozwala to na optymalny wybór form rodzicielskich do krzyżowania i na eliminację nie perspektywicznych mieszańców z dalszych prac selekcyjnych.
4. Wysokie współczynniki korelacji pomiędzy wartościami OZK badanych glukozynolanów, obliczone dla obu kierunków krzyżowań, wskazują na bardzo istotne sprzężenie pomiędzy glukozynolanami alkenowymi, których prekursorem jest metionina. OZK glukozynolanów indolowych, których prekursorem jest tryptofan, nie są skorelowane z OZK glukozynolanów alkenowych.

LITERATURA

- Bartkowiak-Broda I. 1998. Odmiany mieszańcowe rzepaku — osiągnięcia i perspektywy. *Rośliny Oleiste*, XIX (2): 359 — 370.
- Frankiewicz A., Potkański A., Warych H., Kliber A., Szkudelski T. 1995. Wpływ poziomu glukozynolanów w wyciekach rzepakowych na wyniki produkcyjne u młodych świń. *Rośliny Oleiste*, XVI (2): 375 — 381.
- Friedt W. 1999. Breeding of rapeseed (*Brassica napus* L.) for modified seed quality — Synergy of conventional and modern approaches. 10th International Rapeseed Congress. Canberra 26–29. 09. 1999. Australia.
- Garretsen F., Keuls M. 1978. A general method for the analysis of genetics variation of complete and incomplete diallels and North Carolina II design. Part II. Procedures and general formulae for the fixed model. *Euphytica* 27: 49 — 68.
- Heimann S. 1999. Ocena jakościowa odmian rzepaku ozimego za lata 1996-1998. *Rośliny Oleiste*, XX (2): 637 — 641.
- Krzyżmański J. 1970. Genetyczne możliwości ulepszania składu chemicznego nasion rzepaku ozimego. *Hod. Rośl. Aklim.* 14: 95 — 113.
- Krzyżmański J. 1993. Osiągnięcia i nowe perspektywy prac badawczych nad roślinami oleistymi w Polsce. *Post. Nauk Rol.* (5): 7 — 14.

- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1993. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. I. Pokolenie F_1 . Post. Nauk Rol. (5): 41 — 52.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1994. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. II. Pokolenie F_1 i F_2 . Rośliny Oleiste, XV (1): 21 — 32.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K., Michalski K. 1995. Zawartość glukozynolanów u mieszańców F_1 polskiego rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. Rośliny Oleiste, XVI (1): 13 — 24.
- Krzymański J., Piętka T., Ogródowczyk M., Krótka K. 1999. Ocena wartości kombinacyjnych mieszańców między liniami wsobnymi rzepaku ozimego i odmianami wykonana w układzie czynnikowym. I. Pokolenie F_1 . Rośliny Oleiste, XX (2): 335 — 345.
- Kudła M. 1997. Zagadnienie glukozynolanów w hodowli jakościowej rzepaku (*Brassica napus* L.). Rośliny Oleiste, XVIII (1): 119 — 134.
- Michalski K., Kołodziej K., Krzymański J. 1995. Quantitative analysis of glucosinolates in seeds of oilseed rape. Effect of sample preparation on analysis results. Proceedings of 9th International Rapeseed Congress, Cambridge, UK, 4–7. 1995, 3: 911 — 913.
- Piętka T., Krótka K., Krzymański J. 2000. Ocena wartości kombinacyjnych mieszańców między liniami wsobnymi rzepaku ozimego i odmianami wykonana w układzie czynnikowym. II. Pokolenie F_1 i F_2 . Rośliny Oleiste, XX (2): 329 — 340.
- Rakowska M., Ochodźki P. 1995. Chemiczna i żywieniowa ocena śrut rzepakowych otrzymanych różnymi metodami. Rośliny Oleiste, XVI (2): 345 — 350.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. SGGW-AR, Warszawa.

MARIA OGRODOWCZYK**ALINA LIERSCH****IWONA BARTKOWIAK-BRODA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Zakład Roślin Oleistych w Poznaniu

Badanie zależności plonu nasion od cech biometrycznych u odmian mieszańcowych i populacyjnych rzepaku ozimego

Komunikat

Relationship between yield and biometric characters of hybrid and open pollinated varieties of winter oilseed rape **Short communication**

Obecnie hodowla rzepaku w Polsce i w świecie rozwija się w dwóch kierunkach: hodowli odmian populacyjnych i mieszańcowych. Celem pracy było porównanie zmienności wybranych cech plonotwórczych i plonowania oraz określenie zależności i współzależności pomiędzy badanymi cechami w doświadczeniach z rodami populacyjnymi i mieszańcami pokolenia F_1 utworzonymi przy wykorzystaniu systemu hybrydyzacji CMS *ogura*. W roku 2000/2001 w pięciu miejscowościach zostały wykonane dwa doświadczenia wstępne polowe. W pierwszym doświadczeniu obiektami badań było 18 rodów rzepaku ozimego oraz dwie wzorcowe populacyjne odmiany Lisek i Kana. W drugim doświadczeniu badano 18 mieszańców pokolenia F_1 rzepaku ozimego oraz również dwie odmiany wzorcowe: Lisek i odmianę mieszańcową F_1 Buffalo. W obu doświadczeniach oceniono plonowanie oraz cechy decydujące o wysokości plonu: przezimowanie roślin, wczesność oraz długość kwitnienia, wysokość roślin, wysokość łanu i masę 1000 nasion. Wykonano analizy statystyczne obejmujące analizy wariancji zbiorcze z wszystkich miejscowości, obliczenia średnich cech, zakresu zmienności, współczynników zmienności oraz wskaźników genetycznego uwarunkowania cech. Wykonano obliczenia macierzy korelacji pomiędzy badanymi cechami dla obu doświadczeń. Przeprowadzono również analizę przyczynowo-skutkową współzależności cech w oparciu o model ścieżek Wrighta.

Słowa kluczowe: cechy jakościowe, plon, rzepak ozimy

Nowadays breeding of oilseed rape in Poland and in the world develops in two directions: breeding of open pollinated varieties and breeding of hybrid varieties. The aim of this work was comparison of variability of yield-forming characters and yield and their phenotype and genotype relationship in experiments with open pollinated strains and F_1 hybrids created by utilisation of CMS *ogura* system. In 2000/2001 in five locations two initial field experiments were conducted. Subject of the first experiment were 18 strains of winter oilseed rape and two standard varieties: Lisek and Kana. In the second experiment, 18 F_1 hybrids of winter oilseed rape and two standard varieties: Lisek and hybrid variety

F₁ Buffalo were investigated. In both experiments yield and some determined yield plant characters: overwintering, earliness and duration of flowering, height of plants, height of canopy, and weight of 1000 seeds were estimated. Statistical analysis include a summary analysis of variance for locations, calculation of average, range, variation coefficient, index of heritability for the traits. Moreover, matrix of phenotype and genotype correlation between studied traits for both experiments was calculated. Also causal-consecutive relationship by the use of Wright method of path coefficients was estimated.

Key words: quality traits, winter oilseed rape, yield

WSTĘP

Obecnie w Polsce i świecie hodowane są dwa typy odmian rzepaku ozimego jak i jarego: odmiany populacyjne i mieszańcowe. Przesłanką do podjęcia badań i hodowli odmian mieszańcowych rzepaku był wysoki efekt heterozji występujący w plonie nasion. Plonowanie mieszańców pokolenia F₁ może być wyższe w porównaniu do form rodzicielskich o 20 do 40%. Wykazały to liczne badania przeprowadzone przez wielu autorów na różnym materiale hodowlanym (Schuster, Michael, 1976; Lefort-Buson, Dattée, 1982, 1985 a, 1985 b; Krzymański i in., 1983, 1993, 1994; Grabiec, Krzymański, 1984; Grant, Beversdorf, 1985).

Oczekuje się, że dzięki odmianom mieszańcowym w sposób istotny zwiększy się produktywność rzepaku, a zatem konkurencyjność w stosunku do innych roślin oleistych.

Hodowla odmian mieszańcowych w Europie jest oparta głównie na dwóch systemach: genowo-cytoplazmatycznej męskiej sterility CMS *ogura* zwanej także Ogu — INRA (Ogura, 1968) oraz genetycznej męskiej sterility MSL-NPZ Lembke (Frauen, Paulmann, 1999). Od momentu zarejestrowania we Francji w 1994 roku pierwszej odmiany mieszańcowej złożonej Synergy (Pinochet, 1995), obserwuje się w Europie ciągły wzrost liczby zarejestrowanych różnego typu odmian mieszańcowych rzepaku oraz wzrost powierzchni, na której uprawia się te odmiany. W sezonie wegetacyjnym 2000/2001 w krajach Unii Europejskiej produkujących rzepak, odmianami mieszańcowymi obsiane było około 22% powierzchni przeznaczonej pod uprawę tej rośliny: we Francji 24%, w Niemczech 16%, Wielkiej Brytanii 21%, Danii 26% (Renard i in., 1997; Pinochet, Bertrand, 2000). Poza Europą, w Kanadzie mieszańce zajmują 10% powierzchni uprawy rzepaku, w Chinach 20%, w Australii 5%. W Polsce badania i hodowla odmian mieszańcowych rzepaku prowadzone w Zakładzie Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu oraz w Spółce Hodowla Roślin Strzelce, skupiają się przede wszystkim na badaniach nad CMS *ogura* i hodowli odmian mieszańcowych w oparciu o ten system. Efektem tych prac są cztery odmiany mieszańcowe złożone zarejestrowane w latach 2001–2002: Mazur, Kaszub, Lubusz, Pomorzanin plonujące do 17% powyżej odmian wzorcowych (Woś, 2002).

Celem pracy było porównanie zmienności wybranych cech plonotwórczych i plonowania oraz określenie zależności i współzależności pomiędzy badanymi cechami w doświadczeniach z rodami populacyjnymi i mieszańcami pokolenia F₁ utworzonymi przy wykorzystaniu systemu hybrydyzacji CMS *ogura*.

MATERIAŁ I METODY

W roku 2000/2001 w pięciu miejscowościach zostały wykonane dwa doświadczenia wstępne polowe. W pierwszym doświadczeniu obiektami badań było 18 rodów rzepaku ozimego oraz dwie wzorcowe populacyjne odmiany Lisek i Kana. W drugim doświadczeniu badano 18 mieszańców pokolenia F₁ rzepaku ozimego oraz również dwie odmiany wzorcowe: Lisek i odmianę mieszańcową F₁ Buffalo.

W obu doświadczeniach oceniono plonowanie oraz cechy decydujące o wysokości plonu: przetrzymywanie roślin, wczesność oraz długość kwitnienia, wysokość roślin i masę 1000 nasion.

Wyniki pomiarów opracowano statystycznie wykonując zbiorcze analizy wariancji z wszystkich miejscowości, obliczenia średnich cech, zakresu zmienności, współczynników zmienności oraz wskaźników genetycznego uwarunkowania cech. Wykonano również obliczenia macierzy korelacji pomiędzy badanymi cechami dla doświadczeń z rodami oraz dla doświadczeń z mieszańcami. W oparciu o wyliczone współczynniki korelacji przeprowadzono analizę przyczynowo-skutkową współzależności cech w oparciu o model ścieżek Wrighta. Cechy bonitacyjne poddano przed obliczeniami transformacji przekształcając wartości obserwacji według wzoru:

$$x' = \arcsin \sqrt{0,125 \times (x - 1)},$$

gdzie x oznacza ocenę w skali (Węgrzyn i in., 1996).

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonej zbiorczej analizy wariancji stwierdzono znaczne istotne różnicowanie zarówno środowisk, jak i badanych rodów rzepaku ozimego i mieszańców pokolenia F₁ dla każdej z badanych cech (w obu doświadczeniach) (tab. 1).

Tabela 1

Analiza wariancji dla doświadczenia z rodami i mieszańcami pokolenia F₁ rzepaku ozimego
Analysis of variance for trials with strains and F₁ hybrids of winter oilseed rape

Źródło zmienności Source of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Doświadczenie z rodami Trial with strains		Doświadczenie z mieszańcami Trial with F ₁ hybrids	
		średni kwadrat mean square	F obl. F cal.	średni kwadrat mean square	F obl. F cal.
1	2	3	4	5	6
plon nasion seed yield					
Środowiska — Environments	4	2340,06	426,87**	3942,62	1302,8**
Genotypy Genotypes	19	44,13	8,05**	16,70	5,51**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	9,93	1,81**	9,48	3,13**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	8,76		6,49	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	10,32	1,88**	10,48	3,46**
Błąd doświadczenia Experimental error	285	5,48		3,03	

c.d. Tabela 1

1	2	3	4	5	6
przezimowanie overwintering					
Środowiska Environments	4	0,51	115,36**	4503,06	1172,30**
Genotypy Genotypes	19	0,02	4,56**	16,52	4,30**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	0,01	2,28**	10,34	2,69**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	0,01		7,60	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	0,01	2,23**	13,08	3,41**
Błąd doświadczenia Experimental error	285	0,005		3,84	
początek kwitnienia beginning of flowering					
Środowiska Environments	4	0,35	591,02**	0,89	1569,05**
Genotypy Genotypes	19	0,11	30,55**	0,02	7,46**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	0,00	3,68**	0,00	3,47**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	0,00		0,00	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	0,00	3,60**	0,00	3,29**
Błąd doświadczenia Experimental error	285	0,001		0,00	
koniec kwitnienia end of flowering					
Środowiska Environments	4	3,50	2035,71**	4,03	2565,32**
Genotypy Genotypes	19	0,04	29,28**	0,02	10,20**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	0,01	7,32**	0,01	4,55**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	0,03		0,01	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	0,01	3,96**	0,00	1,87*
Błąd doświadczenia Experimental error	285	0,0001		0,002	
długość kwitnienia duration of flowering					
Środowiska Environments	4	1336,98	1636,94**	767,40	2338,9**
Genotypy Genotypes	19	155,66	40,95**	81,44	26,81**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	108,42	6,99**	37,35	5,99**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	59,05		30,37	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	49,37	4,24**	6,98	2,24**
Błąd doświadczenia Experimental error	285				

c.d. Tabela 1

1	2	3	4	5	6
wysokość roślin height of plants					
Środowiska Environments	4	19,46	168,55**	24,37	302,96**
Genotypy Genotypes	19	1,43	11,92**	0,59	7,37**
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	76	0,10	0,89	0,18	2,26**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	0,09		0,07	
Odchylenie od regresji Regress deviation	57	0,11	0,91	0,24	2,98**
Błąd doświadczenia Experimental error	285	0,12		0,08	
masa 1000 nasion 1000 seeds weight					
Środowiska Environments	2	7,26	1031,13**	19,73	2060,51**
Genotypy Genotypes	19	0,12	16,22**	0,33	
Interakcja genotypy × środowiska Interaction genotypes × environments	38	0,02	2,67**	0,40	41,96**
Regresja względem środowiska Regression on environment	19	0,03			
Odchylenie od regresji Regress deviation	19	0,01	1,57		
Błąd doświadczenia Experimental error	171	0,01		0,01	

* — Istotne dla $\alpha = 0,05$;* — Significant at $\alpha = 0,05$ ** — Istotne dla $\alpha = 0,01$ ** — Significant at $\alpha = 0,01$

W tabeli 2 przedstawiono obok średnich badanych cech dla rodów rzepaku ozimego i mieszańców pokolenia F_1 również analogiczne wyniki dla odmiany Lisek biorącej udział w obu doświadczeniach. Przedstawione średnie dla odmiany Lisek nie różnią się w obu doświadczeniach, co świadczy o możliwości bezpośredniego porównywania średnich dla rodów i mieszańców pokolenia F_1 .

Badane w doświadczeniu mieszańce w porównaniu z rodami charakteryzowały się wyraźnie wyższym poziomem plonowania i masą 1000 nasion.

Najwyższą zmienność zarówno w doświadczeniu z rodami rzepaku ozimego, jak i w doświadczeniu z mieszańcami pokolenia F_1 rzepaku ozimego odnotowano dla plonu nasion (współczynnik zmienności odpowiednio: 23,60 i 25,57), najniższą natomiast zmienność w obu doświadczeniach obserwowano dla cech początek (współczynnik zmienności odpowiednio: 1,54 i 1,58) oraz koniec kwitnienia (współczynnik zmienności odpowiednio: 2,70 i 2,60) (tab. 2).

W tabeli 3 przedstawiono macierz współczynników korelacji pomiędzy badanymi cechami w doświadczeniu z rodami i doświadczeniu z mieszańcami. Stwierdzono znaczne podobieństwo współczynników korelacji plonu z pozostałymi cechami w obu doś-

wiadczeniach; najwyższą dodatnią, wysoce istotną korelację uzyskano z cechą koniec kwitnienia (0,56 i 0,76), z cechą długość kwitnienia (0,63 i 0,85) oraz z wysokością roślin (0,49 i 0,59), a wysoce istotną ujemną z masą 1000 nasion (-0,58 i -0,45) i przezimowaniem (-0,43 i -0,41).

Wykonana analiza współczynników ścieżek pozwoliła prześledzić wzajemne związki, jakie zachodzą między skorelowanymi cechami. Wyniki analizy ścieżek, uwzględniające efekty bezpośrednie i pośrednie przedstawiono w tabeli 4. Stwierdzono brak istotnego bezpośredniego wpływu przezimowania na plon nasion (-0,097 i 0,003), mimo istotnych ujemnych współczynników korelacji (-0,43 i -0,41). Wynikało to z wpływów pośrednich innych cech. Stwierdzono również istotność efektów bezpośrednich początku kwitnienia (0,900 i -0,37) mimo braku korelacji tej cechy z plonem.

Tabela 2

Średnie wartości cech, zakresy zmienności, współczynniki zmienności i wskaźniki genetycznego uwarunkowania cech

Mean values, ranges of variability, coefficients of variability and indices of heritability for the traits

Cechy Traits	Doświadczenie z rodami Trial with strains				Doświadczenie z mieszańcami Trial with F ₁ hybrids			
	średnie means	zakres zmien- ności range of variability	współczyn- nik zmienności coefficient of variability	wskaźnik genetycznego uwarunkowania cech index of heritability	średnie means	zakres zmien- ności range of variability	współczyn- nik zmienności coefficient of variability	wskaźnik genetycznego uwarunkowania cech index of heritability
Plon nasion Seed yield (dt/ha)	49,22	46–57	23,60	0,78	52,85	49–55	25,57	0,43
Lisek	50,32				49,87			
Bonitacja przezimowania Overwintering	1,25	1,14–1,36	17,73	0,42	1,29	1,03–1,46	14,84	0,72
Lisek	1,22				1,24			
Początek kwitnienia Beginning of flowering (il. dni od 1.01.)	126,7	123–128	1,54	0,98	126,3	124–127	1,58	0,92
Lisek	126,1				127,0			
Koniec kwitnienia End of flowering (il. dni od 1.01.)	149,7	147–151	2,70	0,64	150,3	149–151	2,60	0,70
Lisek	151,4				153,7			
Długość kwitnienia (dni) Duration of flowering (days)	22,3	20–24	17,72	0,83	24,0	22–26	16,33	0,74
Lisek	23,0				26,7			
Wysokość roślin Height of plant (cm)	152,6	143–164	8,78	0,93	152,2	144–158	8,00	0,69
Lisek	151,2				151,00			
Masa 1000 nasion 1000 seeds weight (g)	4,62	4,26–5,17	12,18	0,85	5,04	4,47–5,65	18,62	-0,23
Lisek	4,63				4,60			

Tabela 3

Macierz współczynników korelacji pomiędzy badanymi cechami doświadczenia z rodami i mieszańcami pokolenia F₁ rzepaku ozimego
Matrix of phenotype correlation of investigated traits for trial with strains and F₁ hybrids of winter oilseed rape

Cechy Traits	1	2	3	4	5	6	7
doświadczenie z rodami trial with strains							
1 Plon nasion — Seed yield	1						
2 Bonitacja przezimowania — Overwintering	-0,431**	1					
3 Początek kwitnienia — Beginning of flowering	-0,090	0,232*	1				
4 Koniec kwitnienia — End of flowering	0,595**	-0,350**	0,214*	1			
5 Długość kwitnienia — Duration of flowering	0,630**	-0,457**	-0,266*	0,885**	1		
6 Wysokość roślin — Height of plants	0,486**	-0,249*	-0,097	0,078	0,123	1	
7 Masa 1000 nasion — 1000 seeds weight	-0,575**	0,306**	0,296**	0,097	-0,186	-0,603**	1
doświadczenie z mieszańcami trial with F ₁ hybrids							
1 Plon nasion — Seed yield	1						
2 Bonitacja przezimowania — Overwintering	-0,405**	1					
3 Początek kwitnienia — Beginning of flowering	-0,186	-0,402**	1				
4 Koniec kwitnienia — End of flowering	0,758**	-0,632**	0,241*	1			
5 Długość kwitnienia — Duration of flowering	0,847**	-0,640**	-0,268**	0,870**	1		
6 Wysokość roślin — Height of plants	0,590**	-0,091	-0,511**	0,242*	0,500**	1	
7 Masa 1000 nasion — 1000 seeds weight	-0,448**	0,234*	0,083	-0,064	-0,108	-0,152	1

n = 400; * — Istotne dla $\alpha = 0,05$ n = 400; * — Significant at $\alpha = 0.05$ ** — Istotność przy $\alpha = 0,01$ ** — Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 4

Bezpośrednie (podkreślone) i pośrednie wpływy cech struktury plonu na plon nasion w doświadczeniu z rodami i mieszańcami pokolenia F₁ rzepaku ozimego
Direct (underlined) and indirect effects of the yield structure traits on seed yield in trials with strains and F₁ hybrids of winter oilseed rape

Cecha Trait		x ₁	x ₂	x ₃	x ₄	x ₅	x ₆	Współczynnik korelacji ^a Correlation coefficient ^a
1	2	3	4	5	6	7	8	9
doświadczenie z rodami trial with strains								
x ₁	przezimowanie overwintering	<u>-0,097</u>	0,209	0,561	-1,002	-0,100	-0,002	-0,431**
x ₂	początek kwitnienia beginning of flowering	-0,022	<u>0,900</u>	-0,343	-0,583	-0,039	-0,002	-0,090
x ₃	koniec kwitnienia end of flowering	0,034	0,193	<u>-1,603</u>	1,941	0,031	-0,001	0,595**
x ₄	długość kwitnienia duration of flowering	0,044	-0,239	-1,419	<u>2,193</u>	0,049	0,001	0,630**
x ₅	wysokość roślin height of plants	0,024	-0,087	-0,125	0,270	<u>0,400</u>	0,004	0,486**
x ₆	masa 1000 nasion 1000 seeds weight	-0,030	0,266	-0,156	-0,408	-0,241	<u>-0,007</u>	-0,575**

1	2	3	4	5	6	7	8	9
doświadczenie z mieszającami trial with F ₁ hybrids								
x ₁	przezimowanie overwintering	0,003	0,148	-0,672	0,220	-0,024	-0,081	-0,405**
x ₂	początek kwitnienia beginning of flowering	-0,001	-0,370	0,256	0,092	-0,135	-0,029	-0,186
x ₃	koniec kwitnienia end of flowering	-0,002	-0,089	1,063	-0,299	0,064	0,022	0,758**
x ₄	długość kwitnienia duration of flowering	-0,002	0,099	0,925	-0,344	0,132	0,037	0,847**
x ₅	wysokość roślin height of plants	-0,000	0,189	0,257	-0,172	0,264	0,053	0,590**
x ₆	masa 1000 nasion 1000 seeds weight	0,001	-0,031	-0,068	0,037	-0,040	-0,347	-0,448**

a — Współczynnik korelacji danej cechy niezależnej z plonem nasiona

a — Correlation coefficient of the following independent trait with seed yield

* Istotne dla $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

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

** Significant at $\alpha = 0.01$

WNIOSKI

1. Przeprowadzone badania dokumentują fakt istotnej zależności wielkości plonu nasion od takich cech, jak przezimowanie roślin, długość kwitnienia i wysokość roślin. Uzyskane wyniki mogą ułatwić hodowcom wybór cech, które należy w pierwszym rzędzie uwzględniać podczas selekcji materiału hodowlanego.
2. Stwierdzone wyraźne istotne zróżnicowanie dla środowisk świadczy o silnym wpływie środowiska na wysokość i wierność plonowania zarówno rodów, jak i mieszańców pokolenia F₁ rzepaku ozimego.
3. Analiza współczynników ścieżek pozwala na dokładniejszą interpretację zależności pomiędzy cechami określonymi przy pomocy współczynników korelacji.

LITERATURA

- Frauen M., Paulmann W. 1999. Breeding of hybrid varieties of winter rapeseed on the MSL — system. Proc. of 10th Intern. Rapeseed Congress, 26–29. Sept., Australia (CD-ROM).
- Grabiec B., Krzymański J. 1984. Badania nad wykorzystaniem zjawiska heterozji w hodowli rzepaku ozimego w Polsce. Wyniki Badań nad Rzepakiem Ozimym: 65 — 73.
- Grant I., Beversdorf W. D. 1985. Heterosis and combining ability estimates in spring planted oilseed rape (*Brassica napus* L.). Can. J. Genet. Cytol. 27: 472 — 478.
- Krzymański J., Bulińska M., Korytowska W., Piętka T. 1983. Odziedziczalność i heterozja niektórych cech u rzepaku ozimego dwuzerowego. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 290: 141 — 158.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1993. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. I. Pokolenie F₁. Post. Nauk Rol. 5/93: 41 — 52.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1994. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. II. Pokolenia F₁ i F₂. Rośliny Oleiste XV (1): 21 — 32.
- Lefort-Buson M., Dattée Y. 1982. Genetic study of some agronomic characters in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) I. Heterosis. Agronomie 2 (4): 315 — 322.

- Lefort-Buson M., Dattée Y. 1985 a. Etude de l'hétérosis chez le colza oléagineux d'hiver (*Brassica napus* L.). Comparaison de deux populations, l'une homozygote et l'autre heterozygote. *Agronomie* 5 (2): 101 — 110.
- Lefort-Buson M., Dattée Y. 1985b. Etude de l'hétérosis chez le colza oleagineux d'hiver (*Brassica napus* L.). II. Structure genetique d'une population de lignées. *Agronomie* 5 (3): 201 — 208.
- Ogura H. 1968. Studies on the new male-sterility in Japanese radish with special reference to the utilization of this sterility towards the practical raising of hybrid seeds. *Mem. Fac. Agric. Ragostrima Univ.* 6 (2): 39 — 78.
- Pinochet X. 1995. Arrivée de materiel de type cybride en France. *Bulletin GCIRC* 11: 32 — 37.
- Pinochet X., Bertrand R. 2000. Oilseed rape grain yield productivity increases with hybrid varietal types: a first balance sheet with post registration tests in France and in Europe. *OCL*, vol. 7: 11 — 16.
- Renard M., Delourme R., Pierre J. 1997. Mise sur le marché d 'hybrides de colza. *Bulletin GCIRC* 14: 114 — 122.
- Schuster W., Michael J. 1976. Untersuchungen über Inzuchtdepressionen und Heterosiseffekte bei Raps (*Brassica napus oleifera*). *Z. Pflanzenzüchtung* 77: 56 — 66.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T., Grochowski L. 1996. Zmienność i współzależność cech oraz ocena zjawisk genetycznych w kolekcji roboczej żyta ozimego. *Biul. IHAR* 200: 69 — 84.
- Woś H. 2002. Nowe odmiany rzepaku ozimego Hodowli Roślin Strzelce. *Agro Serwis* 13 (244): 8 — 9.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy składają podziękowanie Pani dr Elżbiecie Januszewicz z Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie za cenne rady oraz udostępnienie programu do obliczeń analizy ścieżek.

ANETA STAWIANA-KOSIOREK**JANUSZ GOŁASZEWSKI****DARIUSZ ZAŁUSKI**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Konkurencyjność roślin w doświadczeniach hodowlanych z grochem siewnym (*Pisum sativum* L.)

Część I. Oddziaływania brzegowe

Plant competition in plant breeding trials with pea (*Pisum sativum* L.)

Part I. Border interference

Podstawą badań nad występowaniem efektów brzegowych były trzy metodyczne doświadczenia polowe z grochem siewnym (*Pisum sativum* L. sensu lato), które miały na celu wykrycie i ocenę efektów konkurencyjności, w tym efektów oddziaływania brzegowego ścieżki między pasami doświadczenia i między poletkami oraz od przesiewki rozdzielającej poletka. Stwierdzono, że konkurencyjność roślin grochu zależy od metodyki doświadczenia, doboru genotypów i warunków siedliskowych. Rośliny grochu na obrzeżach poletka plonowały o 2–6% wyżej niż w centralnej części poletka, natomiast oddziaływanie brzegowe ścieżki między pasami doświadczalnymi i przesiewki sięgało 0,5 m.

Słowa kluczowe: doświadczenie polowe, efekt brzegowy, groch, konkurencyjność

The basis of the study were three experiments with pea (*Pisum sativum* L. sensu lato). The arrangement of the experiments enabled detection and estimation of competition effects as the interference effects of the paths between the experimental strips and plots as well as of the intercrop that separated the pea plots. It was stated that pea plant competition depended on the experimental method, genotypes selection and environmental conditions. Plants grown in border parts of the plots yielded 2–6% higher than plants in central parts of the plots, and the effects of the border interference spread up to 0.5 m.

Key words: border effect, field experiment, competition, pea

WSTĘP

Doświadczenie polowe stanowi podstawową metodę prowadzenia badań rolniczych, przy czym wyniki doświadczenia zależą w dużej mierze od losowych czynników środo-

wiskowych oraz efektów konkurencyjności roślin. Oba źródła zmienności danych doświadczalnych wpływają na wielkość błędu doświadczalnego oraz, co z tym się wiąże, na skuteczność doświadczenia w wykrywaniu faktycznych efektów obiektowych. Zmienność wynikająca ze zróżnicowanych warunków siedliskowych w doświadczeniu można w dużej mierze kontrolować przez ścisłe przestrzeganie założeń metodycznych, w tym wybór odpowiedniego układu doświadczenia w polu. Natomiast konkurencyjność roślin będzie zawsze atrybutem doświadczenia polowego; nie kontrolowana może zniekształcić faktyczne efekty obiektowe. Występowanie wśród roślin zjawiska konkurencyjności może wpływać na zmianę faktycznych właściwości użytkowych roślin a wśród przyczyn konkurencyjności należy wymienić źródła genetyczne, w tym morfotyp rośliny, rytm i siłę wzrostu rośliny, warunki środowiska jak również efekty interakcji między tymi czynnikami.

W doświadczeniu polowym efekty konkurencyjności mogą ujawnić się w wyniku oddziaływania brzegowego (czołowego) i oddziaływania sąsiedzkiego. Obecność efektów oddziaływania między roślinami w doświadczeniach polowych jest podstawową przesłanką do wydzielenia części poletka do zbioru, z pominięciem obrzeży poletek. Rośliny z brzegowych części poletka są z reguły lepiej rozwinięte i mogą stanowić od kilku do kilkudziesięciu procent całkowitej powierzchni poletka, gdy tymczasem na polu produkcyjnym oddziaływania brzegowe, jakkolwiek obecne, nie mają praktycznego znaczenia (Pacewicz, Stankowski, 1998).

Pierwsze udokumentowane dane na temat oddziaływań brzegowych oraz sposoby unikania obciążenia wyników efektami konkurencyjności podaje Arny (1922). Wysokie efekty oddziaływania brzegowego, które mogą istotnie zniekształcić faktyczne plony odmian, odnotowano w badaniach z soją (Probst, 1943; Monzon i in., 1972), fasolą (Costa, Zimmermann, 1998) oraz ryżem (Zimmermann, 1980).

Pacewicz i Stankowski (1998) w badaniach nad szerokością ścieżek technologicznych i gęstością wysiewu w doświadczeniach uprawowych z jęczmieniem stwierdzili, że efekt brzegowy, w tym przypadku średni plon z rzędów poletka graniczących ze ścieżką technologiczną, jest istotny tylko dla dwóch pierwszych rzędów.

W doświadczeniach hodowlanych z grochem powszechną praktyką jest stosowanie przesiewki ze zbóż rozdzielającej poletka, m.in. z uwagi na wiotkie łodygi roślin grochu, częste szczepianie się roślin z sąsiednich poletek i trudności podczas sprzętu roślin oraz ułatwienia w prowadzeniu obserwacji. Jednak, również i taka modyfikacja doświadczenia może być źródłem dodatkowej zmienności roślin bezpośrednio sąsiadujących z przesiewką. Punktem odniesienia dla możliwych relacji między roślinami grochu a rośliną zbożową przesiewki są liczne prace nad konkurencją roślin różnych gatunków uprawianych w mieszkankach. Gatunki roślin będące komponentami mieszanek różnią się zazwyczaj szybkością wzrostu, rytmem rozwojowym, zdolnością krzewienia, rozmiarami systemu korzeniowego, wymaganiami glebowymi, wodnymi, pokarmowymi i innymi cechami biologicznymi. Badania Rudnickiego i Wasilewskiego (1993) nad uprawą jarych mieszanek zbożowych jęczmienia, owsa i pszenicy dowodzą, że w rywalizacji o wodę rośliny jęczmienia i pszenicy są dla owsa słabszymi konkurentami niż rośliny własnego gatunku.

Niniejsze badania miały na celu ocenę efektów oddziaływania brzegowego: od nie obsianych ścieżek między pasami doświadczalnymi oraz od różnej szerokości ścieżki między poletkami i przesiewki rozdzielającej poletka.

MATERIAŁ I METODY

Podstawą badań nad efektami oddziaływań brzegowych były trzy metodyczne doświadczenia polowe z grochem siewnym (*Pisum sativum* L. sensu lato) (tab. 1). Doświadczenia prowadzono w latach 1984, 1987, 1995 na polu Stacji Doświadczalnej Uniwersytetu Warmińsko Mazurskiego w Tomaszku k. Olsztyna. Doświadczenia lokalizowano na glebie brunatnej właściwej wytworzonej z gliny lekkiej pylastej, kompleksu żytniego klasy bonitacyjnej IVa. Przedplonem w doświadczeniach była uprawa rzepaku ozimego (1984, 1987) oraz czarny ugór (1995). Należy zaznaczyć, że wyniki badań prowadzonych w latach 1984 i 1987 stanowiły podstawę publikacji naukowej (Gołaszewski, 1991), nie były jednak rozważane pod kątem konkurencyjności roślin.

Tabela 1

Charakterystyka doświadczeń Characterization of experiments

Symbol doświadczenia Symbol of experiment	Obiekty doświadczalne Treatments	Metodyka doświadczenia Methods of experiment	
		1.	Układ doświadczenia Experimental design
		2.	Powierzchnia poletka Plot size
		3.	Liczba rzędów na poletku Rows per plot
		4.	Jednostka podstawowa Experimental unit
Efekty oddziaływania brzegowego nie obsianej ścieżki między pasami doświadczalnymi i przesiewki między poletkami Border effect from non-sowed alley between experimental stripes and intercrop between plots			
Odmiany Varieties			
B84	Sum (Nw)	1.	Losowane bloki w 6 powtórzeniach
B87	Hamil (Sw)	2.	15 m ²
	Legenda (Sw)	3.	10 rzędów o długości 5 m, rozstawa między rzędami 0,3 m
	Kaliski (W)	4.	Pojedyncza roślina z każdego punktu siewnego
	Karat (W)		
Efekty oddziaływania brzegowego różnej szerokości ścieżki i rodzaju przesiewki między poletkami Border effect from alleys between plots (differed in breadth) and a kind of intercrop between plots			
Odmiana Ergo (S) Ergo (S) variety			
B95	Rodzaj ścieżki między poletkami:	1.	Losowane bloki w 8 powtórzeniach
	— przesiewka z owsa	2.	10 m ²
	— szerokość ścieżki: 0,2; 0,4; 0,6; 0,8 m	3.	10 rzędów o długości 5 m, rozstawa między rzędami 0,2 m
		4.	Pojedynczy rząd o długości 4 m
W — Wysoka; high S — Średnio wysoka; medium high N — Niska; small w — Wąskolistna; narrow-leaved			

Materiał badawczy stanowiły różne genotypy grochu siewnego reprezentujące szerokie spektrum zmienności morfologicznej i fizjologicznej roślin grochu, w tym odmiany niskie i wysokie, odmiany wąsolistne i o liściach tradycyjnych, odmiany wczesne i średnio wczesne (tab. 1). Do siewu użyto kwalifikowane nasiona odmian w stopniu superelity lub elity.

Doświadczenia B84 i B87 z pięcioma odmianami grochu; Hamil, Sum, Legenda, Kaliski i Karat założono metodą losowanych bloków w dwóch pasach doświadczalnych po trzy bloki w każdym. Przerwa między pasami doświadczalnymi wynosiła 1 m i była utrzymywana w czystości (systematycznie odchwaszczana). Oceniano wysokość rośliny i plon nasion z rośliny z każdego punktu siewnego poletka, łącznie 500 obserwacji dla każdej z cech. Można więc przyjąć, że każde poletko było pojedynczym doświadczeniem bezczynnikowym z 500 jednostkami podstawowymi wielkości 0,03 m² (0,1 x 0,3 m). W analizie statystycznej wyników doświadczeń B84 i B87 wyznaczono procentowe odchylenia skrajnych obserwacji w rzędzie oraz skrajnych rzędów poletka od średnich wyznaczonych odpowiednio dla obserwacji z centralnej części rzędów oraz centralnych rzędów poletka. Istotność zakresu oddziaływania sąsiedzkiego określono metodą analizy wariancji dla układu split-plot (czynnik I — odmiany, czynnik II — rzędy na poletku w obrębie sąsiadujących odmian) z kontrastami uwzględniającymi porównanie rzędów skrajnych poletka z pozostałymi. Układ split-plot wygenerowano z układu losowanych bloków.

Celem doświadczenia B95 było określenie relacji między efektami rzędów brzegowych poletka a rodzajem ścieżki rozgraniczającej poletka. Zastosowano dwie zwykle stosowane w doświadczeniach hodowlanych przesiewki: pszenicę jarą i owies, oraz ścieżki o szerokości 0,2, 0,4, 0,6, i 0,8 m. Układ doświadczenia w polu odpowiadał układowi losowanych bloków w ośmiu powtórzeniach. W całym doświadczeniu wysiano nasiona jednej odmiany — Ergo, a każde poletko zawierało 10 rzędów. Ostatecznie w analizie statystycznej wyników, podobnie jak w przypadku doświadczeń 1984 i 1987 przyjęto układ split-plot traktując rzędy dwu sąsiadujących poletek graniczące ze ścieżką jako czynnik II. W analizie statystycznej wyników doświadczenia B95 zastosowano analizę wariancji z kontrastami umożliwiającymi ocenę efektów oddziaływania ścieżki na sąsiednie rzędy.

Techniczna strona prowadzonych doświadczeń odpowiadała standardowemu podejściu przy zakładaniu wielu doświadczeń polowych, w tym doświadczeń hodowlanych. Nawożenie i uprawę gleby wykonano zgodnie z zaleceniami agrotechnicznymi dla uprawy grochu pastewnego. Nasiona wysiewano w sposób typowy dla doświadczeń hodowlanych, ręcznie w rzędy, po dwa nasiona w punkt, na głębokość 3–6 cm, co 0,1 m. Rozstawa między rzędami wynosiła 0,20 m (B95) lub 0,30 m (B84, B87). Po wysiewie nasion wykonano bronowanie.

W czasie wegetacji roślin doświadczenia odchwaszczano mechanicznie. Doraźnie, w miarę potrzeb, stosowano chemiczne zabiegi ochronne przeciwko szkodnikom (oprzędzik, pachówka strąkóweczka, mszyca), chorobom grzybowym (askochytoza i fuzarioza) i chwastom w formie oprysków.

Sprzęt roślin wykonano ręcznie. W trakcie zbioru wykonano pomiary wysokości roślin, po czym rośliny wymłócono i oznaczono plon nasion, w zależności od doświadczenia — z rośliny lub z rzędu.

Warunki meteorologiczne w latach badań 1984, 1987, 1995, były zróżnicowane i znacznie odbiegały od warunków optymalnych dla wzrostu i rozwoju roślin grochu (Jasińska i Kotecki, 1993) (tab. 2).

Tabela 2

Dane meteorologiczne w latach badań według Stacji Meteorologicznej w Tomaszkanie
Meteorological data in the years of study from Meteorological Station in Tomaszkanie

Lata badań Years of study	Miesiące Months				
	IV	V	VI	VII	VIII
Średnia temperatura powietrza (°C) Mean air temperature (°C)					
1984	8,8	14,4	14,4	15,9	18,8
1987	6,7	12,0	15,5	18,3	15,8
1995	7,7	12,5	17,4	20,2	19,0
Średnia 1971–2000 Mean 1971–2000	6,4	12,9	15,9	17,6	17,1
Suma opadów (mm) Monthly rainfall (mm)					
1984	29	48	133	95	31
1987	29	57	130	64	75
1995	19	16	28	41	16
Średnia 1971–2000 Mean 1971–2000	38	51	84	74	64

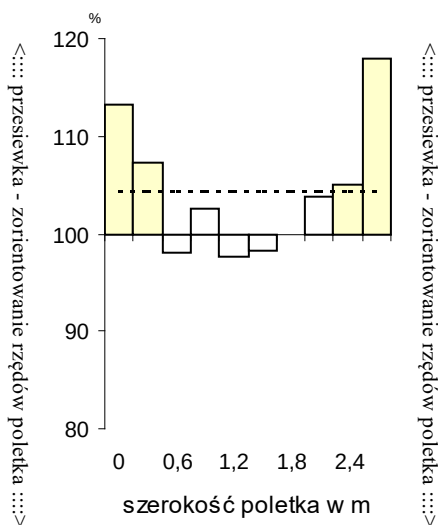
Przebieg pogody w roku 1984 i 1987 miał niekorzystny wpływ na wegetację roślin, co znalazło odzwierciedlenie w ocenach wartości badanych cech. Nadmierne opady w czerwcu i lipcu spowodowały wydłużenie okresu wegetacji, silny rozwój masy wegetatywnej, opóźnione dojrzewanie, generalnie słabo wykształcone nasiona i niskie plony nasion z rośliny. Z kolei, w 1995 roku dość wysokie temperatury powietrza w kwietniu i maju w powiązaniu z bardzo małą ilością opadów sprawiły, że wschody były opóźnione i nierównomierne. W czerwcu, lipcu i sierpniu pogłębiała się susza; temperatury powietrza były bardzo wysokie a opady były niedostateczne. Miało to niekorzystny wpływ na kwitnienie, zawiązywanie i wypełnianie strąków. Taki rozkład temperatur i opadów przyspieszył dojrzewanie i zbiór grochu.

WYNIKI

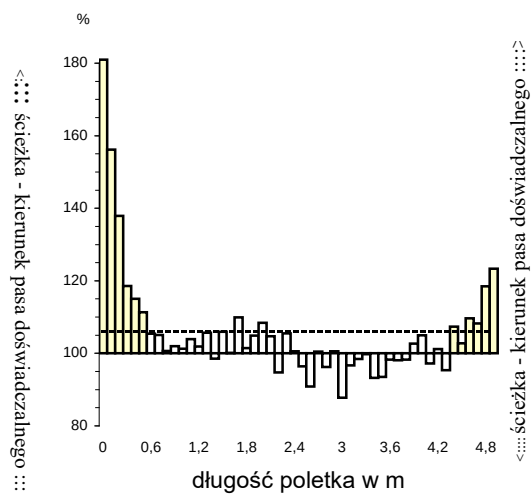
Oddziaływania ścieżki między pasami doświadczalnymi i przesiewki między poletkami

Wyniki doświadczeń B84 i B87 dowodzą obecności efektów oddziaływania brzegowego zarówno od nie obsianej części pola oddzielającej pasy doświadczalne, jak również od przesiewki między sąsiednimi poletkami.

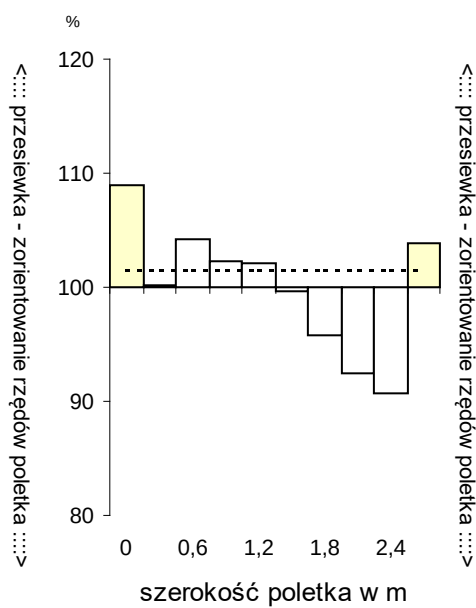
a) B84



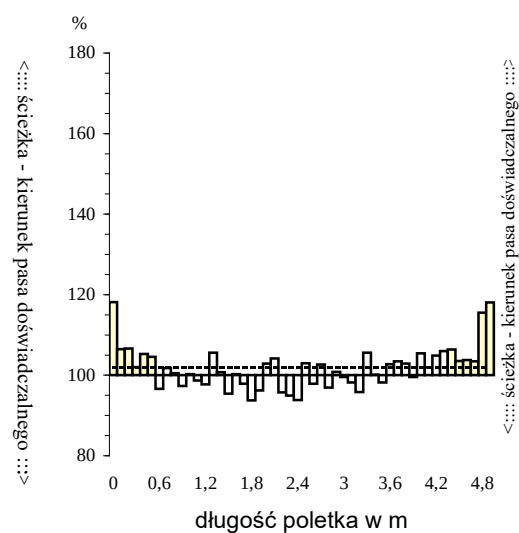
b) B84



c) B87



d) B87



(a, c — względem przesiewki, b, c — względem ścieżki wzdłuż pasa doświadczalnego, linia przerywana — średni efekt oddziaływania brzegowego)

(a, c — to the intercrop, b, d — to the alleys along experimental stripes, dashed line — mean border effect)

Rys. 1. Efekt oddziaływania brzegowego w doświadczeniach z grochem siewnym wyrażony w procentach średniej plonu z centralnych części rzędów poletka

Fig. 1. Border effect in pea experiments as a percentage of mean yield from central part of the plots

Efekt oddziaływania brzegowego (rys. 1) przedstawiono jako procentowy udział obserwacji ze skrajnych rzędów poletka względem średniej plonów z centralnych rzędów poletka (rys. 1 a w doświadczeniu B84, rys. 1 b w doświadczeniu B87) lub procentowy udział skrajnych obserwacji w rzędzie w stosunku do obserwacji notowanych z centralnej części rzędu (rys. 1 b w doświadczeniu B84, rys. 1 d w doświadczeniu B87). W jednym i drugim przypadku oddziaływania brzegowego efekty konkurencyjności, które mogą wypaczyć ocenę plonu nasion z poletka odnosiły się do jednego lub dwóch rzędów skrajnych poletka oraz 6 skrajnych obserwacji w rzędzie. Odpowiada do pasowi ochronnemu wokół poletka 0,6 m. Uwzględniając możliwe efekty konkurencji, teoretyczne wielkości poletka do zbioru w analizowanych doświadczeniach powinny wynosić (2,4 x 3,8m) oraz (2,7 x 3,8m).

W doświadczeniu B84 średnie efekty na rzędach skrajnych w porównaniu z efektami centralnej części poletka były wyższe o 13–17% dla rzędu skrajnego i o 5–7% dla rzędu drugiego od przesiewki między poletkami. Analogiczne efekty dla konkurencyjności w rzędzie zmniejszały się od 118% dla obserwacji skrajnych w rzędzie do 106% w przypadku szóstej obserwacji od ścieżki.

Efekty konkurencyjności w doświadczeniu B87 (rys. 1 c, 1 d) były odmienne od efektów odnotowanych w doświadczeniu B84. Średnie efekty od przesiewki były wyraźnie słabsze, ograniczone jedynie do skrajnych rzędów poletka, i wynosiły 103–108% względem plonów z rzędów centralnych poletka (100%). Z kolei, efekty w plonie nasion roślin skrajnych części rzędu były bardzo wysokie i wynosiły 123–180% dla obserwacji skrajnej rzędu i intensywnie malały do poziomu 105–107% dla obserwacji szóstej od ścieżki.

Porównując oceny plonu z całego poletka oraz oceny plonu z centralnej części poletka stwierdzono, że średni efekt konkurencyjności wynikający z oddziaływania przesiewki wynosił od 1,6 (B87) do 4,3% (B84), natomiast średni efekt konkurencyjności od ścieżki między pasami doświadczalnymi wynosił od 2 (B84) do 6% (B87).

W celu oceny istotności efektów oddziaływania rzędów na plon grochu w zależności od długości rzędów wykonano analizę wariancji. W tabeli 3 zestawiono średnie kwadraty z analiz wariancji plonu nasion z rośliny w doświadczeniach B84 i B87. Jednostkę doświadczalną w analizach stanowił plon nasion z pojedynczego rzędu o długości 3,8 m (pominięto skrajne 0,6 m z jednej i z drugiej strony rzędu) oraz 5 m (długość poletka/rzędów).

Wyniki analizy wariancji potwierdzają wcześniejsze spostrzeżenia. W obu doświadczeniach zróżnicowanie w plonach między rzędami poletka było istotne, aczkolwiek ograniczone do efektów oddziaływania między rzędem skrajnym poletka a rzędami w środku poletka. Efekty oddziaływania rzędów poletka 2 i 3 w stosunku do rzędów środkowych były zdecydowanie słabsze; istotne jedynie dla różnic między rzędem 2 a rzędami środkowymi, wtedy gdy analiza dotyczyła danych z rzędów o długości 5 m. Z tego wynika, że efekt rzędów skrajnych poletka może rozciągać się do rzędu drugiego, jeśli analiza odnosi się do danych rejestrowanych z całego poletka, czyli łącznie z częścią poletka bezpośrednio sąsiadującą ze ścieżkami między pasami doświadczenia.

Tabela 3

Średnie kwadraty z analiz wariancji wyników doświadczeń B84 i B87
Mean squares from analyses of variance for the results of experiments B84 and B87

Źródło zmienności Source of variation	B84		B87	
	Długość rzędu — Length of row			
	3,8 m	5 m	3,8 m	5 m
Odmiany — Cultivars	6,33	4,91	25,12*	28,89*
Błąd I — Residual	16,08	17,03	8,41	9,24
Rzędy poletka, w tym kontrasty:	6,51*	6,54**	6,13**	4,66**
#1: 1 rząd a pozostałe rzędy	47,42**	44,48**	25,92**	15,00**
#2: 2 rząd a pozostałe rzędy	4,85	7,84*	0,94	3,47*
#3: 3 rząd a pozostałe rzędy	0,26	0,32	0,33	0,51
pozostałe kontrasty	1,00	1,04	4,66*	3,83*
Odmiany x rzędy poletka	2,38	1,92	1,11	1,17
odmiany x #1	4,82*	4,90*	3,35*	2,64*
odmiany x #2	4,72*	3,41*	1,76	2,31*
odmiany x #3	1,64	1,67	2,41*	1,79
pozostałe kontrasty	1,71	1,22	0,41	0,63
Błąd II — Residual II	1,54	1,30	0,93	0,83

*, ** — Istotność funkcji testowej $F_{emp.}$, gdy $P < 0,05$ i $P < 0,01$

*, ** — Significance of $F_{emp.}$ at $P < 0,05$ and $P < 0,01$

Poziom plonowania odmian w doświadczeniu B84 był zbliżony; zróżnicowany natomiast w doświadczeniu B87. Można jednak przyjąć, że na wszystkich poletkach obu doświadczeń oddziaływania między rzędami poletka były podobne. Świadczy o tym brak interakcji odmiany x rzędy poletka.

Rodzaj ścieżki między poletkami a efekty konkurencyjności

Przeprowadzona analiza oraz wyznaczone efekty dla doświadczenia 1995 dotyczyły wysokości roślin i plonu nasion z pojedynczego rzędu poletka. Oszacowania wariancji oraz oceny istotności funkcji testowej $F_{emp.}$ dowodzą, że efekty konkurencyjności w wysokości roślin były słabsze niż w plonie nasion (tab. 4). Wśród istotnych kontrastów wymienić należy porównanie wysokości roślin między przesiewkami oraz między rzędem grochu bezpośrednio sąsiadującym z przesiewką a pozostałymi rzędami.

Na podstawie analizy plonu nasion stwierdzono nieistotną zmienność dla rodzaju ścieżki, istotną natomiast dla odległości rzędu od ścieżki i interakcji rodzaj ścieżki x odległość rzędu od ścieżki. Układ istotnych kontrastów w obrębie rodzaju ścieżki był inny niż dla wysokości roślin i dotyczył porównań przesiewka a szerokość ścieżki oraz szerokość ścieżki 0,2 m a ścieżki szersze. Istotna zmienność odległości rzędu od ścieżki wynikała z porównania plonów rzędu pierwszego i drugiego z pozostałymi rzędami.

W ocenie wysokości roślin grochu dominował średni efekt wynikający z porównania wysokości roślin znajdujących się w sąsiedztwie różnych przesiewek. Rośliny grochu na poletkach oddzielonych przesiewką z pszenicy jarej były o 8% wyższe niż rośliny rosnące w sąsiedztwie przesiewki z owsa. Jednocześnie, efekt tego kontrastu wynosił około 4% średniej wysokości roślin na poletkach oddzielonych przesiewką. Obserwowaną relację wyjaśniają właściwości fizjologiczne gatunków roślin stosowanych jako przesiewki oraz ich wymagania związane ze stanowiskiem (tab. 5).

Tabela 4

Średnie kwadraty błędów z analizy wariancji wysokości roślin i plonu nasion w doświadczeniu B95a
Mean square errors from analysis of variance for plant height and seed weight in experiment B95a

Rodzaj zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Wysokość roślin Plant height	Plon nasion z rzędu Seed yield per row
		średni kwadrat mean square	średni kwadrat mean square
Bloki Blocks	7	3437,00	193091,0
Rodzaj ścieżki (P), w tym:	5	187,94	14077,0
P#1 (przesiewka x szerokość ścieżki;	1	37,67	32016,6**
P#2 (pszenica jara x owies;)	1	696,53**	0,2
P#3 (0.2 x 0.4, 0.6, 0.8)	1	53,44	31634,3**
P#4 (0.4 x 0.6, 0.8)	1	0,28	3448,1
P#5 (0.6 x 0.8)	1	151,78	3287,9
Błąd I Residual I	35	174,31	8941,0
Rząd od ścieżki (R), w tym:	4	22,92	35810,0
R#1 (rzęd 1 a rzędy 2, 3, 4, 5;)	1	50,97*	136535,7**
R#2 (rzęd 2 a rzędy 3, 4, 5;)	1	20,63	6141,1**
R#3 (rzęd 3 a rzędy 4, 5;)	1	2,97	9,8
R#4 (rzęd 4 a rząd 5;)	1	17,12	553,2
P x R, w tym:	20	22,42	5407,0*
P#1 x R#1	1	0,33	28367,4**
P#1 x R#2	1	21,84	1469,8
P#1 x R#3	1	3,14	23,5
P#1 x R#4	1	0,25	1455,9
P#2 x R#1	1	36,50	12696,8**
P#2 x R#2	1	0,89	12,3
P#2 x R#3	1	14,36	533,3
P#2 x R#4	1	13,60	1079,1
P#3 x R#1	1	39,47	0,0
P#3 x R#2	1	19,63	464,2
P#3 x R#3	1	1,20	123,2
P#3 x R#4	1	0,03	107,0
P#4 x R#1	1	28,32	3854,8*
P#4 x R#2	1	0,74	1505,4
P#4 x R#3	1	10,79	6769,9**
P#4 x R#4	1	2,64	862,3
P#5 x R#1	1	141,41**	42212,6**
P#5 x R#2	1	73,06*	6,7
P#5 x R#3	1	12,76	585,6
P#5 x R#4	1	27,34	6004,3*
Błąd II Residual	408	23,18	1806,0

*, ** — Istotność funkcji testowej $F_{emp.}$, gdy $P < 0,05$ i $P < 0,01$

*, ** — Significance of $F_{emp.}$ at $P < 0.05$ and $P < 0.01$

Oceny różnic dla obu analizowanych cech zestawiono w tabeli 5. W ocenie wysokości roślin grochu dominował średni efekt wynikający z porównania wysokości roślin znajdujących się w sąsiedztwie różnych przesiewek. Rośliny grochu na poletkach oddzielonych przesiewką z pszenicy jarej były o 8% wyższe niż rośliny rosnące w sąsiedztwie przesiewki z owsa. Jednocześnie, efekt tego kontrastu wynosił około 4% średniej wysokości roślin na poletkach oddzielonych przesiewką.

Tabela 5

Efekty kontrastów między różnymi rodzajami ścieżki oddzielającej poletka, zakresem oddziaływania oraz interakcji rodzaj ścieżki × zakres oddziaływania ścieżki (wyróżniono efekty istotne)

Contrast effects between different kinds of the alley separating plots, range of interference and interaction kind of alley × range of interference (significant effects are underlined)

Wyszczególnienie Specification	R#1 rzząd 1 od ścieżki a dalsze rzędy row 1 from the alley and the next rows	R#2 rzząd 2 od ścieżki a dalsze rzędy row 2 from the alley and the next rows	R#3 rzząd 3 od ścieżki a dalsze rzędy row 3 from the alley and the next rows	R#4 rzząd 4 od ścieżki a rząd 5 row 5 from the alley and the next rows	Efekty dla rodzaju ścieżki Effects for kind of alley
wysokość roślin (cm) plant height (cm)					
P#1 przesiewka a szerokość ścieżki intercrop and broad of alley	-0,0093	-0,0974	0,0522	0,0267	-0,1967
P#2 owies a pszenica jara oats and spring wheat	-0,2395	0,0475	0,2750	0,4600	-2,0850
P#3 ścieżka 20 cm a ścieżki szersze 20 cm alley and broader ones	0,1013	-0,0926	-0,0322	-0,0083	0,2350
P#4 ścieżka 40 cm a ścieżki szersze 40 cm alley and broader ones	-0,1217	-0,0256	0,1372	-0,1167	0,0250
P#5 ścieżka 60 cm a 80 cm 60 cm alley and 80 cm alley	-0,4705	-0,4358	-0,2567	0,6550	0,9750
Efekty dla rzędu od ścieżki Effects for row from alley	-0,1620	-0,1333	0,0733	-0,3000	
plon nasion (g/rząd) seed yield (g/row)					
P#1 przesiewka a szerokość ścieżki intercrop and width of alley	-2,7180	-0,7991	-0,1428	1,9483	-5,7750
P#2 owies a pszenica jara oats and spring wheat	4,4543	-0,1796	-1,6667	-4,1050	0,0350
P#3 ścieżka 20 cm a ścieżki szersze 20 cm alley and broader ones	-0,0010	-0,4491	0,3272	0,5267	5,7400
P#4 ścieżka 40 cm a ścieżki szersze 40 cm alley and broader ones	1,4168	1,1431	-3,4281	-2,1192	2,6800
P#5 ścieżka 60 cm a 80 cm 60 cm alley and 80 cm alley	-8,1205	-0,1325	-1,7475	-9,6875	-4,5300
Efekty dla rzędu od ścieżki Effects for row from alley	8,4320	2,3100	0,1300	-1,7000	

Obserwowaną relację wyjaśniają właściwości fizjologiczne gatunków roślin stosowanych jako przesiewki oraz ich wymagania związane ze stanowiskiem. Owies jest gatunkiem niezbyt wymagającym odnośnie do stanowiska, dobrze wykorzystującym składniki mineralne nawet trudniej przyswajalne. Z kolei, pszenica jara wymaga stanowisk lepszych o glebie zasobnej w łatwo przyswajalne składniki mineralne. W niezbyt

korzystnych warunkach glebowych doświadczenia B95, (gleba brunatna właściwa) przy pewnym niedostatku opadów w czasie całego okresu wegetacji i wysokich temperaturach powietrza owies krzewił się intensywnie i dla wolniej rozwijających się roślin grochu mógł być gatunkiem konkurencyjnym.

Pozostałe średnie efekty kontrastów, jakkolwiek istotne, nie wskazywały na zbyt duże rozbieżności w wysokości roślin w zależności od odległości rzędu od ścieżki, -0,1620 cm) oraz dla interakcji rodzaj ścieżki $\times$ zakres oddziaływania ścieżki (-0,4705 cm i 0,4358 cm).

Istotne efekty kontrastów wyznaczanych dla plonu nasion zawierały się w szerokich granicach od 1,4168 g do -9,6875 g, co stanowi odpowiednio od 1% do 5% średniej plonu nasion. W ocenie rodzaju ścieżki dominowały dwa kontrasty. Pierwszy z nich wskazuje jednoznacznie na niższe wartości cechy na poletkach sąsiadujących z przesiewką aniżeli na poletkach sąsiadujących ze ścieżką utrzymywaną w czystości. Drugi z nich wskazuje na fakt, że plony z poletek graniczących ze ścieżką o szerokości większej niż 0,2 m plonują lepiej w porównaniu ze ścieżką o szerokości 0,2 m. Zakres oddziaływania ścieżki kończy się na drugim rzędzie poletka, przy czym efekt kontrastu dla rzędu bezpośrednio graniczącego ze ścieżką jest prawie czterokrotnie wyższy niż dla 2. rzędu od ścieżki.

Wśród istotnych efektów interakcyjnych, większość z nich dotyczy interakcji między przyjętymi kontrastami dla rodzaju ścieżki a kontrastem dla rzędu 1. z rzędami znajdującymi się w centralnej części poletka. Efekty kontrastów dla większych szerokości ścieżki i oddziaływania między rzędami centralnej części poletka nie znajdują odzwierciedlenia w efektach badanych czynników. Wysoki efekt interakcyjny -9,6875, wynika z dużo większej różnicy między plonami 4. i 5. rzędu, gdy szerokość ścieżki wynosiła 0,8 m, niż gdy szerokość ścieżki wynosiła 0,6 m.

PODSUMOWANIE I DYSKUSJA WYNIKÓW

W doświadczeniach B84 i B87 odnotowano wyraźne efekty oddziaływania brzegowego roślin, zróżnicowane dla odmian wysokich o ulistnieniu normalnym oraz wąskolistnych (rośliny średniowysokie i niskie). Generalnie, oddziaływania od nie obsianej części ścieżki między pasami doświadczalnymi oraz od przesiewki rozdzielającej sąsiednie poletka były większe w przypadku odmian o roślinach wysokich o tradycyjnym ulistnieniu aniżeli odmian wąskolistnych. Większe plony notowano na obrzeżach poletka, po czym następował spadek plonu i jego stabilizacja w centralnej części poletka. Uogólniając to spostrzeżenie, stwierdzono, że istotny wpływ na zniekształcenie plonu z poletka mogą mieć efekty obserwacji skrajnych sięgających rzędu pierwszego lub drugiego (0,3–0,6 m) oraz 6 skrajnych obserwacji w danym rzędzie (0,5 m). Skala oddziaływania rzędów skrajnych była większa o około 15% dla rzędu graniczącego z przesiewką i około 6% dla rzędu drugiego od brzegu w stosunku do wartości plonu z rzędów centralnych poletka. Z kolei, skrajne obserwacje w rzędach (od ścieżki między pasami) stanowiły około 110% wartości z części centralnej rzędów, przy czym wielkości te były silnie zróżnicowane w doświadczeniach. Uwzględniając powyższe efekty konkurencyjności z faktycznych wielkości poletek 3,0 x 5,0 m, teoretyczna powierzchnia do zbioru w analizowanych

doświadczeniach powinna wynosić 2,5 x 3,8 m, a więc powinna być prawie o 1/3 mniejsza od faktycznej wielkości poletek.

Można przyjąć, że uzyskane wyniki związane z oddziaływaniem brzegowym są zgodne z ustaleniami Arny (1922), Niemczyk (1993), Niemczyk i Radeckiego (1993) oraz Pacewicza (2001), którzy stwierdzili, że największy efekt konkurencyjności jest związany ze skrajnymi rzędami poletka. Arny (1922) analizując rezultaty doświadczeń z pszenicą dowiódł, że efekty oddziaływania brzegowego jakkolwiek zdecydowanie silniejsze dla rzędów skrajnych poletka, mogą sięgać nawet do trzeciego rzędu.

W badaniach Niemczyk (1993), Niemczyk i Radeckiego (1993), Pacewicza i Stankowskiego (1998) oraz Pacewicza (2001) ze zbożami stosowano różnej szerokości ścieżki między poletkami, co powodowało występowanie różnic w plonie i jego komponentach. Różne warianty ścieżki oddziaływały przede wszystkim na zwiększenie plonu z pierwszego rzędu skrajnego poletka, w przypadku rzędu drugiego różnice w plonie były znacznie mniejsze, a od trzeciego rzędu stwierdzono już podobne wartości badanych w doświadczeniu komponentów plonu niezależnie od szerokości ścieżki.

LeClerc (1966) oraz Simmondsen (1979) podkreślają, że w celu eliminowania efektów oddziaływania brzegowego powszechną praktyką w badaniach polowych powinno być usuwanie lub pomijanie podczas sprzętu roślin ze skrajnych części poletka. Podobne wnioski formalizowali Gomez (1972) na podstawie doświadczeń z ryżem oraz Kempton i Lookwood (1984) na podstawie badań z bobikiem. Wymienieni autorzy podają, że dla wiarygodnej oceny plonu z tymi gatunkami roślin należy stosować przynajmniej dwa rzędy ochronne.

Brak jest w literaturze informacji związanych z wielkością pasów ochronnych dla poletek z grochem, które wynikałyby z badań metodycznych nad konkurencyjnością tego gatunku, niemniej jednak niektóre badania nad optymalizacją wielkości poletek odnoszą się do wielkości poletek chronionych (w sensie pasa buforowego) i nie chronionych. Gołaszewski (1996), na podstawie wyników z serii doświadczeń bezczynnikowych z różnymi gatunkami roślin strączkowych stwierdził, że optymalna wielkość poletek dla grochu wynosi 4,0 m². Przy zastosowaniu pasów ochronnych należałoby zwiększyć powierzchnię poletek o około 25% w stosunku do wielkości poletka optymalnego. W niniejszych badaniach teoretyczne wielkości poletek były nieznacznie większe.

Układ warunków klimatycznych w dużym stopniu determinował stopień konkurencyjności roślin w poszczególnych doświadczeniach.

Uprawa grochu w sąsiedztwie roślin zbożowych o innych wymaganiach aniżeli wymagania roślin strączkowych, modyfikowała ich wzrost oraz plon nasion. W doświadczeniu B95 badano wpływ rodzaju ścieżki (przesiewka z owsa i przesiewka z pszenicy) oddzielającej poletka (szerokość ścieżki 0,2; 0,4; 0,6; 0,8 m) na wysokość i plon nasion roślin grochu odmiany Ergo. Rośliny na poletkach sąsiadujących z przesiewką z pszenicy były wyższe o 8% od roślin rosnących w sąsiedztwie przesiewki z owsa. Obserwowane zjawisko doskonale tłumaczy właściwości fizjologiczne i wymagania uprawowe owsa i pszenicy (Noworolnik i in., 1981; Sawicki, 1976; Stupnicka-Rodzyńkiewicz, 1980). Generalnie, rośliny grochu na poletkach sąsiadujących z przesiewką pszenicy korzystały z tego sąsiedztwa. Efekty kontrastów dla plonu nasion sięgały do 5% średniego plonu.

Deficyt opadów w 1995 roku mógł mieć wpływ na obserwowane relacje w plonach grochu na skrajnych rzędach poletka. W sąsiedztwie roślin zbożowych rośliny grochu znajdowały zacienienie, dłużej utrzymywały wilgoć i dzięki temu reagowały korzystniejszymi wartościami badanych cech. Dziamba (1978) oraz Dziamba i Rachoń (1994) na podstawie przeprowadzonych doświadczeń z żytem, pszenicą i pszenżytem stwierdzili, iż oprócz warunków siedliskowych wyższą konkurencyjność jednych roślin nad drugimi można tłumaczyć różnicami w osiąganiu przez rośliny kolejnych faz rozwojowych. Z kolei, Poniedziałek i Kunicki (1995) oraz Salter i Goode (1967) podają, że jednym z czynników niwelujących zmienność plonowania roślin uprawianych współrzędnie jest taki dobór gatunków, aby okresy zapotrzebowania na wodę i składniki pokarmowe nie pokrywały się.

W badaniach własnych rośliny na poletkach sąsiadujących z przesiewką ze zbóż plonowały niżej w porównaniu z roślinami na poletkach sąsiadujących ze ścieżką o różnej szerokości utrzymaną w czystości (bez roślin). Plony z poletek graniczących ze ścieżką o szerokości odpowiadającej rozstawie między rzędami były niższe w porównaniu z plonami poletek graniczących ze ścieżkami szerszymi, przy czym zakres oddziaływania kończył się praktycznie na drugim rzędzie. Reasumując, silny efekt współzawodnictwa roślin notowano tylko na rzędach skrajnych doświadczenia 1995, im dalej w głąb poletka tym efekt ten był coraz słabszy.

Powyższe rezultaty potwierdzają badania Pacewicz (2001) z pszenicą jarą i jęczmieniem jarym, w którym różnicowano szerokość ścieżki między poletkami. Zwiększenie plonu w rzędzie pierwszym przy ścieżkach szerszych w porównaniu ze ścieżkami węższymi było znacznie większe (52–83%) aniżeli w rzędzie drugim (7–14%). Autor uważa, że dodatkowy wpływ na wysokość plonu miała silna konkurencja roślin rosnących w rzędzie skrajnym poletka, które mając lepsze warunki do rozwoju oddziaływały na drugi rząd od brzegu poletka. Gomez i Gomez (1984), na podstawie badań nad efektami brzegowymi w doświadczeniu z trzema odmianami ryżu różniącymi się wysokością i zdolnością krzewienia, stwierdzili istotne dysproporcje między plonem roślin na obrzeżach poletka a plonami z centralnej części poletka.

WNIOSKI

1. Konkurencyjność roślin grochu w doświadczeniu polowym zależy od metodyki doświadczenia, doboru genotypów i warunków siedliskowych.
2. Rośliny grochu na obrzeżach poletka plonują wyżej niż w centralnej części poletka. Oddziaływanie brzegowe (czołowe) ścieżki między pasami doświadczalnymi sięga 0,5 m.
3. Stosowanie przesiewki z roślin zbożowych rozdzielającej poletka, będące powszechną praktyką w doświadczalnictwie hodowlanym z grochem, może być przyczyną wystąpienia efektów konkurencyjności, zróżnicowanych w zależności od morfotypu roślin i warunków pogodowych w okresie wegetacji grochu.
4. Przesiewka z owsa jest w większym stopniu konkurencyjna wobec grochu, aniżeli przesiewka z pszenicy jarej. Rodzaj przesiewki ma wpływ na wysokość roślin, natomiast nie wpływa na zróżnicowanie plonu nasion z rośliny.

5. Zwiększanie szerokości ścieżki poletka ponad wartość rozstawy między rzędami poletka jest niekorzystne, ponieważ sprzyja wystąpieniu silniejszych efektów konkurencyjności.

LITERATURA

- Arny A. C. 1922. Border effects and ways of avoiding it. *Agron. J.* 14: 266 — 278.
- Costa J. G. C. S., Zimmermann F. J. P. 1998. Experimental plot border effect on yield and plant height of common bean. *Pesq. Agropec. Bras., Brasília* 33 (8): 1297 — 1304.
- Dziamba Sz. 1978. Porównanie plonowania pszenżyta (Triticale) z żytem i pszenicą na lekkiej glinie pylastej. *Biul. IHAR* 133: 77 — 87.
- Dziamba Sz., Rachon L. 1994. Plonowanie i konkurencyjność pszenżyta i żyta w siewach mieszanych. *Rocz. Nauk Rol.*, z. 3-4: 163 — 170.
- Gołaszewski J. 1991. Odpowiednia wielkość poletka w doświadczeniach hodowlanych z grochem siewnym. *Fragm. Agron.* 4: 5 — 15.
- Gołaszewski J. 1996. Optymalizacja metodyki eksperymentu polowego z roślinami strączkowymi w aspekcie zmienności przestrzennej pola doświadczalnego. *Acta Acad. Agricult. Tech. Olst., Supl.C., Agricultura* 62: 1 — 92.
- Gomez K. A. 1972. Border effects in rice experimental plots. *Varietal competition. Expl. Agric.* 8: 295 — 298.
- Gomez K. A., Gomez A. A. 1984. *Statistical procedures for agricultural research*, John Wiley & Sons Inc., New York.
- Jasińska Z., Kotecki A. 1993. *Rośliny strączkowe*. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.
- Kempton R. A., Lockwood G. 1984. Inter-plot competition in variety trials of field beans (*Vicia faba* L.). *J. Agric. Sci.*, 103: 293 — 302.
- LeClerg E. L. 1966. Significance of experimental design in plant breeding. In: *Plant breeding*. Frey K. J. (Ed.). The Iowa State University Press, Ames, Iowa, 243 — 313.
- Monzon, D., Pacheco J. J., Martinez G. O. R. 1972. Efectos de competencia y de bordura en ensayos de variedades. I. Soja. *Agronomia Tropical*, 22: 67 — 74.
- Niemczyk H. 1993. Zdolność zbóż do wyrównywania plonu z nie obsianej powierzchni ścieżek przejazdowych. Cz. I. Pszenica ozima i jara, *Rocz. Nauk Rol.*, S.A, 109 (4): 9 — 19.
- Niemczyk H., Radecki A. 1993. Zdolność zbóż do wyrównania plonu z nie obsianej powierzchni ścieżek przejazdowych. Cz. II. Jęczmień ozimy i jary, *Rocz. Nauk Rol.* S.A, 109 (4): 21 — 30.
- Noworolnik K., Polak E., Ruszkowska B. 1981. Porównanie produktywności jęczmienia i owsa na glebach kompleksu żytynego słabego. *Pam. Puł.*, 74: 113 — 122.
- Pacewicz K. 2001. Efekt brzeżny w doświadczeniach z pszenicą jara i jęczmieniem jarym. Praca doktorska. Biblioteka Główna AR Szczecin.
- Pacewicz K., Stankowski S. 1998. Border effect in field experiments with spring wheat and spring barley. *Mat. Konf. Nauk., XXVIII International Biometrical Colloquium. Inowrocław*, 14-17.09.1998: 74 — 75.
- Poniedziałek M., Kunicki E. 1995. Przydatność kilku odmian fasoli karłowej szparagowej do uprawy współrzędnej z kapustą późną. *Zesz. Nauk. AR Kraków*, 302: 5 — 15.
- Probst A. H. 1943. Border effect in soybean nursery plots. *J. Amer. Soc. Agron.*, 35: 662 — 666.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1993. Badania nad uprawą jarych mieszanek zbożowych. Cz. II Reakcja jęczmienia, owsa i pszenicy na uprawę w mieszankach. *Rocz. AR w Poznaniu, CCXLIII*: 65 — 71.
- Salter P. J., Goode J. E. 1967. Crop responses to water at different stages of growth. *Commonwealth Agr. Bureau England*: 53-57, 87 — 89.
- Sawicki J. 1976. Uprawa jęczmienia jarego w zasiewach mieszanych z pszenicą jara i owsem. *Nowe Rol.* 5: 8 — 10.

- Simmonds N. W. 1979. Principles of crop improvement. Longman, London and New York.
- Strupnicka-Rodzinkiewicz E. 1980. Badania nad wzajemnym oddziaływaniem pszenicy i jęczmienia. II. Efekty wzajemnego oddziaływania pszenicy ozimej i jęczmienia jarego w warunkach polowych. Wyd. AR Kraków. Rozprawy Naukowe 75.
- Zimmermann, F. J. P. 1980. Border effect in experimental plots of unirrigated rice. Pesq. Agropec. Bras., Brasilia, 15 (3): 297 — 300.

ANETA STAWIANA-KOSIOREK**JANUSZ GOŁASZEWSKI****DARIUSZ ZAŁUSKI**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Konkurencyjność roślin w doświadczeniach hodowlanych z grochem siewnym (*Pisum sativum* L.)

Część II. Oddziaływania sąsiedzkie

Plant competition in plant breeding trials with pea (*Pisum sativum* L.) Part II. Neighbour interference

Celem badań była ocena efektów konkurencyjności, w tym efektów oddziaływania między roślinami na sąsiednich poletkach oraz oddziaływania roślin w obrębie poletka. Podstawą badań były cztery doświadczenia polowe ze zróżnicowanymi morfologicznie i fizjologicznie genotypami grochu siewnego (*Pisum sativum* L. sensu lato). W doświadczeniach stosowano różnej wielkości poletka. Analizowano dwie cechy: wysokość roślin i plon nasion. W każdym z doświadczeń dowiedziono występowanie mniejszych lub większych efektów konkurencyjności roślin w odniesieniu do obu z tych cech. Jednak, tylko na poletkach jednorzędowych efekty konkurencyjności roślin istotnie zmieniały oceny efektów obiektowych. Stwierdzono, że efekty konkurencyjności roślin w doświadczeniach hodowlanych z grochem rzutują na wiarygodność wyników doświadczenia. Dlatego też, na etapie planowania doświadczenia, niezbędne są rozważania na temat potencjalnych efektów konkurencyjności i ewentualne uwzględnienie metod technicznych i statystycznych, pozwalających na ograniczenie lub wyeliminowanie niekorzystnego wpływu konkurencyjności roślin na ocenę genotypów.

Słowa kluczowe: doświadczenie polowe, efekt sąsiedzki, groch, konkurencyjność roślin

The objective of the study was to estimate the competition effects as the interference between plants in adjacent plots and inside the plot. The study was based on the four field experiments with morphologically and physiologically differentiated genotypes of pea (*Pisum sativum* L. sensu lato). The experiments were performed in plots of different size. Two traits, plant height and seed yield, were analyzed. More or less pronounced competition effects upon each of the two traits were noticed in each experiment. However the effects were statistically significant only for the 1-row plot experiments. It was shown that competition effects in pea breeding field experiments could affect the reliability of experimental results. Thus, in a phase of planning the experiment, it is essential to consider all potential

competition effects and, if necessary, take into consideration available technical and statistical methods to reduce or eliminate a disadvantageous influence of plant competition on the estimation of genotypes.

Key words: experimental field, neighbour effect, pea, plant competition

WSTĘP

Już w pierwszych doświadczeniach polowych obserwowano, że ten sam genotyp w pozornie jednolitych warunkach glebowych charakteryzuje różna wysokość roślin oraz wyraźnie różny poziom plonów (Załęski, 1927; Trętowski i Wójcik, 1988; Rudnicki, 1992). Zauważono również, że różne genotypy wysiewane obok siebie mogą zmieniać charakterystyki swoich cech w zależności od rośliny sąsiedniej. Zróżnicowana ekspresja cechy w danych warunkach środowiska wynikająca z oddziaływania sąsiedzkiego między roślinami określa się mianem konkurencyjności w świecie roślin.

Konkurencyjność roślin o wodę, światło, składniki pokarmowe, przestrzeń, itp. wynika nie tylko z różnego sposobu przejawiania się zmienności osobniczej, ale także z niedoskonałości metodyki doświadczeń polowych, które są jedynie przybliżeniem warunków produkcyjnych. Szczególnie silnych efektów konkurencyjności należy oczekiwać w doświadczeniach hodowlanych, które z uwagi na swoją specyfikę (mała podaż nasion, mikropoletka, ograniczona liczba powtórzeń) są wyjątkowo predysponowane do ujawniania się konkurencyjności w postaci różnej agresywności roślin lub też zróżnicowanej adaptacji roślin do określonych warunków środowiska (Hayes i Arny, 1917; LeClerc i in., 1962; Gomez, 1972; Wilkinson i in., 1983; Kempton, Lockwood, 1984; Kempton i in., 1986; Clake i in., 1998 a i 1998 b).

Konkurencyjność roślin na sąsiednich poletkach jest potencjalnym źródłem zniekształconych ocen badanych obiektów doświadczalnych. Efektów oddziaływania sąsiedzkiego roślin nie można zredukować przez losowanie obiektów i stosowanie powtórzeń. Le Clerc i wsp. (1962) podają, że obciążenie średnich odmianowych efektami konkurencyjności może istotnie wpływać na błędne decyzje odnośnie selekcji pożądanych genotypów. Co więcej, w przeciwieństwie do efektów konkurencyjności roślin wynikających z trendów żyzności gleby, efekty konkurencyjności warunkowane genetycznie (wysokość, pokrój, rytm wzrostu rośliny) sprawiają, że obciążenie systematyczne odnosi się nie tylko do powtórzeń, ale także miejsc prowadzenia doświadczeń i lat badań. Wyeliminowanie tych obciążeń jest konieczne w celu uzyskania faktycznych efektów genotypowych, odpowiadających sytuacji, gdy każdy genotyp jest prowadzony we własnej konkurencji, tzn. w siewie czystym.

Problem konkurencyjności w doświadczeniach poletkowych doskonale ujął Van der Plank (1963), który stwierdził, że obciążenie wynikające z oddziaływania między roślinami prowadzi do tzw. błędu reprezentatywności, ponieważ warunki eksperymentalne, w których ocenia się genotypy, nie są reprezentatywne dla praktyki rolniczej.

Celem badań była ocena efektów oddziaływania sąsiedzkiego w doświadczeniach hodowlanych z grochem, w tym relacji między zróżnicowanymi genotypami w różnych wariantach wielkości poletka.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia przeprowadzono w Zakładzie Dydaktyczno-Doświadczalnym w Tomaszku k. Olsztyna w latach 1994, 1995 i 2000, na glebie brunatnej właściwej wytworzonej z glony lekkiej pylastej, lub piasku gliniastego, kompleksu pszennego dobrego, żytniego dobrego i żytniego słabego klasy bonitacyjnej IIIb, IVa, IVb. Przedplonem, było pszenżyto ozime, jęczmień jary i czarny ugór (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka warunków glebowo-agrotechnicznych w doświadczeniach z grochem
Characteristics of soil and agro-technical conditions of pea experiments

Rok badań Year of study	Gleba (typ, podtyp) Soil (soil taxonomy)	Klasa gleby, kompleks Soil class, complex	Przedplon Forecrop	Nawożenie NPK NPK fertilization
1994a	brunatna właściwa, typowa brown soil, typical	IIIb pszenno dobry wheat soil, good	pszenżyto ozime winter tritcale	40-80-120
1994b		IVa pszenno dobry wheat soil, good	pszenżyto ozime winter tritcale	40-80-120
1995		IVa żytni dobry rye soil, good	czarny ugór fallow	20-60-80
2000		IVb żytni słaby rye soil, good	jęczmień jary spring barley	40-80-120

Materiałem badawczym były genotypy grochu siewnego zróżnicowane morfologicznie i fizjologicznie, w tym zrejonizowane odmiany powszechnie wykorzystywane w praktyce rolniczej oraz mieszańce Karo × Delfin w typie grochopeluski będący w zasobach genowych grochu Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa UWM w Olsztynie (hodowli M. Puzio-Idźkowskiej). Charakterystykę doświadczeń przedstawiono w tabeli 2.

Doświadczenie S95 założono w układzie losowanych bloków, przy czym obiekty rozlosowano w taki sposób, aby można było dokonać 9 porównań dla trzech odmian o różnej wysokości roślin: niskiej Pelikan (Pel), średnio-wysokiej Albatros (Alb) i wysokiej Turkan (Tur) w relacjach: niska — średnio wysoka (N-S), niska — wysoka (N-W), średnio wysoka — wysoka (S-W)

W ocenie wyników zastosowano analizę wariancji według modelu liniowego:

$$y_{ijkl} = \mu + \pi_i + \kappa_j + \kappa(v)_{jk} + \kappa(\zeta, v)_{jkl} + \varepsilon_{ijkl},$$

gdzie:

π_i — efekt i -tego powtórzenia, $i = 1, 2, \dots, 11$,

κ_j — wariant konkurencji (N-S, N-W, S-W),

$j = 1, 2, 3$; $\kappa(v)_{jkl}$ — odmiany w obrębie danego wariantu konkurencji $k = 1, 2$;

$\kappa(\zeta, v)_{jkl}$ — rzędy i odmiany w obrębie każdego wariantu konkurencji z dwoma połówkami poletka dla określenia efektów sąsiedzkich między odmianami o różnej wysokości $l = 1, 2, \dots, 5$. Oceny efektów sąsiedzkich w zależności od odległości kolejnego rzędu od sąsiedniej odmiany wyznaczono na podstawie kontrastów.

Doświadczenie S94a założono metodą losowanych bloków (6 odmian w 6 powtórzeniach), przyjmując schemat losowania gwarantujący zbalansowanie obiektów na wzajemne

sąsiedztwo zaproponowany przez Finneya i Quthwaita (za Kemptonem i Lockwood, 1984). Następujący układ genotypów grochu w polu:

$$A|ABCDEF|FCEADB|BAFEDC|CAEBFD|DFACBE|ECFBDA|A$$

powtórzono dla wariantów wielkości poletka 1-, 2- i 3-rzędowego. Efekty główne i sąsiedzkie wyznaczono według modelu liniowego (Kempton i Lookwood, 1984).

$$y_{ij} = \mu + \pi_p + v_i + c_{i+1} + c_{i-1} + \varepsilon_{ij},$$

gdzie:

π_p — efekt bloków,

v_i — efekt główny odmiany i ,

c_{i+1} i c_{i-1} — efekty oddziaływania sąsiedzkiego odmian na poletkach sąsiednich względem poletka z odmianą i . Efekty sąsiedzkie odmian po prawej i lewej stronie odmiany i nie są wzajemnie ortogonalne, dlatego w ocenie tych efektów wykorzystano podejście regresyjne. Ponadto przyjęto, że plon odmiany i na poletku p zależy od wysokości roślin na poletkach sąsiednich. W tym celu zastosowano alternatywny model analizy uwzględniający zmienną towarzyszącą — różnicę wysokości roślin na poletkach sąsiednich.

$$y_{ip} = \mu + \pi_p + v_i + b(w_{i+1} + w_{i-1} - 2w_i) + \varepsilon_{ip},$$

gdzie: $\mu + v_i$ odpowiada wartości oczekiwanej plonu nasion na poletku z odmianą i w warunkach sąsiedztwa roślin o takiej samej wysokości, b — współczynnik regresji między różnicą wysokości a plonem, w_{i+1} i w_{i-1} wysokość roślin na poletkach sąsiednich względem poletka z odmianą i , w — wysokość odmiany i . Średni efekt danej odmiany sąsiedniej odpowiada średniemu efektowi wysokości roślin odmiany na poletku i względem wysokości roślin na wszystkich poletkach sąsiednich:

$$\hat{c}_i = \hat{b}(\bar{w}_i - \bar{w}_i^*),$$

natomiast średni efekt odmiany i w sąsiedztwie roślin o takiej samej wysokości jest poprawiony na średni efekt odmiany i w całym doświadczeniu:

$$\hat{v}_i^* = \hat{v}_i + 2\hat{b}(\bar{w}_i - \bar{w}_i^*),$$

gdzie:

$\bar{w}_i$ — średnia wysokość i -tej odmiany,

$\bar{w}_i^*$ — średnia wysokość wszystkich roślin w sąsiedztwie odmiany i dla układu zbalansowanego na sąsiedztwo.

Doświadczenia S94b i S00 z poletkami 1- i 3-rzędowymi założono według układu kwadratu łacińskiego, przy czym w celu zbalansowania układu na sąsiedztwo obiektów zastosowano podwójne losowanie; najpierw losowo rozmieszczono obiekty na rzędach centralnych poletka a następnie, w drugim etapie losowania, obiekty na rzędach sąsiednich. Układ doświadczenia S00 z trzema centralnymi rzędami stanowił przedłużenie

doświadczenia z poletkami 1-rzędowymi z identycznym schematem rozlosowania obiektów.

Tabela 2

Ogólna charakterystyka doświadczeń metodycznych z grochem siewnym
Characteristics of experiments with pea

Symbol doświadczenia Symbol of experiment	Obiekty doświadczalne Treatments	Metodyka doświadczenia Methods of experiment	
		1.	2.
		1.	Układ doświadczenia — Experimental design
		2.	Powierzchnia poletka — Plot size
		3.	Liczba rzędów na poletku — Number of rows per plot
		4.	Jednostka podstawowa — Experimental unit
		efekty oddziaływań sąsiedzkich a wysokość roślin neighbour interference effect and plant height	
S95	Pelikan (N)	1.	losowane bloki, obiekty rozlosowano w taki sposób, aby zapewnić niezależne 9
	Albatros (S)		porównań w obrębie par N-S, N-W, S-W
	Turkan (W)	2.	15 m ²
		3.	10 rzędów o długości 5 m
		4.	pojedynczy rząd o długości 4 m*
		efekty oddziaływań sąsiedzkich a różnica wysokości roślin w zależności od wielkości poletka neighbour interference effect and the difference of plant height in relation to plot size	
S94a	Pelikan (N)	1.	losowane bloki, losowanie zgodnie ze schematem Finneya i Quthwaita (za
	Pegro (N)		Kempton i Lockwood, 1984)
	Albatros (S)	2.	trzy warianty: 1,5, 3, 4,5 m ²
	Grapis (S)	3.	1, 2 lub 3 rzędy o długości 5 m
	Karo × Delfin (S)	4.	pojedynczy rząd o długości 4 m
	Turkan (W)		
		efekty oddziaływań sąsiedzkich w diallelu na konkurencyjność a wielkość poletka neighbour interference effect in diallel design for competition and plot size	
S94b	Pelikan (N)	1.	kwadrat łaciński 5 x 5 (podwójne losowanie)
	Pegro (N)	2.	1,5 m ²
	Albatros (S)	3.	1 rząd o długości 5 m
	Grapis (S)	4.	pojedynczy rząd o długości 4 m
	Turkan (W)		
S00	Pelikan (N)	1.	kwadrat łaciński 5 x 5 (podwójne losowanie)
	Mazurek (N)	2.	dwa warianty wielkości poletka 1,5; 4,5 m ²
	Albatros (S)	3.	1 lub 3 rzędy o długości 5 m
	Żuraw (S)	4.	pojedynczy rząd o długości 4 m
	Kormoran (W)		

W — Wysoka; high

S — Średnio wysoka; medium high

N — Niska; small

w — Wąskolistna; narrow-leaved

W analizie wyników wykorzystano model dialleliczny analizy wariancji (Williams, 1962; McGilchrist, 1965; Brownie, 1993; Kempton, Fox, 1994), który umożliwia wyznaczenie efektów głównych odmian wysiewanych w centralnej części poletka (v_i) oraz efektów oddziaływania odmian wysiewanych na zewnętrznych częściach poletka (c_j):

$$y_{ij} = \mu + v_i + c_j + v_i c_j + \varepsilon_{ij},$$

gdzie:

y_{ij} — wartość poletkowa z i -tego rzędu i j -tej kolumny,

μ — średnia ogólnodoświadczenia,

v_i — efekt główny odmiany,

c_j — efekt sąsiedztwa,

$v_i c_j$ — efekt interakcji

ε_{ij} — błąd doświadczenia.

Ponadto, metodą regresji prostej określono zależność między wielkością efektów głównych i efektów sąsiedzkich.

WYNIKI BADAŃ

Warunki pogodowe w latach badań

Warunki atmosferyczne wiosną 1994 roku sprzyjały wschodom roślin (tab. 3). Średnia temperatura maja oraz poziom opadów były zbliżone do średniej z wielu lat. Rośliny rozwijały się intensywnie i były wyrównane. W fazę kwitnienia rośliny wchodziły przy umiarkowanej temperaturze powietrza 14°C i bardzo niskich opadach. Deficyt opadów w lipcu, przy jednocześnie wysokich temperaturach (do 38°C) spowodował wyraźne skrócenie fazy rozwoju generatywnego roślin. Na skutek panującej suszy glebowej i atmosferycznej rośliny wcześniej osiągnęły dojrzałość, strąki zawierały niewielką ilość drobnych nasion.

Tabela 3

Dane meteorologiczne w latach badań według Stacji Meteorologicznej w Tomaszowie
Meteorological data in the years of study according to the Meteorological Station in Tomaszowo

Lata badań Years of study	Miesiące Months				
	IV	V	VI	VII	VIII
średnie miesięczne temperatury powietrza (°C) average monthly air temperatures (°C)					
1994	9,0	12,2	15,7	22,6	18,8
1995	7,7	12,5	17,4	20,2	19,0
2000	10,7	14,0	16,0	15,9	16,9
Średnia 1971–2000 Mean 1971–2000	6,4	12,9	15,9	17,6	17,1
suma opadów w miesiącu (mm) monthly rainfall (mm)					
1994	97	68	36	19	44
1995	19	16	28	41	16
2000	20	53	35	99	111
Średnia 1971–2000 Mean 1971–2000	38	51	84	74	64

W 1995 roku dość wysokie temperatury powietrza w kwietniu i maju w powiązaniu z bardzo małą ilością opadów sprawiły, że wschody były opóźnione i nierównomierne. Czerwiec był suchy, a temperatury powietrza były bardzo wysokie, co miało niekorzystny wpływ na kwitnienie, zawiązywanie strąków i wypełnianie strąków. Taki rozkład temperatur i opadów przyspieszył dojrzewanie i zbiór grochu.

Układ warunków pogodowych w roku 2000 wpłynął korzystnie na przebieg wegetacji roślin grochu. Porównując średnie temperatury i opady tego okresu z danymi odnoszącymi się do teoretycznego zapotrzebowania roślin grochu na wodę należy stwierdzić, że były one niemal optymalne (Jasińska i Kotecki, 1993). Według Paniny (1965) zapotrzebowanie na wodę wynosi: w kwietniu 40 mm przy średniej temperaturze powietrza 8°C, w maju 65 mm przy 13,5°C oraz w czerwcu 45 mm przy 16°C. Można więc przyjąć, że w okresie od siewu roślin w kwietniu do czerwca układ warunków termicznych był optymalny przy jednoczesnym niewielkim niedostatku opadów. Z kolei, obfite opady w lipcu i sierpniu wydłużyły dojrzewanie roślin i opóźniły zbiór, ale równocześnie sprzyjało to dobremu wypełnieniu strąków.

Wysokość roślin a efekty konkurencyjności

Jedną z przyczyn silnego oddziaływania między roślinami jest różnica w budowie morfologicznej roślin, w tym przede wszystkim różnica w wysokości roślin różnych obiektów doświadczalnych. Duże dysproporcje w wysokości roślin sąsiadujących na poletkach w doświadczeniu mogą być przyczyną pozytywnych i negatywnych efektów konkurencyjności.

W doświadczeniu S95b badano oddziaływania sąsiedzkie między roślinami trzech odmian grochu zróżnicowanych pod względem wysokości roślin. Morfotyp roślin niskich (N) reprezentowała odmiana Pelikan (Pel), średniowysokich (S) — odmiana Albatros (Alb) i wysokich (W) — odmiana Turkan (Tur).

Efekty konkurencyjności, stwierdzone dla obu badanych cech, zależały od porównywanej pary odmian oraz odległości rzędu od poletka z odmianą sąsiadującą, przy czym można przyjąć, że zakres oddziaływania sąsiedzkiego ograniczał się do skrajnego rzędu poletka.

Różnica między wysokością roślin na rzędach skrajnych a średnią wysokością roślin odnotowaną dla rzędów znajdujących się w centrum poletka wahała się od zera dla roślin odmiany Albatros w sąsiedztwie odmiany Pelikan do 30 cm dla roślin odmiany Albatros w sąsiedztwie odmiany Turkan (tab. 4).

Odmiany niższe Pelikan i Albatros znajdowały dobre warunki rozwoju wegetatywnego w sąsiedztwie odmiany wysokiej Turkan, której rośliny na rzędach skrajnych były niższe niż w centrum poletka, odpowiednio o 11 cm w sąsiedztwie odmiany Pelikan i 13 cm w sąsiedztwie odmiany Albatros. W tym przypadku istotne efekty konkurencyjności można tłumaczyć oddziaływaniem warunków środowiska związanych z niedostatkami opadów w trakcie wegetacji roślin przy jednocześnie wysokich temperaturach powietrza. W takich warunkach rośliny odmian niższych w sąsiedztwie roślin odmiany Turkan znajdowały zacienienie i dłużej utrzymywały wilgoć.

Z analizy analogicznych różnic w plonie nasion wynika, że odmiany niższe Pelikan i Albatros we wzajemnym sąsiedztwie na rzędach skrajnych plonowały lepiej niż na rzędach w centralnej części poletka (tab. 4). W sąsiedztwie odmiany Turkan, o najwyższych roślinach w doświadczeniu, plony nasion notowane dla skrajnego rzędu poletka z odmianą Pelikan były niższe o 54 g, natomiast plon skrajnego rzędu odmiany Albatros był zbliżony do plonów uzyskanych z centralnej części poletka. Odmiana Turkan, pomimo

tęgo, że w sąsiedztwie odmian niższych charakteryzowała się niższymi roślinami, plonowała lepiej na skrajnych rzędach poletka, chociaż w przypadku sąsiedztwa z odmianą Albatros różnicę 71 g można uznać za istotną przy większej tolerancji dla błędu wnioskowania (7%).

Tabela 4

Wysokość roślin oraz plony nasion z rzędu w doświadczeniu S95 (1995)
Plant height and seed weight per row in experiment S95 (1995)

Odmiana Variety	Odmiana na poletku sąsiednim Variety in a neighbour plot	Rząd poletka od poletka sąsiedniego Plot row from the neighbour plot					Rząd I minus średnia z rzędów II, III, IV, V Row I minus mean from rows II, III, IV, V
		I	II	III	IV	V	
wysokość rośliny (cm) plant height (cm)							
Pel	Alb	61	55	51	54	55	8
	Tur	66	55	56	54	55	11**
Alb	Pel	86	86	86	87	83	0
	Tur	115	83	83	87	87	30**
Tur	Pel	135	142	150	149	146	-11**
	Alb	133	143	145	147	148	-13**
masa nasion z rzędu (g) seed weight per row (g)							
Pel	Alb	261	190	171	165	178	85**
	Tur	88	106	146	173	143	-54*
Alb	Pel	348	273	254	224	200	110**
	Tur	257	235	229	197	227	35
Tur	Pel	248	209	193	146	160	71
	Alb	298	224	194	163	165	111**

*, ** — Istotność różnic przy $p < 0,05$ i $p < 0,01$; Significant of differences at $p < 0.05$ and $p < 0.01$ - respectively

Różnica wysokości roślin na poletkach sąsiednich a efekty konkurencyjności w zależności od wielkości poletka

Schemat rozlosowania sześciu genotypów grochu w doświadczeniu S94a zakładał, że każdy z tych obiektów sąsiaduje ze wszystkimi pozostałymi obiektami, łącznie z nim samym. W takim układzie doświadczalnym efekt danego obiektu jest wypadkową dodatniego i ujemnego oddziaływania wszystkich obiektów danego doświadczenia.

Średnie plony z poletka oraz plony poprawione ze względu na różnicę wysokości między danym genotypem a wysokością roślin na poletkach sąsiednich w trzech wariantach wielkości poletka zestawiono w tabeli 5. Analizując różnice w wysokości roślin danego obiektu i wysokości roślin na poletkach sąsiednich w trzech doświadczeniach można przyjąć, że odmiany niskie Pelikan i Pegro na poletkach 1-rzędowych znajdowały korzystniejsze warunki rozwoju w sąsiedztwie odmian wyższych niż na poletkach o większej szerokości. Dokładnie odwrotną relację zanotowano w przypadku najwyższej w doświadczeniu odmiany Turkan, dla której różnica wysokości na poletkach jedno-rzędowych była niższa niż na poletkach 1- i 2-rzędowych. Pozostałe genotypy Albatros, Karo × Delfin oraz Grapis wykazywały mniejsze wahania różnic wysokości roślin w kolejnych doświadczeniach.

Analiza wariancji wykonana dla plonów nasion z poletka wykazała istotne zróżnicowanie w plonowaniu badanych genotypów, z prawdopodobieństwem $P = 0,062$, $P = 0,112$ oraz $P < 0,001$ odpowiednio dla poletek 1-, 2- i 3-rzędowych. Plony nasion rejestrowane z poletka różniły się znacznie od plonów nasion poprawionych ze względu na różnicę wysokości jedynie w przypadku doświadczenia z poletkami 1-rzędowymi. Najwyższe średnie plony nasion z poletka notowano dla odmian o roślinach najwyższych: Grapis i Turkan, najniższe natomiast dla odmian niskich Pelikan i Pegro. Wymienione odmiany, najniższe i najwyższe w doświadczeniu zareagowały największymi zmianami plonu, gdy w analizach uwzględniono różnicę wysokości roślin jako zmienną towarzyszącą. W przypadku poletek 2- i 3-rzędowych, jakkolwiek odnotowano zmiany w kolejności plonów poszczególnych genotypów, to różnice między plonami oryginalnymi i poprawionymi u danego genotypu były minimalne.

Tabela 5

Średnie plony z poletka oraz plony poprawione ze względu na różnicę wysokości roślin między danym genotypem a wysokością roślin odmian na poletkach sąsiednich
Mean seed yield per plot and yield adjusted due to the difference in plant height between a given genotype and the plant height of varieties in neighbouring plots

Odmiana (wysokość w cm) Variety (height in cm)	Poletka 1-rzędowe 1-row plot			Poletka 2-rzędowe 2-row plot			Poletka 3-rzędowe 3-row plot		
	średni plon mean	różnica wysokości height difference	plon poprawiony adjusted yield	średni plon mean	różnica wysokości height difference	plon poprawiony adjusted yield	średni plon mean	różnica wysokości height difference	plon poprawiony adjusted yield
Pelikan (44)	228 ₍₆₎	28	277 ₍₆₎	730 ₍₅₎	32	733 ₍₄₎	915 ₍₆₎	34	919 ₍₅₎
Pegro (50)	253 ₍₅₎	24	295 ₍₅₎	854 ₍₁₎	29	857 ₍₁₎	1145 ₍₁₎	28	1148 ₍₁₎
Albatros (70)	334 ₍₃₎	0	335 ₍₁₎	732 ₍₄₎	5	732 ₍₅₎	917 ₍₅₎	-1	917 ₍₆₎
Karo × Delfin (80)	321 ₍₄₎	-7	309 ₍₃₎	707 ₍₆₎	-9	706 ₍₆₎	1046 ₍₄₎	-3	1045 ₍₃₎
Grapis (81)	348 ₍₂₎	-8	333 ₍₂₎	769 ₍₃₎	-8	769 ₍₃₎	1055 ₍₂₎	-7	1054 ₍₂₎
Turkan (114)	372 ₍₁₎	-39	304 ₍₄₎	830 ₍₂₎	-53	824 ₍₂₎	1049 ₍₃₎	-54	1043 ₍₄₎
SE	18,1 ¹⁾		15,2	38,0		38,8	63,1		62,4
$\hat{b} \pm SD$ (g / cm)	-0,856±0,252			-0,058±0,613			-1,229±0,972		

$\hat{b} \pm SD$ (g / cm) — Współczynnik regresji plonu ze zmienną towarzyszącą; Coefficient of regression with concomitant variable

SE — Błąd standardowy; Standard error

Wykrywanie efektów sąsiedzkich w układzie diallelicznym

Układ dialleliczny, jakkolwiek typowy w badaniach *stricte* hodowlanych, jest doskonałą techniką pozwalającą na wykrywanie efektów oddziaływania sąsiedzkiego w doświadczeniach polowych. W niniejszych badaniach, układ dialleliczny z pięcioma obiektami zastosowano w trzech doświadczeniach. W doświadczeniu S94b analizowano oddziaływania sąsiedzkie między roślinami pięciu odmian grochu Albatros, Grapis, Pegro, Pelikan i Turkan w warunkach poletek 1-rzędowych. W dwóch doświadczeniach S00, w których badano grupę odmian: Albatros, Kormoran, Mazurek, Pelikan i Żuraw stosowano poletka 1-rzędowe i 3-rzędowe. W celu zapewnienia porównywalności wyników z poletek 1- i 3-rzędowych analizę wyników z poletek 3-rzędowych wykonano na wartościach średnich z trzech rzędów.

W tabelach 6 a, 6 b i 6 c przedstawiono efekty konkurencyjności odmian grochu dla plonu nasion w różnych wariantach odmiany sąsiedzkiej. Dla ułatwienia interpretacji, w tabelach, odmiany uporządkowano według wzrastającej wysokości roślin. Efekty główne odmian (ostatnia kolumna tabeli) odpowiadają przeciętnemu efektowi danej odmiany w sąsiedztwie wszystkich badanych odmian. Z kolei, efekty oddziaływania sąsiedzkiego (ostatni wiersz tabeli) wskazują na przeciętny efekt oddziaływania odmiany na poletkach sąsiednich. Interpretacja danych wewnątrz tabeli pozwala na ocenę składowych efektu głównego i efektu oddziaływania oraz ich interakcji.

Generalnie, w doświadczeniach o poletkach 1-rzędowych efekty główne i efekty oddziaływania sąsiedzkiego były silniejsze niż w doświadczeniu o poletkach 3-rzędowych. W warunkach poletek 1-rzędowych efekty konkurencyjności wahały się od -95 g do 111,3 g w doświadczeniu S94b i od -82 g do 161 g w doświadczeniu S00. Procentowo wartości te odpowiadają zakresowi wahań od -25% do 29% (S94b) i od -21% do 42% (S00) średniego plonu odmian. Na poletkach 3-rzędowych (S00) wartości skrajne określały przedział od 31 g do 44 g, co odpowiada wahaniom w zakresie od -9% do 13% średniego plonu.

Zwykle, im wyższe były rośliny danej odmiany tym większy był efekt główny oraz niższy efekt oddziaływania. Oznacza to, że rośliny wyższe "korzystały" z sąsiedztwa roślin niższych (efekt główny) oraz były konkurencyjne jako odmiany sąsiednie (efekt oddziaływania).

W przypadku roślin niższych efekty konkurencyjności nie były tak jednoznaczne jak w przypadku odmian o roślinach wyższych. Zacienianie przez odmiany wyższe, lub wyleganie odmian wyższych może być główną przyczyną redukcji plonu sąsiadujących roślin, co ujawnia się szczególnie silnie przy niekorzystnym układzie warunków klimatycznych (Gomez i Gomez, 1984).

W doświadczeniu S00 z poletkami 1-rzędowymi ze względu na efekty konkurencyjności można wyróżnić dwie grupy odmian. Pierwszą z nich stanowiły odmiany Albatros, Pelikan i Mazurek, które wykazywały silne ujemne efekty w plonie nasion, natomiast drugą grupę stanowiły odmiany Kormoran i Żuraw odznaczające się silnymi dodatnimi efektami (tab. 6 b). Efekty główne odmian pokrywały się z przeciwnymi efektami oddziaływania sąsiedzkiego, chociaż zakres wahań efektów oddziaływania sąsiedzkiego był zdecydowanie mniejszy niż efektów głównych. Powyższe spostrzeżenia można odnieść również do wyników doświadczenia S00 z poletkami 3-rzędowymi, gdzie ogólna relacja między efektami konkurencyjności poszczególnych odmian została zachowana.

Odmiany Pelikan i Albatros, będące w tym czasie w doborze odmian zalecanych dla rejonu północno-wschodniej Polski, wysiewano w obu doświadczeniach S94b i S00. Efekty konkurencyjności odmiany Pelikan były podobne niezależnie od doświadczenia, podczas gdy efekty odmiany Albatros w analizowanych dwu doświadczeniach były zdecydowanie różne. Wskazuje to na fakt, że warunki siedliskowe, w tym głównie warunki klimatyczne mogą modyfikować sposób przejawiania się konkurencyjności międzyodmianowej.

W doświadczeniu S94b ujemnie na odmianę Albatros oddziaływała jedynie wysoka odmiana Turkan, natomiast dodatnio wszystkie pozostałe odmiany. Wysoki ujemny efekt główny odmiany Albatros (-102) w doświadczeniu S00 przy jednocześnie umiarkowanym dodatnim efekcie (22) tej odmiany jako sąsiedniej wskazuje na dużą wrażliwość tej odmiany wobec innych odmian w warunkach dostatecznej ilości opadów. Konkurencyjną wobec odmiany Albatros okazała się przede wszystkim niska odmiana Mazurek (-73) oraz w mniejszym stopniu odmiany wyższe Żuraw (-10) i Kormoran (-20). Jednocześnie odmiany Żuraw (-91) i Kormoran (-33) plonowały lepiej w sąsiedztwie odmiany Albatros. Podobne relacje dla odmiany Albatros (S00), chociaż w dużo mniejszej skali, dotyczyły analizy średniej z trzech rzędów (tab. 6 c) zarówno w odniesieniu do efektu głównego, jak i efektu oddziaływania.

Tabela 6

**Komponenty plonu nasion odmian grochu w układzie diallelicznym doświadczenia S94b
(a) i doświadczenia S00 z poletkami 1-rzędowymi (b) i 3-rzędowymi (c)**
Yield components in diallel design for competition in experiments S94b (a) and S00 with 1-row plots (b) and 3-row plots (c)

a) Poletko 1-rzędowe (SE = 21,6) — 1-row plot											
Odmiana Variety	Odmiana na rzędach sąsiednich Variety in neighbour rows										Efekt główny Main effect
	Pelikan (45)		Pegro (48)		Albatros (73)		Grapis (81)		Turkan (116)		
Pelikan	360	16,6	367	-17,3	241	-14,8	290	27,6	163	-12,1	-95,0
Pegro	394	8,3	480	52,9	324	25,4	239	-65,7	197	-20,9	-52,2
Albatros	482	0,9	545	23,5	378	-16,0	423	23,4	281	-31,8	42,7
Grapis	417	-14,6	436	-36,0	333	-11,5	372	21,4	304	40,7	-6,8
Turkan	538	-11,1	567	-23,1	479	16,9	462	-6,7	405	24,1	111,3
Efekt sąsiedzki Neighbour effect	59,1		100,0		-28,0		-21,9		-109,2		
b) Poletko 1-rzędowe (SE = 25,9) — 1-row plot											
Odmiana Variety	Odmiana na rzędach sąsiednich Variety in neighbour rows										Efekt główny Main effect
	Mazurek (70)		Pelikan(71)		Albatros (72)		Żuraw (75)		Kormoran (78)		
Mazurek	366	-19	311	-45	384	32	193	-50	400	82	-52
Pelikan	461	105	261	-65	351	28	171	-43	263	-26	-82
Albatros	263	-73	344	38	367	64	184	-10	249	-20	-102
Żuraw	619	21	517	-52	475	-91	565	109	543	12	161
Kormoran	478	-34	605	123	447	-33	364	-6	395	-49	75
Efekt sąsiedzki Neighbour effect	54		25		22		-88		-13		
c) Poletko 3-rzędowe; średnia z trzech rzędów (SE = 15,4) — 3-row plot; mean from three rows of the plot											
Odmiana Variety	Odmiana na rzędach sąsiednich Variety in neighbour rows										Efekt główny Main effect
	Mazurek (70)		Pelikan(71)		Albatros (72)		Żuraw (75)		Kormoran (78)		
Mazurek	311	-17	359	-7	293	-29	332	38	317	15	-4
Pelikan	306	/5	393	53	226	-69	342	74	212	-63	-30
Albatros	173	-128	464	124	280	-15	291	23	270	-5	-31
Żuraw	486	110	285	-130	421	51	251	-92	412	61	44
Kormoran	383	30	352	-40	408	62	276	-43	317	-9	21
Efekt sąsiedzki Neighbour effect	6		44		-1		-28		-21		

Wyniki doświadczenia S00 z poletek 1- i 3-rzędowych ujęto we wspólnej analizie, aby określić relację między efektem danej odmiany w sąsiedztwie pozostałych odmian a siewem czystym odmiany, rozumianym jako siew odmiany we własnym sąsiedztwie. Można więc przyjąć, że rozważa się tutaj efekty sąsiedzkie na poletkach 1-rzędowych. Procentowo wyrażoną relację między efektem danej odmiany w sąsiedztwie pozostałych odmian a sąsiedztwem „własnym” dla wysokości roślin i plonu nasion przedstawiają dane zamieszczone w tabeli 7.

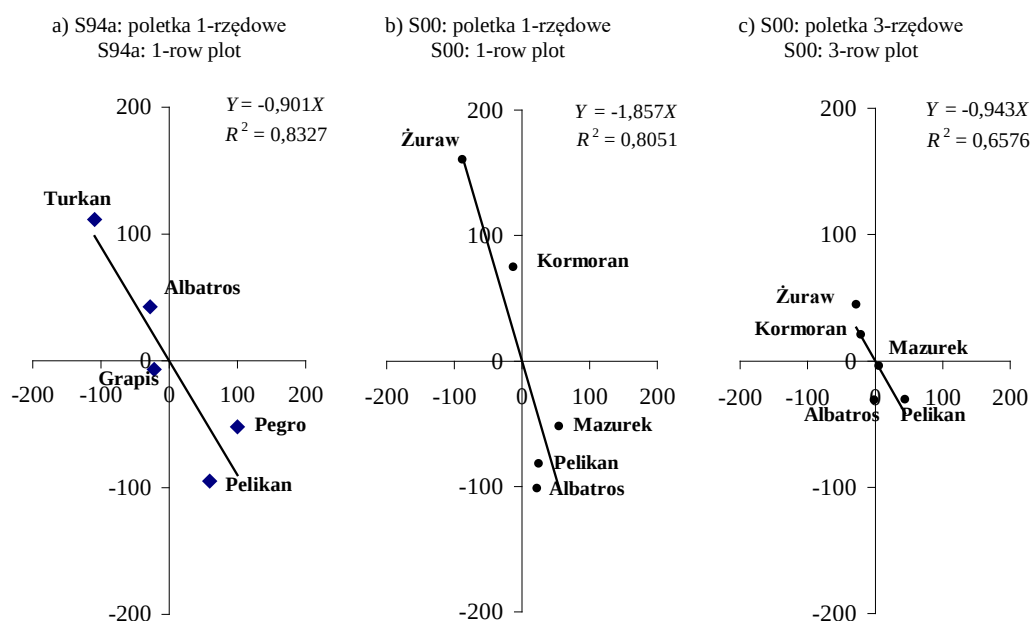
Tabela 7

Średni efekt wysokości roślin i plonu nasion odmian grochu w sąsiedztwie pozostałych odmian w relacji do siewu czystego (w procentach)

Average effect of plant height and seed yield of pea varieties in the neighbourhood of varieties, in relation to the pure sowing (in %)

Cechy Traits	Odmiany Varieties				
	Mazurek	Pelikan	Albatros	Żuraw	Kormoran
Wysokość rośliny (cm) Plant height (cm)	0	0	1	1	-6*
Plon nasion (g/rząd) Seed weight (g/row)	-10	-7	15	41*	53*

* Istotne przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$



Rys. 1. Relacja między efektem oddziaływania sąsiedzkiego (X) a efektem głównym (Y) w doświadczeniach S94a (a) i S00 (b, c)

Fig. 1. The relationship between of neighbour effect (X) and main effect (Y) in experiments S94a (a) and S00 (b, c)

Wysokość roślin jako relacja między obydwoma efektami była praktycznie taka sama, z wyjątkiem odmiany Kormoran, której rośliny w sąsiedztwie pozostałych odmian były istotnie niższe niż w sąsiedztwie roślin tej samej odmiany. W przypadku plonu nasion istotnie wyżej w otoczeniu pozostałych odmian plonowały dwie odmiany o roślinach wyższych — Żuraw i Kormoran.

Efekty konkurencyjności obliczone według układu diallelicznego wykorzystano w analizie regresji (rys. 1). Proste regresji między efektami oddziaływania sąsiedzkiego a efektami głównymi badanych odmian wyznaczone dla poletek 1-rzędowych dowodzą, że im większy był efekt oddziaływania sąsiedzkiego tym mniejszy był efekt główny. Interpretacja tego stwierdzenia w kategoriach konkurencyjności międzyodmianowej oznacza, że im większa jest konkurencyjność odmiany wysiewanej na poletkach sąsiednich, tym większy jest jej efekt główny i odwrotnie.

PODSUMOWANIE I DYSKUSJA WYNIKÓW

W doświadczeniu S95b badano efekty sąsiedzkie między trzema morfotypami roślin grochu: niskich, średnio-wysokich i wysokich. Odmiany niższe znajdowały dobre warunki rozwoju w sąsiedztwie odmiany wysokiej, co jak można przypuszczać miało związek z układem warunków klimatycznych (wysokie temperatury powietrza i niedobór opadów). Zakres oddziaływania sąsiedzkiego ograniczał się do skrajnego rzędu poletka.

Jensen i Federer (1964) analizując dane ze szkółek hodowlanych z pszenicą, stwierdzili pewien typ konkurencyjności związany z wysokością roślin. Odmiana kontrolna w sąsiedztwie pozostałych rodów reagowała silnym spadkiem plonu wraz ze wzrostem wysokości roślin testowanych rodów. W konkluzji wymienieni autorzy stwierdzili, że efekty konkurencyjności między rodami o różnej wysokości nie są kompensowane ekwiwalentnie, to znaczy tak, że odmiana wysoka korzysta z sąsiedztwa odmiany niskiej w takim samym stopniu jak odmiana niska traci w stosunku do odmiany wyższej, co sprawia, że ostatecznie średni efekt jest taki sam. Dlatego też, w praktyce wymienieni autorzy zalecają wysiewanie przemienne wysokich i niskich rodów pszenicy. Podkreślają ponadto, że ten typ konkurencyjnej współzależności może mieć duże znaczenie w prowadzeniu odmian wieloliniowych.

Według Clarka i wsp. (1998), plon roślin z poletek sąsiadujących z genotypami wyższymi będzie zwykle mniejszy niż plon roślin z poletka, które sąsiaduje z poletkiem o takich samych roślinach, i odwrotnie, plon roślin wyższych w sąsiedztwie roślin niższych będzie większy. W niniejszych badaniach wymienione relacje nie były tak jednoznaczne, a główną przyczyną tych rozbieżności mogła być panująca susza. Analizując różnicę wysokości roślin na poletkach sąsiednich i efekt konkurencyjności w plonie w zależności od wielkości poletka (poletka 1-, 2- i 3-rzędowe) w doświadczeniu S94a zbalansowanym na sąsiedztwo stwierdzono, że odmiany niskie na poletkach 1-rzędowych znajdowały dogodne warunki do rozwoju w sąsiedztwie odmian wyższych. Z kolei, najwyższa w doświadczeniu odmiana Turkan zareagowała odwrotnie, ze wzrostem wielkości poletka plony tej odmiany malały. W doświadczeniu o poletkach jednorzędowych największe

średnie plony z poletka odnotowano dla odmian o najwyższych roślinach, najmniejsze natomiast dla odmian o roślinach niskich.

W celu wykrycia efektów oddziaływania sąsiedzkiego w doświadczeniach S94b i S00 rozlosowanie obiektów w kwadracie łacińskim 5 x 5 pozwoliło na otrzymanie układu diallelicznego, w których dany obiekt otaczały wszystkie badane obiekty, łącznie z nim samym. W doświadczeniach o poletkach 1-rzędowych efekty główne odzwierciedlające przeciętny efekt odmiany w sąsiedztwie badanych odmian i efekty oddziaływania sąsiedzkiego odzwierciedlające przeciętny efekt odmiany na poletku sąsiednim były silniejsze niż w doświadczeniu o poletkach 3-rzędowych. Procentowo efekty konkurencyjności na poletkach 1-rzędowych wahały się od –25% do 29% (S94b) i od –21% do 42% (S00) w stosunku do średniego plonu odmian. Rośliny wyższe "korzystały" z sąsiedztwa roślin niższych (efekt główny) oraz były zwykle konkurencyjne jako odmiany sąsiednie (efekt oddziaływania sąsiedzkiego).

Wyniki doświadczeń Clarka i wsp. (1998 a) z genotypami pszenicy prowadzonymi w diallelu na konkurencyjność wskazują, że gdy genotypy różniły się wysokością, oddziaływania międzypoletkowe stawały się istotnym źródłem błędu. Potwierdzeniem powyższego spostrzeżenia są także badania Kiesselbacha (1923), Stadlera (1921) oraz Hartwiga i in. (za Gomezem, 1972), którzy na podstawie doświadczeń z soją wysiewaną na poletkach 1-rzędowych stwierdzili, że porównanie odmian soi na podstawie analizy plonów z poletek jednorzędowych nie było wystarczająco dokładne.

Reasumując wyniki badań własnych i ich dyskusję należy stwierdzić, że doświadczenie polowe sprzyja występowaniu efektów konkurencyjności. Wynikają one z układu polowego doświadczenia, wielkości poletek, zróżnicowania morfologicznego i fizjologicznego badanych obiektów oraz wpływu czynników siedliskowych.

WNIOSKI

1. Konkurencyjność roślin jest faktem praktyki doświadczeń polowych z grochem i na etapie planowania doświadczeń powinna być zawsze rozważana.
 2. Wielkość oddziaływań sąsiedzkich między poletkami, na których wysiano genotypy grochu o różnej wysokości roślin, zależy od wielkości poletka. Im większe są poletka tym mniejsze jest obciążenie wyników efektami konkurencyjności.
 3. W warunkach doświadczeń hodowlanych, w tym szczególnie doświadczeń o poletkach 1-rzędowych, efekt konkurencyjności danego genotypu w określonym układzie czynników siedliskowych może się zmieniać, przez co zmieniają się wzajemne relacje w zespole badanych genotypów analizowanych z punktu widzenia badanych cech.
- W warunkach wysokich temperatur i deficytu opadów genotypy o roślinach niższych mogą korzystać z sąsiedztwa roślin wysokich.
- Efekty różnej agresywności genotypów ujawniają się wtedy, gdy rośliny nie tylko korzystają z sąsiedztwa innych genotypów, ale także są dla nich konkurencyjne jako rośliny sąsiedzkie.

4. W doświadczalnictwie hodowlanym z grochem efekty konkurencyjności roślin mogą rzutować na ostateczne oceny obiektowe. Z tego powodu, na etapie planowania doświadczenia, niezbędne są rozważania na temat potencjalnych efektów konkurencyjności i ewentualne uwzględnienie metod technicznych i/lub statystycznych, pozwalających na ograniczenie lub wyeliminowanie niekorzystnego wpływu konkurencyjności roślin na wyniki doświadczenia.

LITERATURA

- Brownie C., Bowman D. T., Burton J. 1993. Estimating spatial variation in analysis of data from field trials: a comparison of methods. *Agron. J.*, 85: 1244 — 1523.
- Clarke F. R., Baker R. J., DePauw R. M. 1998 a. Interplot interference distorts yield estimates in spring wheat. *Crop Sci.*, 38: 62 — 66.
- Clarke F. R., Baker R. J., DePauw R. M. 1998 b. Using height to adjust for interplot interference in spring wheat yield trials. *Canadian J. Plant Sci.*, 169 — 174.
- Gomez K. A. 1972. Border effects in rice experimental plots. *Varietal competition. Expl Agric.* 8: 295 — 298.
- Gomez K. A., Gomez A. A. 1984. *Statistical procedures for agricultural research*, John Wiley & Sons Inc., New York.
- Hayes H. K., Arny A. C. 1917. Experiments in field technique in rod row tests. *J. Agr. Res.*, 11: 399 — 419.
- Jensen N. F., Federer W. T. 1964. Adjacent row competition in wheat. *Crop Sci.* 4: 641 — 645.
- Kempton R. A., Fox P. 1994. *Statistical methods for plant variety evaluation*. Chapman and Hall, London.
- Kempton R. A., Gregory R. S., Hughes W. G., Stoehr P. J. 1986. The effect of interplot competition on yield assessment in triticales trials. *Euphytica*, 5: 257 — 265.
- Kempton R. A., Lockwood G. 1984. Inter-plot competition in variety trials of field beans (*Vicia faba* L.) *J. Agric. Sci.*, 103: 293 — 302.
- LeClerg E. L., Leonard W. H., Clark A. G. 1962. *Field plot technique*. Bungess Publishing Co. Minneapolis, Minn., 105 — 128.
- Rudnicki F. 1992. *Doświadczalnictwo rolnicze*. Wyd. ATR Bydgoszcz, 16 — 189.
- Trętowski J., Wójcik A. R. 1988. *Metodyka doświadczeń rolniczych*. WSRP Siedlce.
- Van der Plank J. E. 1963. *Plant diseases in biological warfare. Epidemics and control*. Academic Press. New York and London.
- Wilkinson G. N., Eckert S. R., Hancock T. W., Mayo O. 1983. Nearest neighbour (NN) analysis of field experiments. *J. R. Statist. Soc., B* 45: 151 — 211.
- Williams E. J. 1962. The analysis of competition experiments. *Australian J. Biol. Sci.*, 15: 509 — 25.
- Załęski E. 1927. *Metodyka doświadczeń rolniczych*. Wyd. Rozp. Biol., 1. Lwów.

LECH BOROS

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Ocena zdolności kombinacyjnej kilku cech użytkowych grochu siewnego (*Pisum sativum* L.)

Combining ability of some agronomically important traits in pea (*Pisum sativum* L.)

Przedmiotem opracowania były formy rodzicielskie i mieszańce F_2 uzyskane w wyniku krzyżowania diallelicznego (metodą I Griffinga) siedmiu genotypów grochu (Ametyst, Agat, Agra, Kwestor, Rubin, Bohatyr i linia 1167/96). Stwierdzono istotność efektów ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) dla wszystkich badanych cech. Brak istotności efektów swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) dla wylegania określanego w trzecim terminie tzn. przed zbiorem oraz dla wysokości roślin, liczby węzłów i MTN świadczy o addytywnym działaniu genów na te cechy. Istotność efektów ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej dla pozostałych badanych cech wskazuje na znaczenie addytywnego i nieaddytywnego działania genów w ich kontrolowaniu. Ocena efektów GCA pozwala wyróżnić odmiany Kwestor i Agra jako formy dobrze przekazujące cechę plonu na potomstwo. Użycie do krzyżowań odmian Agra i Rubin wpływało na pogorszenie odporności na wyleganie w potomstwie, natomiast odmiana Bohatyr dawała mieszańce o podwyższonej odporności w stosunku do przeciętnej całego potomstwa w układzie krzyżowań. Odmiany Rubin, Agat i Ametyst wpływające niekorzystnie na plon nasion i jego składowe nie powinny brać udziału w programach krzyżówkowych.

Słowa kluczowe: groch, cechy użytkowe, zdolność kombinacyjna

Seven pea genotypes (Ametyst, Agat, Agra, Kwestor, Rubin, Bohatyr, line 1167/96) and their F_2 hybrids derived from diallel crosses consisted the experimental material. Analysis of variance showed significance of GCA for all tested traits. Lack of significance of SCA for lodging, plant height, nodes per plant and TSW indicates important role of additive gene action in expression of these traits. Significant variances of GCA and SCA for remaining traits indicate both additive and nonadditive gene action in their inheritance. The cultivars Kwestor and Agra were good combiners for seed yield; Rubin and Agra, opposite to Bohatyr, caused higher lodging in comparison to the average of progeny in the crossing scheme. The cultivars Rubin, Agat and Ametyst adversely influencing seed yield and its components should be discarded from crossing programmes.

Key words: combining ability, pea, useful traits

WSTĘP

Znaczny postęp w krajowej hodowli grochu osiągnięto wprowadzając do Rejestru różnicowane morfologicznie odmiany grochu o wysokim potencjale plonowania,

zmniejszonej podatności na wyleganie (Święcicki i in., 1997; Wiatr, 2001). Postęp ten osiągnięto w wyniku hodowli rekombinacyjnej opartej na trafnym doborze komponentów rodzicielskich wynikającym głównie z wiedzy i wyczucia hodowców oraz często prowadzenia rozległego materiału mieszańcowego. Właściwy dobór komponentów do programów hodowlanych powinien opierać się na ocenie w kolekcjach nowych genotypów oraz na ocenie ich zdolności kombinacyjnej określającej możliwości przekazywania przez nie pożądanych cech na potomstwo (Boros, Sawicki, 1997; Gupta i in., 1984; Kumar, Agrawal, 1981; Moitra i in., 1988; Święcicki i in.; 1981).

Celem podjętych badań było przeprowadzenie analizy statystyczno-genetycznej kilku cech ilościowych dla wytypowanych w oparciu o wyniki oceny z kolekcji roboczej genotypów grochu siewnego i ocena ich zdolności kombinacyjnej pod względem tych cech.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem badań były formy rodzicielskie i mieszańce uzyskane w wyniku krzyżowania diallelicznego (metodą I Griffinga) siedmiu genotypów grochu (Ametyst, Agat, Agra, Kwestor, Rubin, Bohatyr i linia 1197/96). Doświadczenie założono w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach na poletkach jednorządkowych, 2 mb. długich przy średnim zagęszczeniu 100 roślin/m². Groch wysiano na glebie kompleksu pszennego dobrego, klasy bonitacyjnej IIIa po pszenicy ozimej. Zastosowano powszechnie zalecaną dla grochu uprawę gleby, nawożenie oraz chemiczne zwalczanie chwastów i szkodników. W trakcie wegetacji prowadzono ocenę długości faz rozwojowych, porażenia roślin, wylegania a zebrane rośliny charakteryzowano po względem następujących cech: wysokości roślin, liczby węzłów ogółem i owocujących, liczby strąków, nasion i masy nasion oraz MTN. Ocenę tych cech dla form rodzicielskich i populacji mieszańcowych F₂ wykonano na 15 losowo wybranych roślinach każdego obiektu. W celu uzyskania informacji o przekazywaniu cech ilościowych mieszańcom przez formy rodzicielskie, dla wybranych cech przeprowadzono analizę zdolności kombinacyjnej według stałego modelu Griffinga dla układu diallelicznego wykonanego metodą pierwszą (Kala i in., 1994).

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie wartości cech form rodzicielskich i populacji mieszańcowych F₂ przedstawiono w tabeli 1. Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotność różnic średnich mieszańców F₂ oraz efektów ogólnej (GCA) i specyficznej (SCA) zdolności kombinacyjnej dla ocenianych cech (tab. 2). Tylko w przypadku liczby strąków z rośliny zaznaczył się, na granicy istotności, efekt krzyżowania odwrotnego. Stwierdzono istotność ogólnej zdolności kombinacyjnej dla wszystkich cech. Nie stwierdzono zaś istotności efektów specyficznej zdolności kombinacyjnej dla wysokości roślin, wylegania ocenianego przed zbiorem, liczby węzłów oraz MTN. Świadczy to o addytywnym działaniu genów kontrolujących te cechy.

Tabela 1

Średnie wartości cech ilościowych u form rodzicielskich i mieszańców F₂
Average values of the characters of parental forms and F₂ populations

Forma Genotype	Wysokość roślin Plant height (cm)	Wyleganie III Lodging at maturity	Węzły z rośliny Number of nodes / plant	Strąki w węźle Number of pods / node	Strąki z rośliny Pods per plant	Masa nasion z rośliny Seed weight per plant	MTN TSW
formy rodzicielskie parental forms							
Ametyst	80	6,3	15,7	1,31	12,3	8,0	203
Agat	89	5,7	17,7	1,57	13,2	7,6	196
Agra	82	5,3	16,3	1,70	12,3	10,3	196
Kwestor	104	6,0	16,3	1,57	15,3	10,6	182
Rubin	82	5,3	16,3	1,43	11,3	6,9	209
Bohatyr	82	6,3	15,3	1,81	10,3	6,2	181
1167/96	93	6,0	17,0	2,20	15,7	7,8	191
mieszańce F ₂ hybrids F ₂							
Zakres Range	74–110	5,3–7,0	15,0–20,0	1,29–1,82	9,6–21,0	5,2–11,6	181–210
Średnia Average	90	5,9	17,3	1,60	15,0	9,4	192

Tabela 2

Analiza wariancji badanych cech grochu siewnego przeprowadzona dla modelu I Griffinga
Analysis of variance for combining ability of the observed characters in pea

Źródło zmienności Source of variation	Średnie kwadraty Mean squares							MTN TSW
	liczba stopni swobody degrees of freedom	wysokość roślin plant height	wyleganie III lodging at maturity	liczba węzłów z rośliny nodes/plant	liczba strąków w węźle pods/node	liczba strąków z rośliny Pods/plant	masa nasion z rośliny seeds weight /plant	
Bloki Blocks	2	436,74	0,21	9,45	0,01	31,15	2,43	1045,39
Mieszańce Hybrids	48	215,94**	0,44*	4,99**	0,07**	17,87**	10,44**	279,14**
GCA	6	819,85**	1,63**	11,85**	0,41**	33,56**	32,83**	517,71**
SCA	21	136,04	0,22	3,50	0,03*	14,25*	8,32**	224,79
Efekt odwrotny Reciprocal effect	21	123,31	0,33	4,52	0,02	17,00*	6,16	255,33
Błąd Error	96	87,96	0,28	2,64	0,01	8,46	4,13	153,46

* — Istotność przy poziomie p = 0,05

* — Significant at p = 0.05

** — Istotność przy poziomie p = 0,01

** — Significant at p = 0.01

Jest to zgodne z wynikami wcześniejszych badań z różnymi zestawami genotypów użytymi w krzyżowaniach diallelicznych (Snoad i Arthur, 1974; Boros i Sawicki, 2000; Sawicki i Boros, 2000). Istotność zarówno efektów ogólnej jak i specyficznej zdolności kombinacyjnej dla pozostałych badanych cech wskazuje na znaczenie addytywnego i nieaddytywnego działania genów w ich kontrolowaniu. W badaniach własnych, podobnie

jak i innych autorów (Snoad i Arthur, 1974; Gupta i in., 1984; Boros i Sawicki, 2000; Sawicki i Boros, 2000), wykazano addytywno-dominujący model dziedziczenia dla liczby strąków w węźle, liczby strąków z rośliny oraz masy nasion Linia 1167/96 i odmiana Kwestor o dodatniej wartości kombinacyjnej zwiększały wysokość roślin w potomstwie, natomiast odmiany Rubin i Agra dawały mieszańce o niższych roślinach w stosunku do przeciętnej całego potomstwa w układzie krzyżowań (tab. 3). Użycie do krzyżowań odmiany Bohatyr wpływało dodatnio na odporność na wyleganie natomiast Rubin i Agra w sposób istotny zwiększały podatność. Podwyższoną liczbą strąków w węźle charakteryzowały się potomstwa z krzyżowań z linią 1167/96. Jest to linia o zwiększonej liczbie kwiatów w węźle (*fn fna*), której charakterystykę na tle innych genotypów grochu przedstawiono we wcześniejszej pracy (Boros i Sawicki, 1997). Korzystny wpływ na masę nasion z rośliny w potomstwie F_2 stwierdzono dla odmian Agra i Kwestor, natomiast odmiany Rubin i w mniejszym stopniu Bohatyr pogarszały wartości tej cechy w potomstwie (tab. 3).

Tabela 3

Oceny efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej dla badanych form rodzicielskich grochu siewnego
Estimates of general combining ability effects for the analyzed traits in pea

Cechy Traits	Rodzice Parental forms						
	Ametyst	Agat	Agra	Kwestor	Rubin	Bohatyr	1167/96
Wysokość roślin Plant height	-1,67	-0,69	-2,77*	6,59**	-6,79**	1,59	3,76**
Wyleganie III Lodging III	0,10	0,07	-0,31**	0,00	-0,22**	0,26**	0,10
Węzłów / roślinę Nodes/plant	-0,51*	0,71**	-0,42	0,32	-0,08	-0,58*	0,56*
Strąki / węzła Pods / nodes	-0,09**	0,00	0,00	-0,03	-0,10 **	0,01	0,21**
Strąki / rośliny Seeds / plant	-0,28	-0,16	-0,18	1,30**	-0,73	-1,09 *	1,13 **
Masa nasion / rośliny Seeds weight / plant	-0,34	-0,43	0,84**	1,31**	-1,15**	-0,67*	0,45
MTN TSW	6,03**	-0,62	-2,78	-0,07	1,84	-5,06**	0,67

* — Istotność przy poziomie $p = 0,05$

* — Significant at $p = 0.05$

** — Istotność przy poziomie $p = 0,01$

** — Significant at $p = 0.01$

Ocena efektów specyficznej zdolności kombinacyjnej wykazała wiele kombinacji krzyżowań o istotnych dodatnich jak również i ujemnych efektach SCA dla badanych cech. Stwierdzono znaczną zgodność pomiędzy wartościami efektów GCA i wynikami *per se* dla badanych cech form rodzicielskich, co dokumentują wyniki innych autorów (Kumar i Agrawal 1981; Gupta i in., 1984; Boros i Sawicki, 2000). Współczynniki korelacji prostej pomiędzy efektami GCA a wartościami *per se* badanych cech u form rodzicielskich były zbliżone do jedności (od $r = 0,82$ do $r = 0,99$). Najniższy współczynnik korelacji $r = 0,64$ uzyskano dla MTN. Przeprowadzono również analizę korelacji pomiędzy wartościami określonej cechy u form rodzicielskich (y_i), a sumą $w_r + v_r$ (wariancja rodzin + kowariancja pomiędzy mieszańcami i ich rodzinami). Wysoka ujemna korelacji dla cechy liczby

strąków i nasion z rośliny wskazuje na działanie genów dominujących w kierunku zwiększania tych cech. Niższy efekt genów dominujących stwierdzono w ulepszaniu odporności na wyleganie, wysokości roślin oraz MTN, natomiast dodatni wpływ genów recesywnych stwierdzono dla liczby strąków w węźle. Uzyskane wyniki, podobnie jak i innych autorów (Chaber, 1991; Gupta i in., 1984; Moitra i in., 1988; Snode, Arthur, 1973, 1973 a, 1974; Weber, 1976), wskazują na złożoność sposobu dziedziczenia cech użytkowych u grochu.

Odmiany Rubin i Agat oraz Ametyst wpływające niekorzystnie na plon nasion i jego składowe, co wykazano również we wcześniejszych badaniach (Boros i Sawicki, 2000), nie powinny brać udziału w programach krzyżówkowych. Również znaczną ostrożność należy zachować decydując się na wykorzystanie w krzyżowaniach odmiany Agra, która dobrze przekazuje cechę plonu na potomstwo wprowadzając równocześnie podatność na wyleganie.

WNIOSKI

1. Wyniki uzyskane dla wysokości roślin, wylegania, liczby węzłów z rośliny oraz MTN, gdzie stwierdzono istotność tylko GCA i brak zróżnicowania efektów SCA sugerują, że w badanym zestawie genotypów cechy te uwarunkowane były głównie addytywnym działaniem genów. Istotność efektów zarówno ogólnej jak i specyficznej zdolności kombinacyjnej dla pozostałych badanych cech wskazuje na znaczenie addytywnego i nieaddytywnego działania genów w ich kontrolowaniu.
2. Ocena efektów GCA pozwala wyróżnić odmiany Kwestor i Agra jako formy dobrze przekazujące cechę plonu na potomstwo. Natomiast Agra oraz Rubin wpływały na pogorszenie odporności na wyleganie. Odmiany Rubin, Agat i Ametyst, wpływające niekorzystnie na plon nasion i jego składowe, nie powinny brać udziału w programach krzyżówkowych.
3. Geny dominujące zwiększały liczbę strąków/rośliny, liczbę nasion/rośliny, a w mniejszym stopniu wpływały na odporność na wyleganie, wysokości roślin oraz MTN, natomiast dodatni wpływ genów recesywnych stwierdzono dla liczby strąków w węźle.

LITERATURA

- Boros L., Sawicki J. 1997. Elementy struktury plonu nasion form grochu siewnego o różnej liczbie kwiatów w węźle. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z 446: 95 — 100.
- Boros L., Sawicki J. 1997. Ocena wybranych odmian i form w kolekcji grochu siewnego. Cz. I. Zmienność i odziedziczalność cech użytkowych grochu. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z 446: 101 — 106.
- Boros L., Sawicki J. 2000. Ocena zdolności kombinacyjnej komponentów plonu nasion grochu siewnego. Biul. IHAR 216: 417 — 423
- Chaber D. 1991. Analiza plonu populacji mieszańcowych pokolenia F₂ z krzyżowań diallelicznych sześciu odmian grochu. Biul. IHAR 177: 145 — 150.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Austral. J. Biol. Sci. 9: 463 — 493.
- Gupta K. R., Dahiya B. S., Singh K. P. 1983. Genetics of morphological characters related to plant type in peas (*Pisum sativum* L.). J. Agric. Sci. Camb. 101: 583 — 588.

- Gupta K. R., Waldia R. S., Dahiya B. S., Singh K. P., Sood D. R. 1984. Inheritance of seed yield and quality traits in peas (*Pisum sativum* L.). Theor. Appl. Genet. 69: 133 — 137.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1994. System analiz statystycznych doświadczeń genetyczno-hodowlanych. wersja 1.0, AR Poznań.
- Kumar H., Agrawal R. K. 1981. Combining ability analysis of certain productive traits in pea (*Pisum sativum* L.). Z. Pflanzenzüchtg. 86: 110 — 116.
- Moitra P. K., Singh S. P., Mehta A. K. 1988. Combining ability in pea (*Pisum sativum*). Indian Journal of Agricultural Sciences 58 (6): 479 — 480.
- Sawicki J., Boros L. 2000. Sposoby działania genów warunkujących cechy związane z plonem nasion grochu. Biul. IHAR 216: 407 — 416.
- Snoad B., Arthur A. E. 1973. Genetical studies of quantitative characters in peas. 1. A seven-parent diallel cross of cultivars. Euphytica 22: 327 — 337.
- Snoad B., Arthur A. E. 1973 a. Genetical studies of quantitative characters in peas. 2. A six-parent diallel cross of cultivars and primitive forms. Euphytica 22: 510 — 519.
- Snoad B., Arthur A. E. 1974. Genetical studies of quantitative characters in peas. 3. Seed and seedling characters in the F₂ of a six — parent diallel set of crosses. Euphytica 23: 105 — 113.
- Święcicki W. K., Kaczmarek Z., Surma M. 1981. Inheritance of protein content in seeds of two selected hybrids of pea (*P. sativum* L.). Gen. Pol. 22 (2): 189 — 195.
- Weber W. E. 1976. A 10-parent diallel for quantitative genetic studies in peas (*Pisum sativum* L.). Z. Pflanzenzüchtg. 77: 30 — 42.
- Wiatr K. 2001. Rośliny strączkowe. Lista opisowa odmian. COBORU, Słupia Wielka 90/2001:163 — 192.

KRYSTYNA KOLASIŃSKA

BARBARA WIEWIÓRA

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Związek pomiędzy wartością siewną a składem chemicznym dojrzewających nasion grochu (*Pisum sativum* L. ssp. *sativum*)

Część I. Zmiany zdolności kiełkowania, zdrowotności i zawartości oligosacharydów w czasie rozwoju i dojrzewania nasion grochu

Relationships between seed sowing value and chemical content of maturing pea seeds (*Pisum sativum* L. ssp. *sativum*)

Part I. Changes of germination ability seed health and content of oligosaccharides during development and maturation of pea seeds

Celem badań była ocena dynamiki gromadzenia oligosacharydów w dojrzewających nasionach grochu w powiązaniu ze zdolnością kiełkowania i zdrowotnością nasion. Do doświadczeń użyto nasion 4 odmian grochu zebranych w latach 1998, 1999 i 2000. Strąki z nasionami pobierano co 5 dni, począwszy od 25 dnia po kwitnieniu roślin (dpk) aż do pełnej dojrzałości. Oznaczano wilgotność, świeżą i suchą masę oraz zdolność kiełkowania i zdrowotność nasion. Analizowano ilość sacharozy, rafinozy i stachiozy. Świeża masa niedojrzałych i silnie uwodnionych nasion (powyżej 60%) była wysoka, a po osiągnięciu pełnej dojrzałości spadała prawie trzykrotnie. Akumulacja suchej masy przebiegała powoli przez cały czas dojrzewania. Zdolność kiełkowania w 25.dpk wynosiła od 3 do 69%. W 35 dpk dla większości badanych prób wilgotność nasion gwałtownie spadała, a zdolność kiełkowania osiągnęła wartości maksymalne. W końcowym okresie dojrzewania, kiedy zdolność kiełkowania już nie zmieniała się, następował spadek ogólnej zdrowotności nasion, przy czym grzyby patogeniczne występowały mniej licznie niż saprofity. Stwierdzono, że grzyby z rodzaju *Ascochyta* liczniej wystąpiły na nasionach zebranych w 25. dpk (średnio 7,9%) i 30. dpk (średnio 10%) niż na nasionach dojrzałych (4%). Także występowanie grzyba *Botrytis cinerea*, wywołującego szarą pleśń grochu, w miarę dojrzewania nasion spadało z około 7% do 3%. W początkowym okresie dojrzewania poziom oligosacharydów był wysoki (6,4–7,5%) i w miarę dojrzewania nasion spadał (od 3,2 do 5,3%). Największy spadek zawartości oligosacharydów przebiegał pomiędzy 25. a 35. dkp. W tym czasie następowało intensywne gromadzenie suchej masy i wzrost zdolności kiełkowania nasion. Ilość sacharozy w tym czasie zmniejszała się prawie trzykrotnie. Poziom rafinozy był raczej stabilny,

a stachiozy niejednolity przez cały czas dojrzewania nasion. Udział cukrów w kształtowaniu wartości siewnej nasion grochu był znaczący, ale niejednolity w trakcie rozwoju nasienia.

Słowa kluczowe: groch, oligosacharydy, zdolność kiełkowania, zdrowotność, nasiona

The purpose of this study was to evaluate the changes in accumulation of oligosaccharides during seed development and their relation to seed germination and health. The experimental material consisted of seeds of four pea varieties harvested in 1998, 1999 and 2000. Seeds were collected every 5 days, beginning on the 25th day after flowering (daf) until full maturity. Seed moisture content, fresh and dry matter weight, germination, and seed health were determined. Moreover a content of saccharose, raffinose and stachiose was measured. Fresh weight of immature seeds (moisture content over 60%) was high, but when the seeds reached full maturity, it decreased almost two-fold. Dry matter accumulation proceeded slowly during the whole maturation time. Germination capacity on 25 daf ranged from 3 to 69%, and on 35 daf the moisture content declined sharply and germination percentage reached the maximum values for the majority of examined samples. At the end of the maturation stage, when no increase in germination ability was observed, a decrease of general seed health was noticed, with saprophytic fungi being more frequent than pathogenic ones. *Ascochyta ssp.* were more abundant on seeds harvested on 25 daf (7,9%) and 30 daf (10%) than on mature seeds (4%). Similarly, the occurrence of *Botritis cinerea* on seeds declined from 7% to 3% with seed maturing. No close relationship between seed health and seed stage of development was found. At the beginning of maturation a level of oligosaccharides was high (6,4–7,5%) followed by decreasing with maturation to 3,2–5,3%. The highest decrease in oligosaccharides content was noticed between 25 and 35 daf. In this period both the intensive accumulation of dry matter and increase in germination ability were observed. The content of saccharose decreased almost three-fold. The content of raffinose maintained rather at the same level, whereas that of stachiose was variable during the whole maturation time. Oligosaccharides played a significant role in creating seed value although their effect was changeable in the course of seed development.

Key words: germination, health, pea, oligosaccharides, seeds

WSTĘP

W nasionach roślin strączkowych, poza białkiem występują węglowodany, w których dominującym składnikiem jest nie tylko skrobia, ale także hemicelulozy i oligosacharydy z rodziny rafinoz (Marquardt, 1986). Uważane są za substancje antyżywniowe, nieusuwalne w procesie termicznej obróbki kulinarnej (Marquardt, 1986). Cukrowce te niekiedy spełniają funkcję materiału zapasowego, który jako pierwszy wykorzystywany jest podczas kiełkowania nasion (Lahuta i in., 1993). Zachodzące w okresie dojrzewania i rozwoju nasion zmiany w składzie chemicznym mają bezpośredni związek z właściwościami fizjologicznymi. Gromadzenie ich przebiega w kilku etapach, co ma bezpośredni wpływ na wartość nasion (Piotrowicz-Cieślak i in., 1993). Zmiany morfologiczne i biochemiczne kształtują żywotność i zdolność nasion do kiełkowania (Grzesiuk i Kulka, 1981). Ta ostatnia uzależniona jest od odmiany i wpływu czynników środowiskowych (Mierzwińska, 1971). Wobec etapowego gromadzenia związków chemicznych podczas dojrzewania, istnieje możliwość zbioru nasion w czasie, kiedy ich wartość odżywcza jest najwyższa, a zawartość związków antyżywniowych najniższa. Dwojake wykorzystanie nasion grochu z tej samej plantacji na cele siewne i konsumpcyjne jest częste, zwłaszcza dla niższych stopni kwalifikacji. Lahuta i wsp. (1993), prowadząc badania z dojrzewającymi nasionami bobiku stwierdzili, że poziom werbaskozy był wyraźnie skorelowany

z kształtowaniem żywotności nasion, natomiast nie zanotowali prostej zależności pomiędzy wartością siewną nasion a ilością rafinozy i stachiozy.

Celem prowadzonych badań była ocena dynamiki gromadzenia sacharozy, rafinozy i stachiozy w dojrzewających nasionach czterech odmian grochu w powiązaniu ze zdolnością kiełkowania i zdrowotnością nasion.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia prowadzone były z użyciem nasion 4 odmian grochu Kwestor, Rubin, Agra i RAH-796 zebranych w latach 1998, 1999 i 2000. Strąki z nasionami zbierano co 5 dni począwszy od 25 dnia po kwitnieniu roślin (dpk), aż do uzyskania pełnej dojrzałości. Oznaczano świeżą i suchą masę, wilgotność, zdolność kiełkowania i zdrowotność nasion według metodyki zalecanej przez ISTA (1996). Zdolność kiełkowania oceniano stosując temperaturę 20°C, a ocenę siewek przeprowadzano po 5 i 8 dniach kiełkowania. Identyfikację wyrosłych kolonii grzybów przeprowadzano posługując się opisami zawartymi w opracowaniach: Barnett (1960), Ellis (1971), Kwaśna i wsp. (1991). Metodą chromatograficzną oznaczano akumulację sacharozy, rafinozy i stachiozy HPLC (Bach-Knudsen i Li, 1991). Błąd różnicy średnich pomiędzy uzyskanymi wynikami został oszacowany przy zastosowaniu testu Tukeya (Elandt, 1964).

WYNIKI I DYSKUSJA

Świeża masa niedojrzałych i silnie uwodnionych nasion grochu (wilgotność około 60%) zbieranych w 25. lub 30. dniu po kwitnieniu (dpk) roślin, najpierw nieznacznie wzrastała, a następnie po osiągnięciu przez nasiona pełnej dojrzałości prawie trzykrotnie spadała i wynosiła średnio od 4,6 do 10,1 g (tab. 1).

Tabela 1

Zmiany świeżej masy (g) w dojrzewających nasionach 4 odmian grochu z trzech lat zbioru
Changes of fresh weight (g) in developing pea seeds of 4 cultivars in three years of harvest

Dni po kwitnieniu Days after flowering	Kwestor			Rubin			Agra			RAH-796		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000
25	8,3	11,3	10,4	10,7	12,9	9,6	9,4	10,5	8,3	8,6	10,6	8,6
30	9,6	12,2	9,7	11,1	12,5	11,5	9,6	11,7	6,0	10,5	11,6	4,8
35	10,9	10,6	7,5	10,7	9,3	9,6	6,2	10,2	5,6	11,3	6,1	5,9
40	10,1	5,9	5,9	8,4	5,6	6,2	5,2	5,3	4,6	8,3	6,0	4,9

NIR_{0,05} = 0,91 dla porównania jednego dpk w tym samym roku zbioru dla różnych odmian

LSD_{0,05} = 0,91 for comparison of the same daf in the same year of harvest for different cultivars

NIR_{0,05} = 0,91 dla porównania jednej odmiany w tym samym roku zbioru dla różnych dpk

LSD_{0,05} = 0,91 for comparison of the same cultivar in the same year of harvest for different daf

Akumulacja suchej masy przebiegała powoli w miarę rozwoju nasion, a otrzymane wyniki pomiarów mieściły się w granicach od 2,5 w pierwszych fazach dojrzałości do 5,5 g dla nasion dojrzałych (tab. 2). Gromadzeniu suchej masy w nasionach towarzyszył spadek wilgotności z ponad 60 do około 10%. Nasiona stopniowo osiągały dojrzałość fizjologiczną i stawały się zdolne do kiełkowania.

Tabela 2

Zmiany suchej masy (g) w dojrzewających nasionach 4 odmian grochu z trzech lat zbioru
Changes of dry matter weight (g) in developing pea seeds of 4 cultivars in three years of harvest

Dni po kwitnieniu Days after flowering	Kwestor			Rubin			Agra			RAH-796		
	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000	1998	1999	2000
25	2,5	4,1	4,2	4,0	5,0	3,5	3,3	4,1	3,8	2,8	4,3	4,1
30	3,2	5,1	5,0	4,4	5,2	4,9	3,9	4,8	4,2	4,0	4,9	3,8
35	4,7	4,8	5,3	4,9	6,4	5,6	3,9	4,8	4,4	5,0	5,2	4,6
40	4,6	5,4	5,2	5,0	5,4	5,5	3,8	4,7	4,1	4,9	5,4	4,4

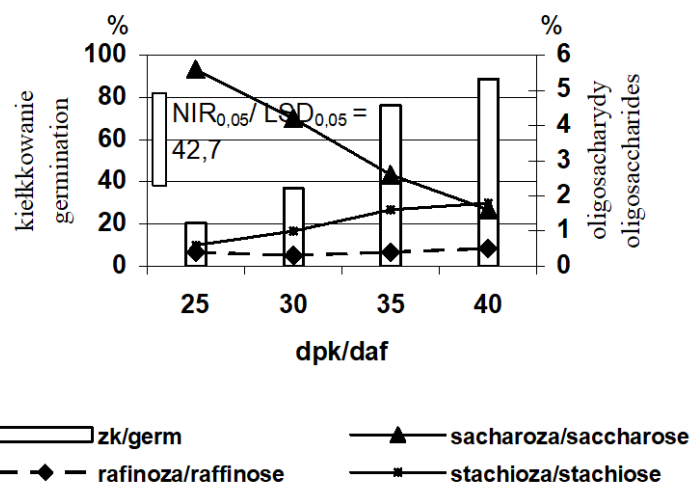
NIR_{0,05} = 0,45 dla porównania jednego dpk w tym samym roku zbioru dla różnych odmian

LSD_{0,05} = 0,45 for comparison of the same daf in the same year of harvest for different cultivars

NIR_{0,05} = 0,45 dla porównania jednej odmiany w tym samym roku zbioru dla różnych dpk

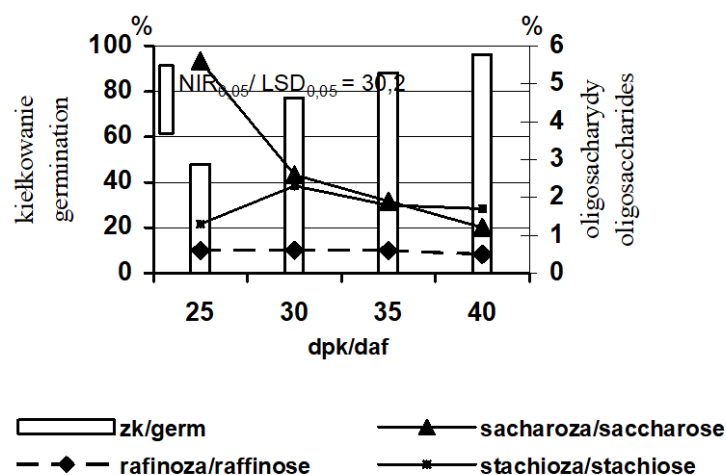
LSD_{0,05} = 0,45 for comparison of the same cultivar in the same year of harvest for different daf

Nie obserwowano istotnych różnic odmianowych, dlatego analiza wyników dotyczy najczęściej wyników średnich uzyskanych dla 4 odmian. Zdolność kiełkowania nasion w 25.dpk wynosiła od około 20% do 48% w zależności od roku zbioru. W tym czasie świeża masa nasion była jeszcze wysoka, a zawartość wody zaczęła się gwałtownie zmniejszać. Zdolność kiełkowania nasion zebranych zaledwie 5 dni później osiągała już wysokie parametry (nawet 99%) przewyższające wymagania określone w Rozporządzeniu (Dziennik Ustaw R.P., 2001) dla kwalifikowanych nasion grochu. Dojrzewające nasiona szybko traciły wodę. Różnica pomiędzy wilgotnością nasion zebranych w 25 dpk i 30 dpk wynosiła nawet 20%. Zbiór nasion w 40. dpk dla większości badanych prób przejawiał się dalszym spadkiem wilgotności — do około 10% i niewielkim już wzrostem zdolności kiełkowania (rys. 1, 2, 3). Wykazano istotny wpływ warunków atmosferycznych panujących w czasie rozwoju i dojrzewania nasion na wyniki zdolności kiełkowania, zwłaszcza na początku dojrzewania. W latach 1998 i 1999 wystąpiły wyższe opady niż w roku 2000—odpowiednio suma opadów wynosiła 109 i 115 oraz 89 mm (tab. 3). Zdolność kiełkowania nasion dojrziałych, zebranych w 1998 roku była słabsza o 10% niż uzyskana dla nasion zebranych w 2000 roku, charakteryzującym się niskimi opadami. Ponadto w roku 2000 obserwowano gwałtowny spadek wilgotności nasion pomiędzy 25. a 30. dpk i szybszy przyrost liczby nasion kiełkujących, niż w pozostałych latach. Suma średniej temperatury powietrza w tym okresie była podobna we wszystkich latach badań — 561, 678, 566°C. Mierzwińska (1971) obserwowała także, że w miarę dojrzewania nasion ich zdolność do kiełkowania wzrastała szybciej niż w pierwszych fazach dojrzałości. Nasze obserwacje dowodzą, że po upływie 35 dni od zakończenia kwitnienia roślin, nasiona mogą osiągać taką zdolność kiełkowania jak nasiona w pełni dojrzałe. Pierwsze kiełkujące nasiona (25. dpk) o wysokiej zawartości wody, które zaledwie rozpoczęły akumulację suchej masy, tylko w niewysokim procencie były zdolne do rozwoju normalnych siewek. Obserwowano wyraźny spadek udziału kiełków nienormalnych podczas oceny kiełkowania nasion dojrziałych w porównaniu do oceny prowadzonej z użyciem nasion z początkowych faz dojrzałości. Obserwacje takie dowodzą, że badane nasiona grochu, już po bardzo krótkim okresie dojrzewania, 25 dni od zakończenia kwitnienia, były wprawdzie żywotne, ale niezdolne do rozwoju w normalną roślinę.



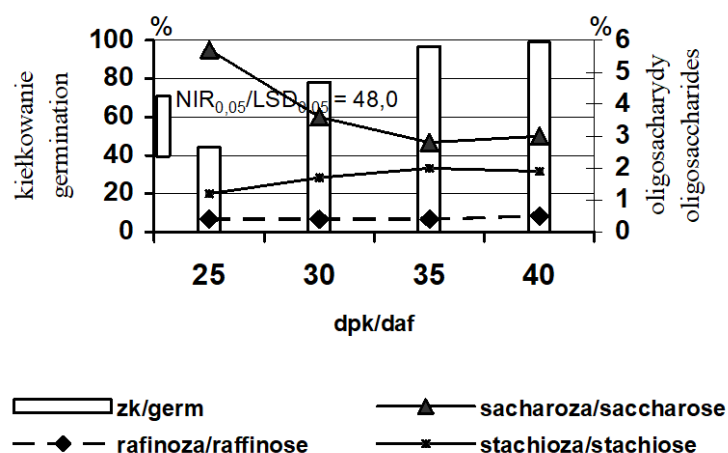
rafinoza = różnica nieistotna / raffinose = not significant
 NIR 0,05 = 0,95 dla stachiozy / LSD 0,05 = 0,95 for stachiose
 NIR 0,05 = 3,53 dla sacharozy / LSD 0,05 = 3,53 for saccharose

Rys. 1. Zawartość sacharozy, rafinozy i stachiozy oraz zdolność kiełkowania podczas dojrzewania nasion grochu w 1998 roku — średnio dla 4 odmian
Fig. 1. Content of saccharose, raffinose and stachiose and germination during pea seed development in 1998 year — average for 4 cultivars



rafinoza = różnica nieistotna / raffinose = not significant
 stachioza = różnica nieistotna / stachiose = not significant
 NIR 0,05 = 2,44 dla sacharozy / LSD 0,05 = 2,44 for saccharose

Rys. 2. Zawartość sacharozy, rafinozy i stachiozy oraz zdolność kiełkowania podczas dojrzewania nasion grochu w 1999 roku — średnio dla 4 odmian
Fig. 2. Content of saccharose, raffinose and stachiose and germination during pea seed development in 1999 year — average for 4 cultivars



sacharoza, rafinoza, stachioza = różnica nieistotna
 saccharose, raffinose, stachiose = not significant

Rys. 3. Zawartość sacharozy, rafinozy i stachiozy oraz zdolność kiełkowania podczas dojrzewania nasion grochu w 2000 roku — średnio dla 4 odmian
Fig. 3. Content of saccharose, raffinose and stachiose and germination during pea seed development in 2000 year — average for 4 cultivars

Tabela 3

Suma średniej temperatury powietrza i suma opadów w okresie rozwoju i dojrzewania nasion w 3 latach
Total of average air temperature and total rainfalls during formation and maturation of seeds in 3 years

Dni po kwitnieniu Days after flowering	1998		1999		2000		Średnia Mean	
	°C	mm	°C	mm	°C	mm	°C	mm
25	464	64	574	64	478	40	505	56
30	561	78	678	112	566	50	602	80
35	672	87	805	115	655	60	711	87
40	1002	109	936	115	884	89	941	104

W końcowym okresie dojrzewania, kiedy zdolność kiełkowania już nie wzrastała, następował spadek ogólnej zdrowotności nasion, przy czym grzyby patogeniczne występowały mniej licznie niż saprofity. Spośród zidentyfikowanych grzybów najczęściej obserwowano *Ascochyta* spp., *Botrytis cinerea*, *Cladosporium* spp., *Penicillium* spp. i *Rhizoctonia solani* (tab. 4). Nasiona dojrzałe charakteryzowały się liczną mikroflorą. Jedynie w roku 1998 obserwowano więcej mikroorganizmów na nasionach zebranych o 10 dni wcześniej (60,6%) niż na nasionach dojrzałych. Grzyby z rodzaju *Ascochyta* uważane są obok *Botrytis cinerea* i *Fusarium* spp. za główne patogeny grochu. Nasze obserwacje dowodzą, że *Ascochyta* spp. liczniej występuje na nasionach zebranych w 25. dpk (7,9%) i 30. dpk (10%) niż na nasionach dojrzałych (4%). Porażone nasiona stanowią główne źródło infekcji pierwotnej, a patogeny *Ascochyta* spp. mogą przetrwać na nasionach do 12 lat dopóty, dopóki nasiona zachowują żywotność (Hawett, 1987).

Tabela 4

Występowanie mikroorganizmów (średnia liczba kolonii/100 nasion) na dojrzewających nasionach grochu z 3 lat zbioru
Occurrence of microorganisms (mean number of colonies/100 seeds) on developing pea seeds in 3 years of harvest

Gatunek Species	Dni po kwitnieniu Days after flowering															
	25				30				35				40			
	1998	1999	2000	średnia mean	1998	1999	2000	średnia mean	1998	1999	2000	średnia mean	1998	1999	2000	średnia mean
<i>Alternaria alternata</i> (Fr.) Keissler	0,4	3,1	1,9	1,8	2,6	1,9	1,6	2,0	3,0	5,6	4,5	4,4	1,5	22,1	39,1	20,9
<i>Ascochyta</i> spp.	2,1	21,5	—	7,9	4,6	25,2	—	10,0	3,4	5,9	0,1	3,1	1,4	10,0	0,5	4,0
<i>Aspergillus</i> spp.	—	—	2,9	1,0	0,1	0,5	3,4	1,3	—	0,3	0,3	0,2	—	1,0	0,4	0,5
<i>Botrytis cinerea</i> Pers. ex Fr.	10,5	9,3	0,3	6,7	8,9	4,5	—	4,5	4,6	6,4	0,3	3,8	4,8	3,3	0,9	3,0
<i>Cladosporium</i> spp.	3,8	7,6	7,4	6,3	4,5	7,1	3,1	4,9	4,9	10,9	4,6	6,8	4,9	7,8	8,1	6,9
<i>Fusarium</i> spp.	0,8	1,0	0,4	0,7	1,0	0,8	0,3	0,7	2,8	3,1	0,3	2,0	1,9	11,3	2,5	5,2
<i>Mucor</i> spp.	1,1	1,1	1,0	1,1	1,4	1,3	—	0,9	1,0	0,1	0,3	0,5	3,3	0,3	2,0	1,8
<i>Penicillium</i> spp.	0,3	2,3	5,8	2,8	1,6	4,3	8,1	4,7	0,4	2,1	4,1	2,2	—	5,3	1,0	2,1
<i>Phoma pinodella</i> Jones	0,3	2,5	—	0,9	2,3	1,8	—	1,3	0,4	0,4	—	0,3	—	1,8	0,1	0,6
<i>Rhizoctonia solani</i> Kühn.	5,9	4,0	—	3,3	9,3	0,5	—	3,3	4,4	1,6	—	2,0	4,3	0,6	—	1,6
<i>Sclerotinia sclerotiorum</i> (Lib.) de Bary	2,0	0,5	—	0,8	1,4	0,6	—	0,7	0,3	0,6	0,1	0,3	1,1	—	—	0,4
Inne saprofity Other saprophytes	1,5	3,6	0,3	1,8	2,2	3,1	0,7	2,0	2,9	3,6	1,4	2,6	2,0	4,7	13,0	6,6
Bakterie Bacteria	18,3	21,3	5,1	14,9	20,8	10,4	3,8	11,6	11,1	8,8	3,0	7,6	9,3	12,6	2,1	8,0
Ogółem Total	46,7	77,7	24,9	49,8	60,6	61,8	21,0	47,8	39,0	49,3	18,9	35,7	34,2	80,6	69,8	61,5

Obok *Ascochyta* spp. obserwowano grzyb *Phoma pinodella* (około 2%). Oba te patogeny są często przyczyną zgorzeli siewek grochu (Marcinkowska i Szyrmer, 1992). Występowanie grzyba *Botrytis cinerea*, wywołującego szarą pleśń grochu, w miarę dojrzwania nasion spadało z około 7% do 3%. Patogen ten częściej występował na nasionach w 1998 roku i 1999 roku zbioru niż w suchym roku 2000. Inne grzyby, w tym *Fusarium* spp. obserwowano na nasionach dojrzałych i suchych o wysokiej zdolności kiełkowania.

W początkowym okresie dojrzwania (25 dpk) nasiona zawierały najwięcej oligosacharydów — około 7%, a ich udział w nasionach dojrzałych spadł o połowę (rys. 1, 2, 3). Piotrowicz-Cieślak i wsp. (1993) donoszą za innymi autorami, że spadek zawartości cukrów w nasionach warunkuje uzyskiwanie przez nie wysokiego wigoru. Zgromadzenie w zarodkach nasion soi stachiozy było powodem uzyskania tolerancji na wysychanie. Wysoki poziom oligosacharydów zmniejszał się nawet dwukrotnie w miarę rozwoju nasion (Piotrowicz-Cieślak i in., 1993). Jednakże związek oligosacharydów z żywotnością, a zwłaszcza ze zdrowotnością nasion jest bliżej nieznany. Z naszych badań wynika, że największy spadek zawartości oligosacharydów przebiegał pomiędzy 25. a 35. dpk, dotyczył głównie sacharozy i nie był zależny od roku zbioru nasion. Warto zaznaczyć, że początkowo (25 dpk) zasadniczym składnikiem była sacharoza (około 5%), stachioza stanowiła od 0,6 do 1,3%, a rafinoza zaledwie 0,5% w suchej masie nasion. Zawartość sacharozy pomiędzy 25 a 35 dpk zmniejszyła się o ponad połowę. Poziom rafinozy był raczej stabilny, a stachiozy niejednolity przez cały czas dojrzwania nasion. W tym czasie następowało intensywne gromadzenie suchej masy i wzrost zdolności kiełkowania. Uzyskane wyniki sugerują występowanie związku pomiędzy zmniejszaniem się zawartości oligosacharydów, zwłaszcza sacharozy, a żywotnością i zdolnością do kiełkowania. Mierzwinska (1971) obserwowała równoległe zmniejszanie poziomu sacharozy i wzrost zawartości skrobi w dojrzewających nasionach bobiku oraz wykazała, że w pełni dojrzałe nasiona zawierały śladowe ilości cukrów redukujących. Należy zaznaczyć, że Mierzwinska (1971) prowadziła badania z użyciem nasion we wczesnej dojrzałości fizjologicznej. Podobne obserwacje poczynił Piotrowicz-Cieślak i wsp. (1993) wskazując na ścisły związek spadku poziomu sacharozy w nasionach łubinu żółtego z ich żywotnością i wigorem. Nasze badania potwierdzają, że spadek poziomu sacharozy, wiąże się ze wzrostem zdolności nasion do kiełkowania, a wraz z dojrzewaniem nasion następuje wzrost liczby mikroorganizmów, głównie niepatogenicznych, przy jednoczesnym zmniejszaniu się porażenia przez patogeny *Ascochyta* spp. i *Botrytis cinerea*.

WNIOSKI

1. Podatność nasion grochu na porażenie przez grzyby patogeniczne, malała wraz ze wzrostem zdolności kiełkowania, chociaż ta zależność była związana z warunkami dojrzewania.
2. Spadek poziomu sacharozy w nasionach grochu wiązał się ze wzrostem zdolności kiełkowania i spadkiem udziału nasion nienormalnie kiełkujących.

3. Poziom rafinozy był raczej stabilny, a stachiozy niejednolity przez cały czas dojrzewania nasion.

LITERATURA

- Bach-Knudsen K. E., Li B. W. 1991. Determination of oligosaccharides in protein-rich feedstuffs by gas-liquid chromatography and high-performance liquid chromatography. *J. Agric. Food Chemistry*. 39: 689 — 694.
- Barnett H. L. 1960. Illustrated genera of imperfect fungi. Burgess Pub. Company. Minneapolis: 1 — 225.
- Dziennik Ustaw RP. Warszawa, dnia 3 października 2001 r. Nr 108. Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 14 sierpnia 2001: 7965 — 7966.
- Elandt R. 1964. Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczeń rolniczych. PWN Warszawa
- Ellis M. B. 1971. Dematiaceous Hyphomycetes. Commonwealth Mycological Institute. Kew, Surrey, England.
- Grzesiuk S., Kulka K. 1981. Fizjologia i biochemia nasion. PWRiL, Warszawa: 605 pp.
- Hawett P. D. 1987. Pathogen viability of seed in deep — freeze storage. *Seed Sci. Technol.* 15: 73 — 77.
- International Seed Testing Association. 1996. International Rules For Seed Testing. *Seed Sci. Technol.* 24, Suppl.: 335 pp.
- Kwaśna H., Chełkowski J., Zajowski P. 1991. Flora Polska T. XXII. Grzyby niedoskonałe. Strzępczakowe. Gruźelkowate. Sierpik (*Fusarium*) PAN, Warszawa-Kraków: 1 — 158.
- Lahuta L., Rejowski A., Górecki R. J. 1993. Gromadzenie węglowodanów w dojrzewających nasionach bobiku. "Znaczenie jakości materiału siewnego w produkcji roślinnej". *Konf. Nauk. PAN, SGGW, Warszawa 23–24 IX 1993*.
- Marcinkowska J., Szyrmer J. 1992. Etiologia zgorzeli siewek grochu ozimego (*Pisum sativum* L. var. *arvense* (L.) Poir.). *Biul. IHAR* 184: 89 — 92.
- Marquardt R. R. 1986. Future potential for use in animal feeds. In: *World crops: cool season food legumes*. Publisher Martinus Nijhoff/Dr. W. Junk, Dordrecht.
- Mierzwińska T. 1971. Zmiany biochemiczne w dojrzewających nasionach bobiku w czasie osiągnięcia wczesnej dojrzałości fizjologicznej. *Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol.* 113: 97 — 110.
- Piotrowicz-Cieślak A. I., Górecki R. J., Fordoński G. 1993. Związek pomiędzy żywotnością a wigorem dojrzewających nasion łubinu żółtego a ich metabolizmem węglowodanowym. "Znaczenie jakości materiału siewnego w produkcji roślinnej". *Konf. Nauk. PAN, SGGW, Warszawa 23–24 IX 1993*.

PODZIĘKOWANIE

Autorki dziękują Panu dr. Lechowi Borosowi i współpracownikom za pomoc przy wyborze materiału doświadczalnego i zakładaniu doświadczeń polowych.

KRYSTYNA KOLASIŃSKA

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Związek pomiędzy wartością siewną a składem chemicznym dojrzewających nasion grochu (*Pisum sativum* L. ssp. *sativum*)

Część II. Zmiany wigoru, zawartości białka i skrobi w czasie rozwoju i dojrzewania nasion grochu

Relationships between seed sowing value and chemical content of maturing pea seeds (*Pisum sativum* L. ssp. *sativum*)

Part II. Changes of seed vigour and protein and starch content during development and maturation of pea seeds

Celem podjętych badań była ocena dynamiki gromadzenia białka i skrobi w dojrzewających nasionach grochu w powiązaniu z wigorem nasion. Do doświadczeń użyto nasion 4 odmian grochu zebranych w latach 1998, 1999 i 2000. Nasiona pobierano co 5 dni, począwszy od 25 dnia po kwitnieniu roślin (dpk), aż do pełnej dojrzałości. Oznaczano wilgotność, wigor nasion i wschody polowe roślin. Analizowano zawartość skrobi i białka. Poziom skrobi (około 15%) i białka (około 9%) w nasionach niedojrzałych był niski i wyraźnie rósł po osiągnięciu przez nasiona pełnej dojrzałości (ponad 35 i 22%). W końcowym okresie dojrzewania kiedy nie wykazano już wzrostu zdolności kiełkowania następował dalszy wzrost wigoru nasion. Nasiona dojrzałe niezależnie od odmiany i roku zbioru wydawały siewki o najwyższym wigorze. Stwierdzono brak przydatności testu konduktometrycznego do określania wigoru nasion niedojrzałych. Stopień dojrzałości, a więc żywotność i zdolność kiełkowania wysiewanych nasion były czynnikami decydującymi o liczbie wschodów roślin. Nasiona grochu osiągały wysoką wartość siewną wcześniej zanim nagromadziły maksymalną ilość skrobi i białka.

Słowa kluczowe: białko, groch, skrobia, wigor

The objective of this study was to investigate the changes in protein and starch accumulation during seed development and their relationships with seed vigour. Plants of four pea cultivars were grown from seeds harvested in 1998, 1999 and 2000. Seeds from these plants were collected every 5 days, beginning on the 25th day after flowering (daf) until seed maturation was completed. Seed moisture and vigour were evaluated. A content of protein and starch in the seeds was determined. In the following season, field emergence of plants was assessed. At the end of maturation, no increase in germination

ability was noticed, whereas seed vigour continued to enhance. Seedlings produced by mature seeds showed great vigour, irrespective of plant cultivar and the year of harvesting. A conductivity test was found to be rather useless in evaluation of vigour of immature seeds. The effects of maturation viability and seed germination ability upon the dynamics of field emergence were found to be of substantial significance. Pea seeds achieved a high value as potential seed material prior to accumulation of protein and starch to the maximum content.

Keywords: pea, protein, starch, vigour

WSTĘP

Zmiany wartości siewnej nasion w okresie rozwoju i dojrzewania są wynikiem przemian zachodzących w składzie chemicznym (Grzesiuk i Kulka, 1981). W nasionach występują węglowodany i ich pochodne, białka, a także tłuszcze. Skrobia jest jednym z najczęściej spotykanych związków zapasowych, a białka stanowią ważny składnik nasion o wysokiej wartości odżywczej. Gromadzenie związków zapasowych przebiega w kilku etapach ściśle związanych z powstawaniem i dojrzewaniem nasion. Na początku formowania się nasion dominującym składnikiem są związki łatwo rozpuszczalne, których zawartość gwałtownie spada w miarę dojrzewania (Kolasińska i Wiewióra, 2003). W końcowym etapie dojrzewania powstają polisacharydy i białka. W dotychczasowych badaniach nad gromadzeniem związków chemicznych w dojrzewających nasionach roślin strączkowych wiele uwagi poświęcono białkom, węglowodanom, a w tym oligosacharydom. Związki te pełnią różnorakie funkcje w kształtowaniu właściwości fizjologicznych dojrzewających nasion. Dowiedziono, że stachioza występująca w nasionach soi warunkuje tolerancję na wysychanie i uzyskiwanie przez nie wysokiego wigoru (cyt. za Piotrowicz-Cieślak i in., 1993). Przebieg syntezy tych związków i ich znaczenie u odmian różnych gatunków uprawianych w Polsce jest rozpoznawany. Badania z tego zakresu były prowadzone na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim (Lahuta i in., 1993; Piotrowicz-Cieślak i in., 1993).

Celem prowadzonych badań była ocena dynamiki gromadzenia białka i skrobi w dojrzewających nasionach czterech odmian grochu w powiązaniu z wigorem nasion i wschodami roślin w polu.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia prowadzone są z użyciem nasion 4 odmian grochu Kwestor, Rubin, Agra i RAH-796 zebranych w latach 1998, 1999 i 2000. Nasiona do badań pozyskiwano co 5 dni począwszy od 25 dnia po kwitnieniu (dpk) aż do pełnej dojrzałości, ze strąków położonych na 1, 2 i 3 piętrze na roślinie. Zaraz po zbiorze oznaczano wilgotność i wigor nasion (ISTA, 1995, 1996), a na wiosnę (po przechowywaniu) oceniano wschody roślin. Wigor nasion mierzono przy użyciu testu Perry'ego i metody konduktometrycznej. Test Perry'ego pozwolił ocenić liczbę i tempo rozwoju siewek oraz szybkość gromadzenia w nich suchej masy. Mierzenie przewodności elektrycznej roztworu powstałego po moczeniu nasion uwzględniające przepuszczalność błon komórkowych, pozwoliło zmierzyć uszkodzenia i mikrouszkodzenia liścieni, osi zarodkowej oraz okrywy nasiennej.

Zawartość białka oznaczano metodą Kiejdahla, skrobi zaś metodą enzymatyczną, stosując amyloglukozydazę (Bach-Knudsen i Li, 1991). Błąd różnicy średnich pomiędzy uzyskanymi wynikami został oszacowany przy zastosowaniu testu Tukeya (Elandt, 1964).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wigor nasion mierzony przyrostem długości siewek i ilością zgromadzonej w nich suchej masy wyraźnie zmieniał się w trakcie dojrzewania. Nie dało się zauważyć istotnych różnic odmianowych, dlatego w tabeli przedstawiono wyniki średnie uzyskane dla 4 odmian. Nasiona niedojrzałe (25.dkp) o słabej zdolności kiełkowania, wysokiej zawartości wody, które zaledwie rozpoczęły akumulację suchej masy, wydawały siewki krótkie. Długość epikotyli wynosiła od 19,2, i 35,8 do 91,5 mm odpowiednio w 1998, 1999 i 2000 roku zbioru a długość korzenia od 29,5 i 80,3 do 123,1 mm. Po upływie 10 dni następował dynamiczny wzrost wigoru nasion, o czym świadczy tempo przyrostu długości siewek i gromadzenia w nich suchej masy. W tym terminie (35.dkp) otrzymano wartości wysokie, podobne do otrzymanych podczas analizy nasion w pełni dojrzałych. W końcowym okresie dojrzewania kiedy nie obserwowano już wzrostu zdolności kiełkowania następował dalszy wzrost wigoru nasion. Dojrzałe nasiona (40.dkp) wydawały siewki o długości od 137,4 do 191,0 i od 207,3 do 245,4 mm odpowiednio dla epikotyli i korzenia pierwotnego. Ilość zgromadzonej suchej masy w siewkach, w zależności od roku zbioru, wynosiła od 0,05, do 0,35 i od 0,78, do 1,47g odpowiednio dla nasion zbieranych w pierwszych fazach dojrzałości i dla nasion dojrzałych. Nasiona dojrzałe, niezależnie od odmiany i roku zbioru, wydawały siewki najdłuższe i gromadziły w nich najwięcej suchej masy. Nasiona zebrane w 1998 roku wydawały najkrótsze siewki o najniższej zawartości suchej masy, różnica istotna statystycznie (tab. 1).

Tabela 1

Długość i sucha masa siewek grochu w zależności od fazy dojrzałości nasion i roku zbioru — średnio dla 4 odmian

Length and dry matter weight of seedlings depending on seed maturation stage and the year of harvest — average for 4 cultivars

Dpk Daf	Długość siewek Length of seedlings (mm)								Sucha masa siewek Dry matter weight of seedlings (g)			
	epikotyl epicotyl				korzeń root							
	1998	1999	2000	NIR _{0,05} LSD _{0,05}	1998	1999	2000	NIR _{0,05} LSD _{0,05}	1998	1999	2000	NIR _{0,05} LSD _{0,05}
25	19,2	35,8	91,5	12,5	29,5	80,3	123,1	16,8	0,05	0,20	0,35	0,17
30	64,2	51,2	143,9	12,5	109,8	113,9	184,2	16,8	0,21	0,37	0,94	0,17
35	118,0	178,2	190,1	12,5	166,7	223,4	229,7	16,8	0,54	1,32	1,31	0,17
40	137,4	165,6	191,0	12,5	207,3	245,4	233,4	16,8	0,78	1,47	1,37	0,17
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	13,0	13,0	13,0		17,4	17,4	17,4		0,17	0,17	0,17	

Podobnie zdolność kiełkowania nasion zebranych w 1998 roku była słabsza niż w pozostałych latach (Kolasińska i Wiewióra, 2003). Elektroprzewodnictwo wód

nastoinowych uzyskane po moczeniu nasion niedojrzałych wynosiło od 10 do 13 $\mu\text{S}/\text{cm}/\text{g}$, a dla nasion dojrzałych istotnie wzrastało (1999 i 2000 rok zbioru) albo spadało prawie dwukrotnie (w 1998 roku zbioru) (tab. 2). Uzyskane wyniki są niejednolite, a ponadto niezgodne z wynikami oceny wzrostu siewek. Analiza tempa wzrostu epikotyli i korzenia głównego, dowodzi o wzroście wigoru siewek wyrosłych z nasion dojrzałych w stosunku do tempa wzrostu siewek rozwijających się z nasion niedojrzałych. Na podstawie przeprowadzonych badań można stwierdzić, że test konduktometryczny wydaje się być mało przydatny dla oceny wigoru niedojrzałych nasion grochu. Obserwacja ta jest zgodna z badaniami Lahuty i wsp. (1993) wykazującymi brak zgodności testu konduktometrycznego z innymi testami określającymi wigor dojrzewających nasion grochu.

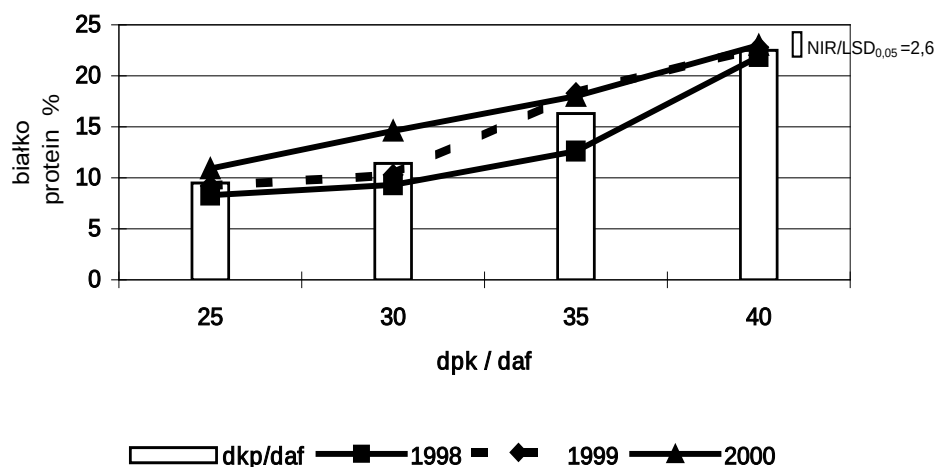
Tabela 2

Elektroprzewodnictwo wód nastoinowych dojrzewających nasion grochu z trzech lat zbioru — średnio dla 4 odmian

The electrical conductivity of developing pea seeds in three years of harvest — average for 4 cultivars

dpk daf	Elektroprzewodnictwo Conductivity ($\mu\text{S}/\text{cm}/\text{g}$)			
	1998	1999	2000	NIR _{0,05} LSD _{0,05}
25	13	11	13	0,54
30	10	10	11	0,54
35	6	8	9	0,54
40	5	14	21	0,54
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	0,56	0,56	0,56	

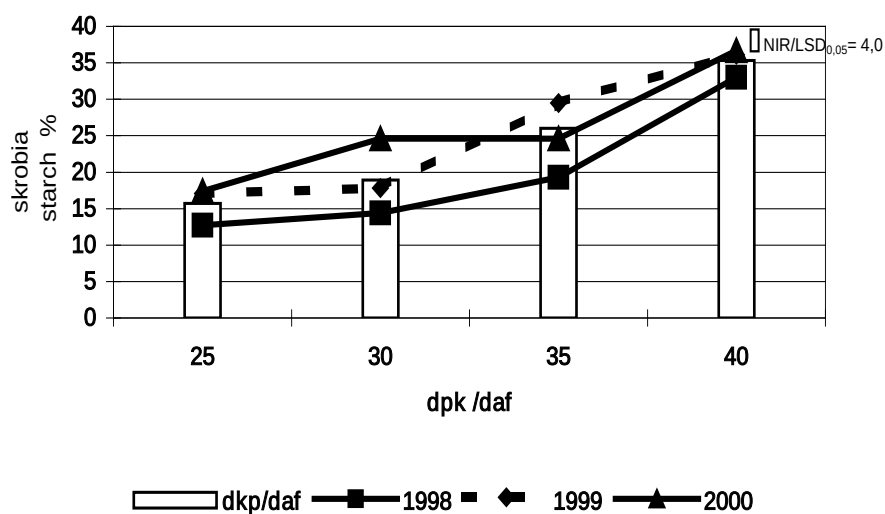
W tym czasie, kiedy następowało intensywne gromadzenie suchej masy w nasionach, wzrastała zdolność kiełkowania i wigor, a poziom oligosacharydów spadał, przy czym ilość sacharozy zmniejszała się prawie trzykrotnie (Kolasińska i Wiewióra, 2003). Natomiast gromadzenie w nasionach białka i skrobi następowało przez cały czas dojrzewania nasion. Nie wykazano wyraźnych różnic w szybkości gromadzenia tych związków pomiędzy badanymi odmianami. Ilość białka w początkowym okresie dojrzewania (25.dkp) była niska i wynosiła około 10% oraz wyraźnie wzrosła po osiągnięciu przez nasiona pełnej dojrzałości — do ponad 22% (rys. 1). Nie wykazano istotnych różnic statystycznych w szybkości gromadzenia białka w kolejnych latach badań. W dojrzewających nasionach grochu, w podobnym tempie jak gromadzenie białka następowało gromadzenie skrobi. Niedojrzałe nasiona zawierały około 16% skrobi, a nasiona dojrzałe ponad dwa razy więcej — 35% (rys. 2). Warto podkreślić, że w naszych badaniach akumulacja białka i skrobi wiązała się ze wzrostem zdolności kiełkowania i wigoru nasion. Ostatni etap dojrzewania nasion to również czas powstawania związków bardziej złożonych jak polisacharydy i białka (Grzesiuk i Kulka, 1981). Mierzwińska (1971) wykazała, że w pełni dojrzałe nasiona bobiku zawierały bardzo dużo skrobi (powyżej 40%), a śladowe ilości cukrów redukujących. W naszych badaniach spadek zawartości oligosacharydów łączył się ze wzrostem zawartości skrobi.



$NIR_{\alpha=0.05}$ — dla współdziałania dtk X rok zbioru — nieistotne

$LSD_{\alpha=0.05}$ — for interaction dtk X year — not significant

Rys. 1. Zawartość białka podczas dojrzewania nasion grochu w 3 latach zbioru — średnio dla 4 odmian
Fig. 1. Content of proteins during pea seed development in 3 years of harvest — average for 4 cultivars



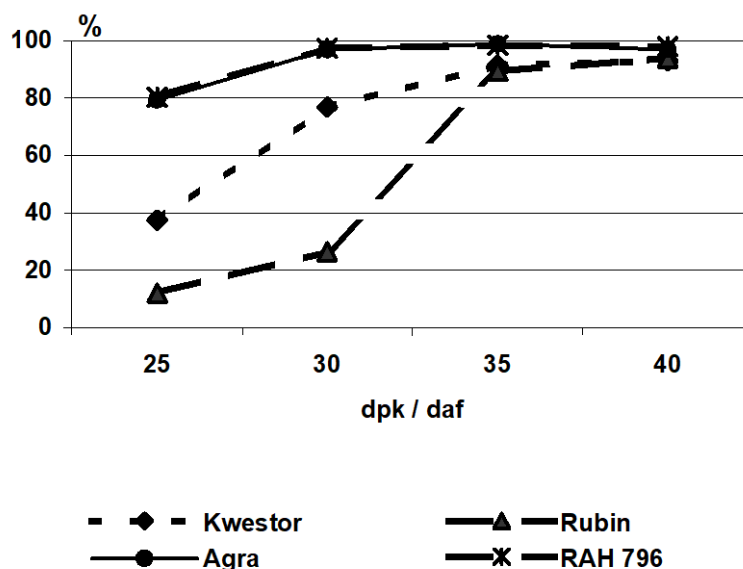
$NIR_{\alpha=0.05}$ — dla współdziałania dtk X rok zbioru — nieistotne

$LSD_{\alpha=0.05}$ — for interaction dtk X year — not significant

Rys. 2. Zawartość skrobi podczas dojrzewania nasion grochu w 3 latach zbioru — średnio dla 4 odmian
Fig. 2. Content of starch during pea seed development in 3 years of harvest — average for 4 cultivars

Oligosacharydom przypisuje się funkcję materiału zapasowego, który jako pierwszy zostaje zużywany przez kiełkujące nasiona (cyt. za Lahutą i in., 1993). Dojrzałe nasiona bobiku według Lahuty i wsp. (1993) zawierały od 40–45% skrobi więcej niż nasiona niedojrzałe i akumulacja tego związku wiązała się ściśle ze wzrostem żywotności i wigoru nasion. W naszych badaniach nasiona o wysokiej zdolności kiełkowania i najwyższym wigorze charakteryzowały się najwyższą zawartością białka. Pokojńska (1999) obserwowała także, jak w czasie dojrzewania nasion bobiku wzrostowi wartości siewnej towarzyszył wzrost zawartości białka.

Niedojrzałe nasiona grochu cechowała duża nierównomierność wschodów polowych. W przypadku stosowania do siewu nasion niedojrzałych (25.dpk), wschody roślin wahały się od 12 do 80,5%, przy czym znacznie wyższe wyniki uzyskano dla odmian wąsolistnych (Agra i RAH 796) niż liściastych (Kwestor i Rubin). Dwukrotny wzrost wschodów dla odmian liściastych stwierdzono, wtedy gdy do siewu użyto nasion zbieranych 5 dni później — w 30.dpk (rys. 3).



- a) $NIR_{0.05} = 4,6$ dla porównania różnego dpk w jednym roku zbioru
 $LSD_{0.05} = 4,6$ for comparison of different daf in the same year of harvest
 b) $NIR_{0.05} = 4,4$ dla porównania jednego dpk w różnych latach
 $LSD_{0.05} = 4,4$ for comparison of the same daf in different years of harvest

Rys. 3. Wschody polowe roślin w zależności od stanu dojrzałości wysiewanych nasion grochu z 3 lat zbioru — średnio dla 4 odmian

Fig. 3. Field emergence depending on a maturation stage of pea seeds harvested in 3 years — average for 4 cultivars

Jednak najwyższe wschody roślin od 75 do 96% otrzymano, wtedy gdy wysiewano nasiona dojrzałe morfologicznie, których zarówno zdolność kiełkowania jak też wigor były

wysokie. Stopień dojrzałości, zdolność kiełkowania i wigor wysiewanych nasion były czynnikami decydującymi o liczbie wschodów roślin.

WNIOSKI

1. Wzrost zawartości białka i skrobi w nasionach grochu wiązał się ze stopniem dojrzałości oraz ze wzrostem wigoru nasion i wschodami roślin w polu.
2. Wysoką wartość siewną nasiona grochu osiągały wcześniej zanim nagromadziły maksymalną ilość białka i skrobi.

LITERATURA

- Bach-Knudsen K. E., Li B. W. 1991. Determination of oligosaccharides in protein-rich feed stuffs by gas-liquid chromatography and high-performance liquid chromatography. *J. Agr. Food Chem.* 39: 689 — 694.
- Grzebiuk S., Kulka K. 1981. *Fizjologia i biochemia nasion*. PWRiL, Warszawa: 605 ss.
- International Seed Testing Association. 1995. Vigour Test Committee. 1995. Seed Vigour Testing Seminar. Copenhagen, Denmark June 7, 1995. H. A. van Venter. ed. ISTA Zuerich, Switzerland.
- International Seed Testing Association. 1996. International Rules For Seed Testing. *Seed Sci. Technol.*, 24, Supplement. pp. 335.
- Kolasińska K., Wiewióra B. 2003. Związek pomiędzy wartością siewną a składem chemicznym dojrzewających nasion grochu (*Pisum sativum* L. ssp. *sativum*). Część I. Zmiany zdolności kiełkowania, zdrowotności i zawartości oligosacharydów w czasie rozwoju i dojrzewania nasion grochu. *Biul. IHAR* 226/227: 463 — 471.
- Lahuta L., Rejowski A., Górecki R. J. 1993. Gromadzenie węglowodanów w dojrzewających nasionach bobiku. *Mat. Konf. PAN, SGGW, "Znaczenie jakości materiału siewnego w produkcji roślinnej"*. *Konf. Nauk. Warszawa* 23–24 IX 1993.
- Mierzwińska T. 1971. Zmiany biochemiczne w dojrzewających nasionach bobiku w czasie osiągnięcia wczesnej dojrzałości fizjologicznej. *Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol.* 113: 97 — 110.
- Piotrowicz-Cieślak A. I., Górecki R. J., Fordoński G. 1993. Związek pomiędzy żywotnością i wigorem dojrzewających nasion łubinu żółtego a ich metabolizmem węglowodanowym. *Mat. Konf. PAN, SGGW, "Znaczenie jakości materiału siewnego w produkcji roślinnej"*. *Konf. Nauk. Warszawa* 23–24 IX 1993.
- Pokojska H. 1999. Dojrzałość fizjologiczna nasion bobiku (*Vicia faba* L. var *minor*) oraz związek między ich dojrzałością a zdolnością kiełkowania, wigorem oraz zawartością białka i tanin. *Biul. IHAR* 212: 227 — 236.

PODZIĘKOWANIE

Dziękuję Panu dr Lechowi Borosowi i współpracownikom za pomoc przy wyborze materiału doświadczalnego i zakładaniu doświadczeń polowych.

LECH BOROS

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie

Ocena współzależności wybranych cech ilościowych determinujących plon nasion u grochu siewnego (*Pisum sativum* L.), fasoli karłowej (*Ph. vulgaris* L.) i soi (*Glycine max* L. Merrill.)

Evaluation of interrelations among some quantitative traits related to seed yield in pea (*Pisum sativum* L.) dry bean (*Ph. vulgaris* L.) and soybean (*Glycine max* L. Merrill.)

Przeprowadzono analizę współczynników ścieżek dla cech ilościowych determinujących plon nasion u trzech gatunków roślin strączkowych. Stwierdzono duże podobieństwo we współzależnościach cech u badanych gatunków. Najwyższy bezpośredni wpływ na plon nasion u grochu, fasoli i soi miała liczba nasion z rośliny. Niższe dodatnie bezpośrednie efekty stwierdzono dla liczby strąków z rośliny i masy 1000 nasion. Na wysoką wartość współczynników korelacji fenotypowej liczby strąków z rośliny z plonem nasion składały się duże bezpośrednie efekty liczby strąków z rośliny oraz wysokie efekty pośrednie liczby nasion z rośliny. W przypadku, gdy celem selekcji jest podwyższenie plonowania, zarówno liczba nasion z rośliny, jak i MTN powinny być uwzględniane jednocześnie.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, fasola, groch, korelacje fenotypowe, soja

Path coefficient analysis of some quantitative traits related to seed yield was performed for three leguminous species. The high similarities of interrelations among the tested traits were found for these species. Of the yield components, seeds number per plant had the highest direct effect upon yield. Lower direct effects of pods per plant and 1000 seed weight (TSW) on seed yield were recorded. The high phenotypic correlation of pods per plant with seed yield was due to the large indirect effect of seed number per plant. In developing higher yielding genotypes of pea, dry bean and soybean the number of seeds per plant, TSW and pods number per plant should be considered jointly.

Key words: dry bean, pea, path coefficient analysis, phenotypic correlation, soybean

WSTĘP

Nasiona roślin strączkowych są źródłem taniego o wysokiej wartości biologicznej białka a także znaczącym źródłem składników mineralnych, błonnika, witamin głównie

z grupy B, a w przypadku soi również oleju o dużym procentowym udziale NNKT w ogólnej ilości kwasów tłuszczowych. Liczba odmian w Rejestrze COBORU i ich wartość gospodarcza świadczy o istotnym postępie w hodowli grochu, soi i fasoli dla warunków Polski (Boros i in., 1996; Boros i in., 2000; Boros i in., 2001; Milczyńska, 2001; Szyrmer i Boros, 1997; Szyrmer i Boros, 2001; Święcicki i Wiatr, 1997; Wiatr, 2000). Dalsze prace hodowlane koncentrują się na poprawie odporności na choroby, tolerancji na stresy, głównie jednak na poprawie plonu nasion. Plon nasion jest wypadkową działania różnych czynników w okresie wzrostu i rozwoju roślin, które ostatecznie kształtują składowe tej cechy. Najwyższy plon uzyskuje się, gdy poszczególne komponenty plonu osiągną maksymalne wartości. W rzeczywistości negatywne związki pomiędzy komponentami plonu wynikające z wewnętrznej konkurencyjności ograniczają taką możliwość. Znajomość współzależności pomiędzy cechami warunkującymi produktywność jest zatem niezbędna w pracach hodowlanych. Współczynniki korelacji charakteryzujące liniową zależność pomiędzy dwiema zmiennymi nie wystarczają do właściwej interpretacji wyników prac selekcyjnych w hodowli. Wskazany jest wyznaczenie bezpośrednich i pośrednich efektów określonych cech na plon nasion.

Celem przeprowadzonych badań była analiza związków pomiędzy cechami oraz oszacowanie bezpośredniego i pośredniego wpływu wybranych cech, w tym komponentów plonu, na plon nasion u trzech gatunków roślin strączkowych, tj., grochu, soi i fasoli.

MATERIAŁ I METODY

Analiza współzależności pomiędzy wybranymi cechami plonotwórczymi była prowadzona na 81 liniach rekombinacyjnych grochu siewnego, 20 genotypach fasoli i 19 genotypach soi, badanych w odrębnych doświadczeniach IHAR Radzików, założonych metodą bloków losowanych w trzech powtórzeniach dla grochu i dwóch dla pozostałych gatunków. Wysiewano 110 nasion grochu, 40 nasion fasoli i 80 nasion soi o pełnej wartości siewnej na 1 m². Rozstawa rzędów dla fasoli i soi wynosiła — 30 cm, a dla grochu — 20 cm. Zastosowano zabiegi uprawowe typowe dla tych gatunków. Chwasty niszczone chemicznie stosując herbicydy doglebowe w przypadku grochu Topogard, Treflan i Afalon na soję, a Stomp na fasolę. W miarę potrzeby stosowano również herbicydy powschodowe (Basagram i Fusilade). Wykonano opisy biometryczne dojrzałych roślin, wybranych losowo z każdego powtórzenia. Dla 20 roślin każdego genotypu fasoli i grochu oraz 40 roślin soi określono: wysokość rośliny, liczbę strąków z rośliny, liczbę nasion z rośliny, liczbę nasion w strąku, masę tysiąca nasion i plon nasion z rośliny. Korelacje fenotypowe pomiędzy badanymi cechami obliczono według standardowej procedury. Analizę ścieżek wykonano zgodnie z procedurą zaproponowaną przez Dowey i Lu (1959) z wykorzystaniem programu opracowanego przez Grabowskiego (Idźkowska i in., 1993).

WYNIKI I DYSKUSJA

Badane populacje linii grochu, fasoli i soi wykazały istotne zróżnicowanie genotypowe pod względem większości badanych cech. Analiza korelacji fenotypowych dla grochu oraz fasoli karłowej na suche nasiona wykazała dodatni wpływ wszystkich badanych cech na plon nasion z rośliny (tab. 1 i tab. 2). U grochu, na osiem cech, siedem istotnie dodatnio korelowało z plonem nasion. Najwyższe współczynniki korelacji otrzymano dla liczby nasion, liczby strąków, liczby węzłów owocujących na roślinie oraz liczby nasion w strąku a plonem nasion (tab. 1).

Tabela 1

Bezpośredni i pośredni wpływ badanych cech na plon nasion z rośliny u grochu
Direct and indirect effects of the studied characters on seed yield in pea

Cechy Traits		X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆	X ₇	X ₈
Wysokość roślin Plant height	x ₁	0,030	-0,001	0,012	0,011	0,009	0,006	-0,002	0,002
Wyleganie III Lodging prior to harvest	x ₂	-0,001	0,008	-0,000	-0,000	-0,000	0,000	0,001	-0,001
Liczba węzłów na roślinie Number of nodes per plant	x ₃	-0,011	0,000	-0,029	-0,013	-0,005	-0,005	0,000	-0,003
Liczba węzłów owocujących Fruiting nodes per plant	x ₄	0,011	-0,001	0,014	0,031	-0,008	0,014	-0,006	0,006
Liczba strąków na roślinie Number of pods per plant	x ₅	0,119	-0,017	0,110	0,276	0,407	0,290	-0,076	0,057
Liczba nasion na roślinie Number of seeds per plant	x ₆	0,101	0,001	0,078	0,222	0,354	0,497	0,267	-0,004
Liczba nasion na strąku Seeds per pod	x ₇	-0,013	0,014	-0,023	-0,042	-0,043	0,124	0,230	-0,060
MTN Thousand seed weight	x ₈	0,013	-0,039	0,023	0,043	0,032	-0,017	-0,095	0,27
r _{xy}		0,248*	0,003	0,185*	0,528*	0,771*	0,909*	0,358*	0,191*

r_{xy} — Współczynniki korelacji fenotypowych z plonem nasion; efekty bezpośrednie (druk wytłuszczony)

r_{xy} — Phenotypic correlations with seed yield; direct effects in bold

Ocena korelacji prostych populacji linii fasoli na suche nasiona wykazała istotne dodatnie zależności pomiędzy plonem nasion a liczbą nasion (0,92), liczbą strąków z rośliny (0,84), liczbą nasion na strąku (0,52) oraz długością wegetacji. (tab. 2). Niższe wartości współczynników korelacji uzyskano u soi. Cztery cechy wykazały dodatni związek z plonem nasion. Wysoce istotną, dodatnią korelację stwierdzono pomiędzy plonem nasion z rośliny a liczbą strąków z rośliny $r = 0,705$ i liczbą nasion z rośliny $r = 0,832$ (tab. 3). Otrzymane wyniki współzależności cech determinujących plon nasion u badanych gatunków roślin strączkowych wykazały dużą zgodność z wynikami innych autorów (Adams, 1967; Duarte, Adams, 1972; Rajput i in., 1986; Idżkowska i in., 1989).

W celu zanalizowania związków przyczynowo-skutkowych zachodzących pomiędzy skorelowanymi cechami, otrzymane macierze współczynników korelacji fenotypowych dla badanych cech, po standaryzacji poddano analizie ścieżek (Dewey, Lu, 1959) dla każdego gatunku oddzielnie. Strukturę każdego z współczynników korelacji między cechami przyjętymi za zmienne niezależne a plonem nasion z rośliny (zmienna zależna)

przedstawiono w tabelach 1; 2 i 3. Najwyższy bezpośredni wpływ na plon nasion u badanych gatunków miała liczba nasion z rośliny, który wyrażony w procentach kształtował się od 43%, poprzez 61,4% do 68,2% odpowiednio u grochu, fasoli i soi.

Tabela 2

Bezpośredni i pośredni wpływ badanych cech na plon nasion z rośliny u fasoli
Direct and indirect effects of the tested traits on plant seed yield in dry bean

Cechy Traits		X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆	X ₇
Wyleganie III Lodging prior to harvest	X ₁	0,008	-0,001	-0,005	-0,000	0,000	0,002	0,000
Wegetacja Vegetation period	X ₂	-0,000	0,005	0,002	0,003	0,003	0,001	0,001
Wysokość roślin Plant height	X ₃	0,021	-0,012	-0,033	-0,009	-0,005	0,005	-0,006
Liczba strąków na roślinę Pods per plant	X ₄	-0,015	0,198	0,090	0,341	0,304	0,061	-0,063
Liczba nasion na roślinę Seeds per plant	X ₅	0,029	0,335	0,087	0,554	0,621	0,353	-0,072
Liczba nasion na strąku Seeds per pod	X ₆	0,017	0,012	-0,011	0,001	0,038	0,067	0,004
MTN Thousand seed weight	X ₇	0,015	0,067	0,062	-0,064	-0,040	0,022	0,348
r _{xy}		0,075	0,603*	0,192	0,836*	0,921*	0,512*	0,214

r_{xy} — Współczynniki korelacji fenotypowych z plonem nasion; efekty bezpośrednie (druk wytłuszczony)

r_{xy} — Phenotypic correlations with seed yield; direct effects in bold

Tabela 3

Bezpośredni i pośredni wpływ badanych cech na plon nasion z rośliny u soi
Direct and indirect effects of the tested traits on plant seed yield in soybean

Cechy Traits		X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆	X ₇
Wyleganie Lodging prior to harvest	X ₁	-0,015	0,000	0,001	0,006	0,004	-0,004	-0,005
Wegetacja. Vegetation period	X ₂	0,000	-0,014	-0,008	-0,001	-0,001	0,000	0,003
Wysokość roślin Plant height	X ₃	-0,000	0,004	0,006	-0,000	0,001	0,001	-0,001
Liczba strąków na roślinę Pods per plant	X ₄	-0,083	0,015	-0,001	0,201	0,168	-0,037	-0,075
Liczba nasion na roślinę Seeds per plant	X ₅	-0,202	0,076	0,063	0,718	0,859	0,321	-0,320
Liczba nasion na strąku Seeds per pod	X ₆	0,010	-0,000	0,005	-0,007	0,014	0,038	-0,001
MTN Thousand seed weight	X ₇	0,176	-0,115	-0,099	-0,213	-0,213	-0,010	0,571
r _{xy}		-0,115	-0,034	-0,033	0,705*	0,832*	0,308*	0,173

r_{xy} — Współczynniki korelacji fenotypowych z plonem nasion; efekty bezpośrednie (druk wytłuszczony)

r_{xy} — Phenotypic correlations with seed yield; direct effects in bold

Niższe dodatnie bezpośrednie efekty stwierdzono dla liczby strąków z rośliny i masy 1000 nasion, a u grochu również i liczby nasion w strąku. Na wysoką wartość współczyn-

ników korelacji fenotypowej liczby strąków z rośliny z plonem nasion u grochu (0,77), fasoli (0,84) i soi (0,71) składały się duże bezpośrednie efekty tej cechy oraz wysokie efekty pośrednie liczby nasion z rośliny. W badaniach Duarte i Adams (1972) z fasolą, Güler i wsp. (2001) z ciecierzycą, Rajput i wsp. (1986) z soją, najwyższy bezpośredni wpływ na plon nasion miała liczba strąków z rośliny, jednakże ci autorzy w analizie ścieżek nie uwzględniali cechy liczby nasion z rośliny. Włączenie tej cechy do analizy ścieżek, podobnie jak w badaniach Idźkowskiej i wsp. (1986), wykazało jej istotny bezpośredni związek z plonem nasion. Istotne korelacje fenotypowe pomiędzy liczbą nasion w strąku a plonem nasion tylko w 31,5% u grochu, w 13,1% u fasoli i 9,3% u soi były wynikiem bezpośrednich efektów, reszta to efekty pośrednie innych zmiennych, z których najwyższy wpływ miała liczba nasion z rośliny, wynoszący odpowiednio 46% u grochu, 69% u fasoli i 78,1% u soi. W przypadku okresu wegetacji u fasoli, bardzo niski efekt bezpośredni tej cechy był maskowany wysokimi pośrednimi efektami liczby nasion i strąków z rośliny dając w efekcie istotną korelację fenotypową z plonem nasion (0,603).

Wystąpiły negatywne pośrednie efekty pomiędzy MTN a liczbą strąków, czy liczbą nasion, co jest wyrazem zjawiska kompensacji pomiędzy komponentami plonu. Szczególnie wyraźnie negatywny związek pomiędzy liczbą nasion z rośliny a MTN wystąpił u soi.

WNIOSKI

1. Stwierdzono zarówno korzystne jak i niekorzystne z hodowanego punktu widzenia korelacje pomiędzy analizowanymi cechami. Badane gatunki roślin strączkowych wykazały duże podobieństwo we współzależnościach cech ilościowych.
2. Analiza komponentów korelacji wykazała, że liczba nasion i strąków z rośliny oraz MTN są czynnikami o najwyższym bezpośrednim i pośrednim efekcie na plon nasion.
3. Wystąpiły wyraźne negatywne efekty pośrednie liczby strąków i nasion z rośliny a MTN będące rezultatem zjawiska kompensacji pomiędzy komponentami plonu nasion.
4. W przypadku, gdy celem selekcji jest podwyższenie plonowania, zarówno liczba strąków, liczba nasion z rośliny jak i MTN muszą być uwzględniane jednocześnie, szczególnie u soi.

LITERATURA

- Adams M. W. 1967. Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to field bean, *Phaseolus vulgaris*. Crop Sci. 17: 505 — 510.
- Boros L., Szyrmer J., Sawicki J. 1996. Wartość użytkowa odmian soi wyhodowanych w IHAR. Biul. IHAR 198: 103 — 105.
- Boros L., Szyrmer J., Sawicki J. 2000. Mazowia — nowa odmiana soi dla klimatu chłodnego. Materiały z Międzynarodowej Konferencji Naukowej, Rzeszów-Zatwarnica, Cz. II: 667 — 674.
- Boros L., Wawer A. 2000. Quality characteristic of the seed of dry bean (*Ph. vulgaris* L.) cultivars grown in Poland. BIC 43: 93 — 94.
- Boros L., Waszkiewicz-Robak B., Szyrmer J., Wawer A. 2001. Agronomic performance and technological value of dry bean genotypes (*Ph. vulgaris* L.). Vegetable Crops Research Bulletin: 54 (1), 35 — 41.
- Dewey D. R., Lu K. H. 1959. A correlation and path-coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. Agron. J. 51 (9): 515 — 517.

- Duarte R. A., Adams M. W. 1972. A path coefficient analysis of some yield components interrelations in field bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 12: 579 — 582.
- Güler M., Sait Adak M., Ulukan H. 2001. Determining relationships among yield components using path coefficient analysis in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Europ. J. Agron. 14 (2): 161 — 166.
- Idżkowska M., Gołaszewski J., Koczowska I., Grabowski S. 1989. Analiza współczynników ścieżek w ocenie współzależności cech detrminujących plon nasion u grochu. Biul. IHAR 171/172: 287 — 290.
- Milczyńska E. 2001. Syntezy wyników doświadczeń odmianowych 2000. Warzywa strączkowe. COBORU, Słupia Wielka Zesz. 1168.
- Rajput M. A., Sarwar G., Tahir K. H. 1986. Path-coefficient analysis of developmental and yield components in soybean. Soybean Genetics Newsletter 13: 87 — 91.
- Szyrmer J., Boros L. 1997. Postęp w krajowej hodowli fasoli i soi. Zesz. Probl. Post. Nauk Roln. 446: 43 — 53.
- Szyrmer J., Boros L. 2001. The production of grain legumes in Poland. Grain Legumes. The magazine of the European Association for Grain Legume Research 32: 12 — 13.
- Święciki W., Święcicki W. K., Wiatr K. 1997. Historia, współczesne osiągnięcia i perspektywy hodowli roślin strączkowych w Polsce. Z. Probl. Post. Nauk Rol. Z. 446: 15 — 32.
- Wiatr K. 2000. Syntezy wyników doświadczeń odmianowych 1999. Groch. COBORU, Słupia Wielka, Zesz. 1168.

STANISŁAW STAWIŃSKI¹WOJCIECH RYBIŃSKI²JAN BOCIANOWSKI^{2*}¹ Hodowla Roślin Smolice, Oddział Zamiejscowy Przebędowo, Murowana Goślina² Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Ocena cech ilościowych trzech gatunków łubinu po działaniu chemomutagenów

The estimation of quantitative traits of three lupine species after using chemomutagens

Zastosowanie związków mutagennych w celu poszerzenia zmienności genetycznej cech ma szczególne znaczenie dla tych gatunków, dla których istniejąca pula zmienności będącej do dyspozycji hodowcy jest szczególnie wąska. Pośród gatunków łubinu jest to istotne w odniesieniu do łubinu andyjskiego, którego wprowadzenie do uprawy uwarunkowane jest poprawieniem szeregu niekorzystnych cech. Celem pracy było określenie reakcji łubinu andyjskiego na działanie chemomutagenów w porównaniu z takimi gatunkami uprawnymi jak łubin biały lub wąskolistny. Analizowano zmienność cech struktury plonu trzech wyżej wymienionych gatunków w pokoleniu M₁ po traktowaniu nasion zróżnicowanymi dawkami azydku sodu (AS) i N-nitroso-N-metylomocznika (MNU). Wartości średnie dla badanych gatunków w doświadczeniu polowym wykazały, że zastosowane dawki AS i MNU w porównaniu z kontrolą generalnie wywołały obniżenie wartości badanych cech struktury plonu i opóźnienie terminu rozpoczęcia kwitnienia. Redukcja ta wzrastała w miarę stosowania wyższych dawek mutagenu, przy czym większą szkodliwością somatyczną charakteryzował się MNU aniżeli AS. Wartości średnich kwadratów z analizy wariancji dla badanych form łubinu łącznie wskazują, że jeśli źródłem zmienności były mutageny, z wyjątkiem liczby strąków z pędów bocznych, zróżnicowanie cech było statystycznie istotne. Analiza wariancji w odniesieniu do poszczególnych gatunków wskazuje na różną reakcję odmian, a także części roślin we wrażliwości na zastosowane mutageny. Więcej statystycznie istotnych różnic obserwowano dla cech struktury plonu pędu głównego aniżeli pędów bocznych oraz dla łubinu białego i wąskolistnego aniżeli andyjskiego.

Słowa kluczowe: chemomutageny, łubin andyjski, łubin wąskolistny, pokolenie M₁, struktura plonu

The use of mutagenic agents for obtaining broader genetic variation of traits is particularly important for species characterized by a narrow pool of natural variability. Among lupine species it is essential for Andean lupine (*Lupinus mutabilis*). However, for widespread cultivation of this species, certain undesirable traits need to be corrected. The aim of this work was to estimate reaction of Andean lupine to chemomutagens and compare it with those of cultivated species, *L. albus* and *L. angustifolius*. In M₁ progeny the variability of yield structure parameters was analysed after treatment of seeds with

* Stypendysta Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP) w roku 2002

sodium azide (S.A.) and N-nitroso-methylurea (MNU). The means for M₁ plants of the analysed species compared to a control variant in the field experiment showed that, in general, both mutagens could decrease the level of analysed traits and cause the delay of flowering. These effects enhanced when higher doses of chemomutagens were applied. Somatic harmfulness of MNU was larger than that of SA. The mean squares from analysis of variance for each trait and three lupine species showed that if a mutagen was the source of variance, the trait variability was significant, except a number of pods in lateral branches. The values of mean squares indicated that both lupine species and plant organs (main stem, lateral branches) did differ in their susceptibility to mutagens applied in the study. A range of statistically significant differences was wider in evaluating the yield structure of the main stem than the lateral branches. Moreover, it was wider with *L. albus* or *L. angustifolius* than *L. mutabilis*.

Key words: Andean lupine, blue lupine, chemomutagens, M₁ progeny, yield structure

WSTĘP

Obok jęczmienia (Micke i in., 1993) i grochu (Małuszyński i in., 1991) łubin należy do gatunków będących stosunkowo częstym obiektem traktowań mutagennych (Hacbarth, 1957; Micke i Świącicki, 1988; Plarre, 1991). Przed uzyskaniem tzw. łubinów „słodkich” głównym celem ich uprawy było wykorzystanie zielonej masy. Zmianom kierunku użytkowania łubinu towarzyszyło poszerzenie istniejącej zmienności genetycznej cech, a istotną rolę w tym względzie odegrało indukowanie mutacji, również w odniesieniu do udomowiania takich gatunków łubinu, jak *L. atlanticus* lub *L. pilosus* (Buirchel i in., 1993). Po wykazaniu dużego znaczenia praktycznego epigonalnych mutantów u łubinu żółtego (Micke i Świącicki, 1988), mutanty o samokończącym typie wzrostu uzyskano w Polsce w odniesieniu do łubinu wąskolistnego (Bromberek i in., 1984) oraz łubinu białego (Mikołajczyk i in., 1984; Świącicki, 1984). Istotny wpływ indukowane mutanty odegrały u łubinu andyjskiego w kierunku obniżenia zawartości alkaloidów (Williams i in., 1984), ograniczenia rozwoju pędów bocznych (Roemer, 1994; Stawiński i Rybiński, 2001) i uzyskania form karłowatych (Stawiński i Rybiński, 2001).

Mimo niewątpliwych sukcesów indukowanie mutacji nadal pozostaje istotnym czynnikiem poszerzania zmienności genetycznej, zwłaszcza w odniesieniu do gatunków, u których wg Sawickiej (1993) nadal istnieje zbyt wiele tzw. „dzikich cech”. Właśnie w gatunkach, gdzie istniejąca pula zmienności genetycznej cech jest stosunkowo wąska, rola indukowanych mutacji ma szczególne znaczenie. Niewątpliwie gatunkiem takim jest stosunkowo mało poznany łubin andyjski, dla którego określenie reakcji na różne związki mutagenne jest warunkiem efektywnego indukowania mutacji. Właśnie łubin andyjski i porównywane z nim łubin biały i łubin wąskolistny były obiektami przeprowadzonych badań.

Celem pracy było określenie reakcji trzech gatunków łubinu (zwłaszcza łubinu andyjskiego) na działanie chemomutagenów (MNU i AS), które wyrażało się poziomem szkodliwości somatycznej dla wybranych cech ilościowych u roślin w pierwszym pokoleniu po traktowaniu.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły trzy gatunki łubinu: łubin biały (*L. albus* — odmiany Wat), łubin wąskolistny (*L. angustifolius* — odmiany Gnom) oraz łubin andyjski (*L. muatbilis* — populacja 2). Nasiona powyższych gatunków i odmian poddawano mutagennemu traktowaniu dwoma chemomutagenami: N-nitroso-N-metylomocznikiem (MNU) i azydkiem sodu (AS). Przed traktowaniem mutagenami nasiona moczo no wstępnie w wodzie destylowanej przez okres 10 godzin w temperaturze 24°C. Po zakończeniu moczenia, nasiona na 3 godziny zanurzano w wodnych roztworach MNU i AS. Azydek sodu swoje właściwości mutagenne wykazuje w środowisku kwaśnym. Dlatego też mutagen ten rozpuszczano w wodnym roztworze buforu fosforowego o pH 3,0 w stężeniach: 2,0, 5,0 oraz 8,0 mM. MNU stosowano w stężeniu 0,8 mM. Nasiona nie poddawane działaniu mutagenów stanowiły kontrolę.

Wysiew prowadzono na Polu Doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy, umieszczając nasiona na poletkach w doświadczeniu bloków losowanych w trzech powtórzeniach o rozstawie 30 x 11 centymetrów. Podczas wzrostu i rozwoju roślin określano ich obsadę po wschodach i dwóch kolejnych terminach w odstępie 16 dni. Wysokość roślin mierzono dwukrotnie — po wschodach oraz kwitnieniu. Dla wszystkich kombinacji z mutagenami oraz roślin kontrolnych notowano termin rozpoczęcia kwitnienia. Po zbiorze rośliny analizowano pod względem liczby nasion i strąków oraz liczby nasion w strąku zarówno dla pędu głównego, jak i pędów bocznych.

Opracowując statystycznie materiał roślinny przeprowadzono analizę wariancji dla wszystkich badanych cech. Źródłem zmienności był termin przeprowadzenia pomiarów, gatunek i mutagen. Dla porównania wartości średnich dla poszczególnych cech i gatunków obliczono najmniejsze istotne różnice (NIR) na poziomie $\alpha = 0,05$. W celu określenia stopnia współzależności cech struktury plonu przeprowadzono analizę korelacji.

WYNIKI I DYKUSJA

W tabelach 1 i 2 przedstawiono wyniki analizy wariancji dla poszczególnych cech dla trzech odmian łącznie. Uzyskane wyniki wskazują, że termin pomiaru (tab. 1) miał istotny wpływ na zróżnicowanie wysokości roślin, czego nie obserwowano dla obsady roślin. Potwierdza to wcześniejsze obserwacje, że mimo redukcji wschodów w porównaniu z kontrolą obsada roślin w następnych terminach pomiaru nie ulega istotnym zmianom (Stawiński i in., 2000). Zaobserwowano istotny (na poziomie $\alpha = 0,01$) wpływ gatunku na zróżnicowanie wartości wszystkich badanych cech, natomiast zastosowane w badaniach dawki mutagenu nie miały wpływu jedynie na liczbę strąków z pędów bocznych. Interakcja gatunek $\times$ mutagen miała istotny wpływ jedynie na obsadę roślin oraz liczbę nasion ze strąka pędu głównego. A więc zmiany wywoływane przez poszczególne dawki mutagenu u trzech badanych gatunków łubinu były podobne dla pozostałych analizowanych cech.

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla obsady i wysokości roślin trzech gatunków lubinu
The mean squares from analysis of variance for number of plants per plot and plant height
for assayed species of lupine

Źródło zmienności Source of variation	Obsada roślin Number of plants per plot		Wysokość roślin Plant height	
	stopnie swobody degrees of freedom	średni kwadrat mean squares	stopnie swobody degrees of freedom	średni kwadrat mean square
Termin pomiaru (T) Date of measurement	2	75,50	1	32657,42**
Gatunek (G) Species	2	2486,54**	2	655,86**
Mutagen (M) Mutagen	4	2925,81**	4	129,46**
T × G	4	2,12	2	1074,60**
T × M	8	7,39	4	72,84**
G × M	8	656,68**	8	18,52
T × G × M	16	5,22	8	11,02
Błąd Error	88	35,20	58	11,45

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 2

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech trzech gatunków lubinu
The means squares from analysis of variance for tested traits of three species of lupine

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Liczba strąków pęd główny No. of pods main stem	Liczba nasion Pęd główny No. of seeds per main stem	Liczba nasion ze strąka pędu głównego No. of seeds per pod main stem	Liczba strąków pędy boczne No. of pods lateral branches	Liczba nasion pędy boczne No. of seeds, lateral branches	Liczba nasion ze strąka pędów bocznych No. of seeds per pod lateral branches
Gatunek (G) Species	2	135,27**	575,95**	2,23**	8340,3**	16594,2**	9,83**
Mutagen (M) Mutagen	4	30,89**	552,14**	4,16**	113,5	5707,7**	1,81*
G × M	8	3,02	15,44	0,55*	10,9	1330,8	0,52
Błąd Error	28	2,08	23,44	0,18	336,3	763,0	0,59

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Wyniki analizy wariancji dla poszczególnych cech i odmian przedstawiono w tabelach 3, 4 oraz 5, w postaci średnich kwadratów i odpowiadających im stopni swobody. Uzyskane wyniki potwierdziły przypuszczenia o braku istotnego wpływu terminu pomiaru na obsadę roślin oraz o istotnym wpływie terminu pomiaru na wysokość roślin (tab. 3).

Tabela 3

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech u poszczególnych gatunków łubinu
The mean squares from analysis of variance for tested traits in particular species of lupine

Źródło zmienności Source of variation	Obsada roślin Number of plants per plot				Wysokość roślin Plant height			
	stopnie swobody degrees of freedom	Gnom	Wat	Andyjski	stopnie swobody degrees of freedom	Gnom	Wat	Andyjski
Termin (T) Date	2	25,49	37,96	16,29	1	11384,11**	4961,39**	18461,12**
Mutagen (M)	4	2890,37**	959,41**	389,39**	4	106,69**	27,06**	32,76
T × M	8	3,02	13,01	1,79	4	61,43**	6,89	26,56
Błąd Error	28	37,99	42,31	18,52	18	6,55	4,86	24,30

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 4

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech pędu głównego dla poszczególnych gatunków łubinu
The mean squares from analysis of variance for tested traits of the main stem in particular species of lupine

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Liczba strąków, pęd główny No. of pods main stem			Liczba nasion, pęd główny No. of seeds main stem			Liczba nasion ze strąka pędu głównego No. of seeds per pod per main stem		
		Gnom	Wat	Andyjski	Gnom	Wat	Andyjski	Gnom	Wat	Andyjski
Mutagen Mutagen	4	5,63*	5,81**	25,48**	172,35*	154,20**	256,46*	2,71**	2,24**	0,31
Błąd Error	8	1,35	0,54	2,41	25,27	2,73	51,19	0,14	0,02	0,31

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Badania Pakendorfa (1970), Sawickiej i wsp. (1988) oraz Stawińskiego i wsp. (2000) wskazują, że różnice we wrażliwości roślin pokolenia M_1 na działanie mutagenów dotyczą nie tylko różnic międzygatunkowych, ale również międzyodmianowych. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują, że różnice te mogą także dotyczyć części roślin, którymi były pęd główny oraz pędy boczne (tab. 4 i 5). Większą wrażliwość (niezależnie od odmiany) wykazano dla pędu głównego, dla którego z wyjątkiem liczby nasion ze strąka u łubinu andyjskiego, obserwowano statystycznie istotne zróżnicowanie ze względu na dawkę mutagenu (tab. 4). Wyraźnie niższą wrażliwość na mutageny obserwowano dla pędów bocznych (tab. 5).

Tabela 5

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech pędów bocznych dla poszczególnych gatunków łubinu

The mean squares from analysis of variance for tested traits of lateral branches in particular species of lupine

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Liczba strąków, pędy boczne No. of pods, lateral branches			Liczba nasion pędy boczne No. of seeds, lateral branches			Liczba nasion ze strąka pędów bocznych No. of seeds per pod lateral branches		
		Gnom	Wat	Andyjski	Gnom	Wat	Andyjski	Gnom	Wat	Andyjski
Mutagen	4	29,11**	50,39	56,00	394,73**	1126,47**	6848,00	0,28	0,60*	1,97
Błąd Error	8	3,77	36,96	1087,00	54,05	69,74	2254,00	0,43	0,1	1,51

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0,05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0,01$

Widoczne są tu także różnice międzyodmianowe. Jedynie dla łubinu andyjskiego nie obserwowano istotnego zróżnicowania badanych cech. Brak zróżnicowania obserwowano ponadto dla liczby strąków u łubinu białego i liczby nasion ze strąka u łubinu wąskolistnego. Badania Małuszyńskiego i wsp. (1978) wskazują, że różna reakcja roślin na działanie tego samego czynnika mutagennego może dotyczyć nie tylko poszczególnych organów rośliny (co obserwowano w pracy), ale również tkanek roślin. Większa wrażliwość pędu głównego aniżeli bocznych może mieć związek z rozkładem mutagenu w środowisku wodnym. Według Froezena-Gertzen i wsp. (1963), wzrost uszkodzeń somatycznych przy dłuższych traktowaniach prawdopodobnie wywołany jest toksycznymi produktami hydrolizy tych roztworów. Badając wysokość roślin pokolenia M_1 w różnych terminach ich rozwoju, najwyższe redukcje wysokości w porównaniu z kontrolą stwierdzano po wschodach, a znacznie mniejsze w miarę wzrostu i rozwoju roślin (Rybiński i in., 1993). Może to sugerować obniżenie w czasie aktywności toksycznych produktów w roślinie M_1 i jej stopniową „detoksykację” w miarę dojrzewania. Biorąc pod uwagę, że rozwój pędu głównego następuje wcześniej niż rozwijających się kolejnych pędów bocznych, może to wyjaśniać wyższy poziom szkodliwości somatycznej pędu głównego aniżeli pędów bocznych. Dotyczy to w szczególności łubinu andyjskiego, u którego niepohamowany wzrost pędów bocznych przebiega wtedy, kiedy łubin biały, czy wąskolistny kończą swój wzrost i rozwój. Wyższa „oporność” łubinu andyjskiego na działanie mutagenów ma swój aspekt metodyczny wskazujący na możliwość stosowania wyższych dawek mutagenu dla tego gatunku w porównaniu z łubinem białym czy wąskolistnym.

Jednym z negatywnych efektów towarzyszących procesowi indukowania mutacji jest wystąpienie szkodliwości somatycznej u roślin pokolenia M_1 wyrażającej się obniżeniem wartości badanych cech, szczególnie płodności (Sawicka, 1993; Rybiński, 2001). Wartości średnie dla analizowanych cech (tab. 6 i 7) wskazują, że zarówno azydek sodu, jak i MNU w porównaniu z kontrolą wywołały redukcję badanych cech, która dla AS wzrastała (w

większości przypadków) w miarę stosowania wyższych dawek mutagenu. Szczególnie efektywna w tym względzie okazała się dawka 5,0, a zwłaszcza 8,0 mM AS. Wartości najmniejszych istotnych różnic dla obsady roślin na poletku wskazują, że dla wymienionych dawek liczba roślin pokolenia M_1 istotnie różniła się od liczby roślin stanowiących kontrolę. Traktując nasiona łubinu andyjskiego promieniami gamma (Sawicka, 1993) oraz łubinu andyjskiego i wąskolistnego wzajemnymi kombinacjami AS i MNU (Stawiński i in., 2000) również obserwowano redukcję i opóźnienie wschodów, oraz obniżenie wysokości roślin. Efekt ten miał niewątpliwie wpływ na opóźnienie rozpoczęcia kwitnienia, które wzrastało w miarę stosowania wyższych dawek AS. Opóźnienie kwitnienia było większe dla łubinu wąskolistnego i andyjskiego niż łubinu białego.

Tabela 6

Wartości średnie cech roślin pokolenia M_1 dla poszczególnych gatunków łubinu
Mean values of traits for M_1 plants for particular species of lupine

Stosowane zabiegi Treatment	Obsada roślin Plants number per plot			Wysokość po wschodach Plant height (cm) after emergence			Wysokość po kwitnieniu Plant height (cm) after flowering			Termin kwitnienia (czerwiec) Date of flowering (June)		
	G	W	A	G	W	A	G	W	A	G	W	A
Kontrola Control	49,2	44,8	23,9	14,6	14,6	10,2	61,7	43,8	66,2	10	8	21
AS 2.0 mM	48,4	31,9	16,9	13,7	13,7	9,8	56,8	40,1	58,2	12	9	22
AS 5.0 mM	22,9	22,2	15,0	13,1	13,1	10,7	51,7	39,1	61,9	14	10	24
AS 8.0 mM	8,1	19,3	12,2	12,4	12,6	9,6	47,8	36,1	54,5	15	10	23
MNU 0.8 mM	41,1	23,3	28,1	12,1	11,8	10,9	42,8	35,7	58,4	15	9	25
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	12,5	11,7	8,6	2,5	2,4	1,8	6,1	4,0	13,2	0	0	0

G — Gnom

W — Wat

A — Andyjski

Tabela 7

Wartości średnie cech roślin pokolenia M_1 dla poszczególnych gatunków łubinu
Mean values of traits for M_1 plants for particular species of lupine

Stosowane zabiegi Treatment	Liczba strąków pęd główny No. of pods main stem			Liczba nasion, pęd główny No. of seeds ,main stem			Liczba nasion ze strąka pędu głównego No. of seeds per pod main stem			Liczba strąków pędy boczne No. of pods, lateral branches			Liczba nasion pędy boczne No. of seeds lateral branches			Liczba nasion ze strąka pędów bocznych No. of seeds per pod lateral branches		
	G	W	A	G	W	A	G	W	A	G	W	A	G	W	A	G	W	A
Kontrola Control	5,6	6,4	12,5	23,8	23,6	31,5	4,2	3,7	2,6	9,6	32,6	57,1	31,2	71,4	135,0	3,2	2,2	2,6
AS 2.0	5,3	6,8	10,8	19,1	20,8	31,3	3,6	3,1	2,9	8,7	30,2	58,0	29,4	73,9	138,0	3,3	2,4	2,9
AS 5.0	4,4	6,8	11,8	16,2	16,6	30,7	3,7	2,4	2,6	9,3	34,8	54,3	30,6	58,8	87,0	3,2	1,7	1,6
AS 8.0	4,1	6,1	10,4	12,9	15,8	28,4	3,0	2,5	2,7	4,3	30,7	54,3	16,7	61,3	52,0	3,8	1,9	1,4
MNU 0.8	2,1	3,5	5,1	3,6	4,8	10,0	1,7	1,4	2,0	2,9	23,9	47,0	5,1	25,5	32,0	2,9	1,3	0,9
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	2,2	1,4	2,9	9,5	3,1	13,5	0,7	0,3	1,0	3,7	11,5	62,1	13,8	15,7	89,4	1,2	0,6	2,3

G — Gnom

W — Wat

A — Andyjski

Podstawowym warunkiem uzyskania odpowiednio liczego pokolenia M_2 i pokolenia M_3 oraz rozpoczęcia wyboru mutantów jest liczba nasion uzyskiwana w pokoleniu M_1 (Sawicka i in., 1988; Sawicka, 1991; Stawiński i in., 2000). Niezależnie od gatunku zastosowane mutageny redukowały płodność roślin M_1 wyrażoną liczbą nasion i strąków na pędzie głównym i bocznych (tab. 7). Według Sawickiej (1993) liczba nasion ze strąką, w porównaniu z liczbą nasion z rośliny, jest cechą stosunkowo mało zmienną. Podobnie obserwowano i w tej pracy, na co wskazują zbliżone wartości średnie tej cechy dla roślin pokolenia M_1 i roślin kontrolnych. Traktując promieniami gamma populacje łubinu andyjskiego obserwowano obniżenie liczby nasion z roślin pokolenia M_1 wzrastające w miarę stosowania wyższych dawek promieniowania (Sawicka, 1993).

Tabela 8

Współczynniki korelacji fenotypowej dla cech pędu głównego i pędów bocznych roślin pokolenia M_1 trzech gatunków łubinu
Correlation coefficients of studied traits for main stem and lateral branches of M_1 plants within three species of lupine

Cecha Trait	Liczba nasion z pędu głównego No. of seeds, main stem	Liczba strąków z pędów bocznych No. of pods lateral branches	Liczba nasion z pędów bocznych No. of seeds lateral branches	Liczba nasion ze strąką pędu głównego No. of seeds per pod, main stem	Liczba nasion ze strąką pędów bocznych No. of seeds per pod, lateral branches
Liczba strąków z pędu głównego No. of pods on main stem	0,874**	0,693**	0,805**	0,050	-0,141
Liczba nasion z pędu głównego No. of seeds on main stem		0,520**	0,723**	0,491**	0,040
Liczba strąków z pędów bocznych No. of pods on lateral branches			0,664**	-0,227	-0,606**
Liczba nasion z pędów bocznych No. of seeds on lateral branches				0,043	0,027
Liczba nasion ze strąką pędu głównego No. of seeds per pod of main stem					0,407**

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

W przeprowadzonych badaniach szczególnie efektywnym okazał się MNU wywołujący wyższą redukcję badanych cech aniżeli AS. Potwierdza to wyniki wcześniejszych badań wskazujących, że azydek sodu w porównaniu z MNU wywołując podobną częstotliwość mutacji, indukuje jednakże niższy poziom uszkodzeń somatycznych w pokoleniu M_1 (Rybiński i in., 1993). W celu oceny współzależności badanych cech przeprowadzono analizę korelacji. Wyniki uzyskane dla cech struktury plonu przedstawiono w tabeli 8.

Wskazują one na silny związek pomiędzy liczbą strąków a liczbą nasion, zarówno dla pędu głównego, jak i pędów bocznych. Największą współzależnością charakteryzowały się liczba nasion i liczba strąków z pędu głównego (współczynnik korelacji wynosił w tym przypadku 0,874). Ponadto obserwowano związek terminu kwitnienia ze wszystkimi cechami, z wyjątkiem liczby nasion ze strąką, zarówno dla pędu głównego, jak i pędów bocznych (dane nie prezentowane).

WNIOSKI

1. Poziom uszkodzeń somatycznych u roślin pokolenia M_1 wyrażony redukcją obsady roślin na poletku, ich wysokością oraz płodnością w porównaniu z roślinami kontrolnymi zależny był od materiału wyjściowego użytego do traktowań oraz rodzaju i dawek mutagenu.
2. Wykazano, że różnice we wrażliwości roślin na działanie mutagenu w pokoleniu M_1 mają nie tylko charakter międzygatunkowy i międzyodmianowy. Poszczególne części rośliny mogą również różnić się w reakcji na chemomutageny. Analizując cechy struktury plonu roślin pokolenia M_1 , w porównaniu z roślinami kontrolnymi, obserwowano większą wrażliwość pędu głównego aniżeli pędów bocznych.
3. Pośród trzech badanych gatunków łubinu, łubin andyjski wykazywał mniejszą wrażliwość na działanie mutagenów wyrażoną płodnością roślin pokolenia M_1 . Wskazuje to, że dla tego gatunku możliwe jest stosowanie wyższych dawek mutagenu aniżeli dla łubinu białego lub wąskolistnego.

LITERATURA

- Bromberek S., Mikołajczyk J., Wiza M. 1984. Mutation „Autofinissante” du lupin bleu. Third Int. Lupin. Conf., La Rochelle (France): 566 — 567.
- Buirchel B. J., Cowling W. A., Allen D., Greison B., Harris D. 1993. Seed alkaloids of the rough-seeded lupins. Abstracts VII Int. Lupin. Conf., April 18-23, Portugal, Theme 2: 2 — 3.
- Froese-Gertzen E. E., Konzak C. F., Forster R. E., Heiner R. E. 1963. Mutagenesis in higher plants. Nature 198: 447.
- Hackbarth J. 1957. Die Gene der Lupinenarten. I. Gelbe lupinen (*Lupinus luteus* L.). Z. Pflanzenzüchtung 37: 1 — 26.
- Małuszyński M., Małuszyńska J., Malepszy S. 1978. Wybrane zagadnienia mutagenyzy roślin wyższych. Prace Naukowe Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach 222: 15 — 39.
- Małuszyński M., Sigurbjornsson B., Amano E., Stich L., Kamra O. 1991. Mutant varieties — data bank FAO/IAEA database. Mutation Breeding Newsletter 38: 16 — 49.
- Micke A., Donini B., Małuszyński M. 1993. Les mutations induites en amelioration des Plantes. Mutation Breeding Review 9: 1 — 44.
- Micke A., Święcicki W. 1988. Induced mutations in lupins. Proceedings 5th Int. Lupin Conf. Poznań: 110 — 127.
- Mikołajczyk J., Stawiński S., Wiza M. 1984. Directions actuelles de l'ameration et l'etat actuel des recherches sur l'acclimatisation du lupin blanc en Pologne. Third Int. Lupin Conf. La Rochelle (France): 570 — 571.
- Pakendorf K. W. 1970. Studies on the use of mutagenic agents in *Lupinus*. I. The effect of gamma-ray dose on plant survival in *L. angustifolius*, *L. luteus* and *L. mutabilis*. Z. Pflanzenzüchtung 63: 102 — 113.
- Plarre W. 1991. Mutation breeding. Proceedings 6th Int. Lupin Conf. Chile, Temuco-Pucon: 340 — 349.
- Roemer P. 1994. A determined mutant of *Lupinus mutabilis* for Middle Europa. Proc. VII Int. Lupin Conf., Evora, Portugal: 90 — 92.

- Rybiński W. 2001. Influence of laser beams combined with chemomutagen (MNU) on the variability of traits and mutation frequency in spring barley. *Int. Agrophysics* 15: 115 — 119.
- Rybiński W., Patyna H., Przewoźny T. 1993. Mutagenic effect of laser and chemical mutagens in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Genet. Pol.* 34: 337 — 343.
- Sawicka E. J. 1991. Induced mutation in *Lupinus mutabilis* Sweet. *Proceedings 6th Int. Lupin Conf. Chile, Temuco-Pucon*: 363 — 365.
- Sawicka E. J. 1993. Indukowane mutacje u łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet). *Prace Ogrodu Botanicznego PAN. Seria: Monografie i rozprawy. Zeszyt 3*: 1 — 99.
- Sawicka E. J., Muranyi R., Molski B. 1988. Evaluation of M₁ progeny of *Lupinus luteus* L., *L. albus* L. and *L. mutabilis* Sweet. after using gamma-ray Cs137 and MNH (N-nitrozo-N-methylurea). *Proceedings 5th Int. Lupin Conf., Poland*: 429 — 433.
- Stawiński S., Rybiński W. 2001. Domestication of Andean lupine by means of mutation. *4th Conference on Grain Legumes, Editor — AEP, Kraków*: 223.
- Stawiński S., Rybiński W., Bocianowski J. 2000. Analiza cech ilościowych w pokoleniu M₁ u łubinu andyjskiego i wąskolistnego. *Biul. IHAR* 216: 445 — 451.
- Święcicki W. 1984. Breeding method for forage and grain lupin. *Third Int. Lupin Conf. La Rochelle (France)*: 192 — 205.
- Williams W., Harrison J. E. M., Jayasekera S. 1984. Genetical control of alkaloid production in *Lupinus mutabilis* and the effect of a mutant allele mutal isolated following chemical mutagenesis. *Euphytica* 33: 811 — 817.

EWA SAWICKA-SIENKIEWICZ**RENATA GALEK**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Elementy struktury plonu nasion i niektóre cechy morfologiczne mutantów łubinu andyjskiego (*L. mutabilis* Sweet) w 2001 roku Komunikat

Elements of seed yield structure and selected morphological characters of mutants of Andean lupin (*L. mutabilis* Sweet) in the year 2001 Short communication

Lupinus mutabilis Sweet jest uprawnym gatunkiem w Ameryce Południowej. Przy licznych próbach adaptacji gatunku do warunków klimatu umiarkowanego na plan pierwszy wysuwa się problem wierności plonowania i wczesności. Rozwiązanie tego problemu wymaga poszerzenia zmienności genetycznej dla wyselekcjonowania coraz lepszych materiałów. W celu zwiększenia zmienności genetycznej i możliwości wyselekcjonowania przydatnych do dalszych prac form rozpoczęto cykl indukowania mutacji, stosując mutagen fizyczny — promieniowania gamma ^{137}Cs na nasiona. W wyniku traktowania populacji XM.5, Potosi, i populacji nr 15 wybrano 25 linii mutacyjnych, których charakterystykę pod względem wybranych siedmiu cech przedstawiono w niniejszej pracy. Doświadczenie w 2001 roku założono metodą losowanych bloków na terenie RZD — Swojec, wysiewając nasiona na poletkach o powierzchni 1 m², w trzech powtórzeniach. Stwierdzono zróżnicowanie obiektów pod względem wysokości pędu głównego, liczby rozgałęzień bocznych pierwszego rzędu oraz liczby nasion w strąku. Dla tych cech współczynniki zmienności były stosunkowo niskie, bo mieściły się w granicach 4–13%. Natomiast analizowane obiekty nie różniły się między sobą pod względem liczby strąków i nasion na roślinie, masy nasion z rośliny i masy tysiąca nasion.

Słowa kluczowe: elementy struktury plonu nasion, mutanty indukowane, łubin andyjski

Lupinus mutabilis Sweet is a cultivated species in South America. Numerous attempts to adapt the species to the conditions of temperate climate have shown that yield stability and earliness are of paramount importance. Widening genetic variability would be especially desirable in order to obtain promising selections. A mutation program was used to increase genetic variance. Seeds of populations: XM.5, 15 and cv. Potosi were radiated with caesium 137 gamma rays. From the obtained material, 25 mutant lines were chosen and evaluated in an experiment conducted at Swojec Experimental Station (of Wrocław Agricultural University) using a randomized complete block design with three replications. The plot was 1 m². Significant differences among the lines were found for height of the

main stem, no. of lateral branches of first order and no. of seeds/pod. However, coefficients of variability were relatively low, ranging from 4% to 13%. No significant differences were observed for no. of pods/plant, no. of seeds/plant, seeds yield/plant and 1000 seeds weight.

Key words: Andean lupin, elements seed yield structure, induced mutants

WSTĘP

Lupinus mutabilis Sweet jest uprawnym gatunkiem w Ameryce Południowej. Pod względem wartości nasion (wysoka zawartość białka i tłuszczu) należy do najciekawszych gatunków z rodzaju *Lupinus*. W Ameryce Południowej uprawia się go na wysokościach od 1800–3000 m n.p.m. i nazywany jest „andyjską soją” (Cowling i in., 1998 a). Przy licznych próbach adaptacji gatunku do warunków klimatu umiarkowanego na plan pierwszy wysuwa się problem wierności plonowania i wczesności. Rozwiązanie tego problemu wymaga poszerzenia zmienności genetycznej dla wyselekcjonowania coraz lepszych materiałów. Dotychczasowe badania wskazują, że możliwe jest otrzymanie form o obniżonej zawartości alkaloidów, a także o zdeterminowanym typie wzrostu tzw. „samokończących”. Liczne materiały odznaczają się różnym stopniem wczesności kwitnienia i dojrzewania. Ta ostatnia cecha jest trudna do oceny szczególnie w wilgotnych latach. Poprawa plonowania byłaby możliwa, gdyby udało się uzyskać mutanty o zmniejszonej liczbie rozgałęzień bocznych, o cieńszych ścianach strąka i cieńszej okrywie nasiennej. Łubin andyjski uprawiany w warunkach długiego dnia dojrzewa późno i daje niski plon nasion. W przypadku łubinu andyjskiego 46% suchej masy jest zużywane na tworzenie ścian strąka, podczas gdy u grochu 9%. Podobnie okrywa nasienna, która jest cieńsza u łubinu andyjskiego w porównaniu do innych gatunków uprawnych i wynosi 13%, to jednak w porównaniu do soi (9%) ciągle jest jeszcze za gruba (Cowling i in., 1998 b).

W celu zwiększenia zmienności genetycznej i wyselekcjonowania przydatnych do dalszych prac form rozpoczęto nowy cykl indukowania mutacji, przy zastosowaniu promieniowania gamma ^{137}Cs na nasiona (Sawicka, 1993). W wyniku traktowania populacji XM.5, Potosi, i populacji nr 15 wybrano 25 linii mutacyjnych, których charakterystykę pod względem wybranych siedmiu cech przedstawiono w niniejszej pracy.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 25 linii mutacyjnych pokolenia M_4 (w chowie wsobnym) uzyskanego po potraktowaniu nasion promieniowaniem gamma ^{137}Cs czterech populacji: XM.5 i nr 15 (z Niemiec), Potosi (z Peru) oraz populacji LM-34 (z Francji). Oprócz linii mutacyjnych dla porównania wysiano również populacje wyjściowe, stanowiące obiekty kontrolne. Doświadczenie w 2001 roku założono metodą losowanych bloków na terenie RZD — Swojec, wysiewając nasiona na poletkach o powierzchni 1 m^2 , w rozstawie $20 \times 10\text{ cm}$, w trzech powtórzeniach. Oceniono między innymi takie cechy jak: wysokość pędu głównego (cm), liczbę rozgałęzień bocznych I-rzędu (sztuki), liczbę strąków z rośliny (sztuki), liczbę nasion w strąku, liczbę nasion z rośliny (sztuki), masę 1000 nasion (g), masę nasion z pędu głównego (g). Mierzono po 10 roślin z każdego poletka, a następnie

obliczano średnie wartości cech z powtórzeń. Dla populacji LM-34 nie dokonano obserwacji, gdyż nie weszły nasiona, a zatem linii mutacyjnych o nr 74/1 i 74/2 wywodzących się z niej nie można było porównać z wzorcem.

Wyniki doświadczenia opracowano za pomocą standardowej analizy wariancji dla doświadczeń zakładanych metodą losowanych bloków (Ubysz-Borucka i in., 1985). Weryfikacji hipotezy zerowej o braku zróżnicowania badanych obiektów dokonywano testem F na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ lub $0,01$. Obliczono wartości NIR, w przypadku istotności różnic między obiektami. Podano również wartości współczynników zmienności (V%) dla analizowanych cech. Obliczono współczynniki korelacji między badanymi cechami.

WYNIKI

Stwierdzono istotne zróżnicowanie obiektów pod względem wysokości pędu głównego, liczby rozgałęzień bocznych pierwszego rzędu, liczby nasion w strąku oraz masy tysiąca nasion (tab. 1) zarówno między badanymi liniami mutacyjnymi, jak i w stosunku do populacji wyjściowych. Zmienność w obrębie tych cech kształtowała się od 4% dla wysokości roślin do 13% dla liczby nasion w strąku (tab. 2). Analizowane obiekty nie różniły się między sobą biorąc pod uwagę liczbę strąków i nasion z rośliny oraz plonu (tab. 1). Cechy te charakteryzowały się najwyższą zmiennością — do 36%. Mogło być to związane z obserwowanym silnym porażeniem niektórych obiektów przez antraknozę, czego efektem był obniżony zbiór strąków z roślin.

Tabela 1

Średnie kwadraty analizy zmienności dla badanych cech mutantów lubinu andyjskiego
The mean squares of variability analysis of investigated characters of Andean lupin mutants

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody No. of freedom degrees	Wysokość pędu głównego Height of the main stem	Liczba rozgałęzień bocznych I- rzędu No. of lateral branches of first order	Liczba strąków z rośliny No. of pods per plant	Liczba nasion z rośliny No. of seeds per plant	Liczba nasion w strąku No. of seeds per pod	Masa tysiąca nasion 1000 seeds weight	Plon z rośliny Weight of seeds per plant
Genotypy Genotypes	27	135,2**	1,07**	3438,6	2589,0	0,83**	1420,6*	624,5
Błąd Error	54	37,3	0,44	2882,3	1456,1	0,19	569,9	510,9

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0,05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0,01$

Wyraźne ograniczenie wzrostu w stosunku do populacji wzorcowej wystąpiło u linii: 143/12, 143/2b, natomiast wzrost wartości tej cechy stwierdzono u linii o numerach: 125/1 i 193/6 (tab. 2). Zaobserwowano wyraźne ograniczenie liczby rozgałęzień z sześciu do czterech u linii 89/2 oraz 95/2 w stosunku do populacji wyjściowej Potosi oraz z 4,8 do 3,7 u linii 156/5 w porównaniu do populacji nr 15. Linie wywodzące się z populacji XM-5

charakteryzowały się przeważnie czterema rozgałęzieniami bocznymi podobnie jak populacja wyjściowa, z wyjątkiem linii 125/1, która miała 6 rozgałęzień bocznych (tab. 2).

Tabela 2

Średnie wartości cech dla wzorców oraz linii mutacyjnych
The mean values of characters of standard populations and mutations lines

Obiekty Objects	Cechy Characters	Wysokość pędu głównego Height of the main stem	Liczba rozgałęzień bocznych I-rzędu No. of lateral branches of first order	Liczba strąków z rośliny No. of pods per plant	Liczba nasion z rośliny No. of seeds per plant	Liczba nasion w strąku No. of seeds per pod	Masa tysiąca nasion 1000 seeds weight	Plon z rośliny Weight of seeds per plant
74/1		115,7	5,4	106,7	269,0	2,6	103,7	42,3
74/2		117,3	4,3	136,0	382,3	3,7	151,6	60,3
Wzorzec Standard Cv. Potosi		111,1	6,2	125,0	376,0	2,9	146,3	47,9
89/2		104,0	4,3	88,3	199,3	2,3	160,4	36,8
95/2		109,9	4,2	101,3	221,0	3,0	174,5	35,2
Wzorzec Standard Populacja X M 5		113,6	4,0	141,0	422,7	3,8	147,2	58,5
99/1		118,9	4,4	113,7	352,3	3,2	143,9	56,4
106/4		109,6	3,9	110,7	249,7	2,2	159,3	33,5
114/3		119,6	4,4	101,0	317,7	3,1	135,4	43,3
125/1		126,9	6,0	122,3	237,3	2,2	154,7	42,6
125/4		111,9	4,5	59,7	139,7	2,3	177,0	23,1
135/1		115,6	4,8	71,7	192,3	2,9	155,2	33,9
Wzorzec Standard Populacja 15		112,5	4,8	149,3	471,7	3,3	168,9	69,7
143/2		118,6	4,6	118,0	240,0	1,9	139,4	33,5
143/2b		96,0	4,3	184,3	306,3	2,2	145,3	48,7
143/3		113,0	4,1	162,3	408,7	3,0	148,7	57,9
143/3b		114,9	4,4	134,3	372,0	2,2	142,1	50,4
143/6		117,2	5,2	139,0	312,3	2,2	147,1	47,3
143/7b		115,3	5,0	182,3	397,0	2,1	144,9	59,6
143/9		120,3	5,1	107,7	198,7	1,9	147,3	31,2
143/11b		103,5	4,1	102,7	207,3	2,2	152,4	28,9
143/12		111,4	4,4	177,7	441,0	3,2	137,9	65,2
156/5		107,2	3,7	121,0	428,3	3,2	150,8	59,7
184/4		113,4	5,2	120,0	345,0	2,8	142,2	52,2
192/1a		112,7	3,9	42,0	116,3	2,7	153,9	19,2
192/3a		116,8	4,9	114,7	324,7	2,9	160,1	48,2
193/2		114,4	4,6	94,0	284,0	3,0	166,1	42,6
193/6		130,0	5,1	140,3	372,0	2,5	142,6	58,4
Średnia ogólna Mean value		113,9	4,6	120,3	306,6	2,7	150,0	45,9
NIR LSD		10,03	1,1	—	—	0,72	38,8	—
V%		4,3	11,6	36,2	38,0	13,3	12,9	36,0

Linie mutacyjne w 44% charakteryzowały się obniżoną liczbą nasion w strąku w porównaniu do populacji wyjściowych (z 4 do 2 lub z 3 do 2), a pozostałe linie

zawiązywały nasion w strąku na poziomie populacji wzorcowych (tab. 2). U linii 89/2 i 95/2 pochodzących z populacji Potosi zaobserwowano wyższą masę tysiąca nasion o 10–20% w stosunku do obiektów kontrolnych. U linii mutacyjnych o nr 125/1, 135/1, 106/4 oraz 125/4 wartość tej cechy wzrosła od 5% do 20% w odniesieniu do populacji wyjściowej XM-5. Pozostałe linie nie odbiegały wartościami MTN od wzorca. Najwyższe wartości tej cechy, bo 175–177 gram stwierdzono u linii: 95/2 oraz 125/4, gdzie populacje wyjściowe miały MTN poniżej 150 g (tab. 2).

Na podstawie obliczonych współczynników korelacji stwierdzono: dodatnią zależność między wysokością rośliny a liczbą odgałęzień bocznych I-rzędu, liczbą nasion z rośliny ogółem a liczbą strąków z rośliny i liczbą nasion w strąku, plonem z rośliny a liczbą strąków z rośliny, liczbą nasion w strąku i liczbą nasion z rośliny. Ujemną relację stwierdzono między masą tysiąca nasion a liczbą nasion z rośliny ogółem (tab. 3).

Tabela 3

Współczynniki korelacji między badanymi cechami
Correlation coefficient between investigated traits

Cechy Traits	Wysokość pędu głównego Height of the main stem	Liczba odgałęzień bocznych I- go rzędu No. of lateral branches first order	Liczba strąków z rośliny No. of pods per plant	Liczba nasion w strąku No. seeds per pod	Liczba nasion z rośliny No. seeds per plant	Masa 1000 nasion 1000 seeds weight
Liczba odgałęzień bocznych I-go rzędu No. of lateral branches first order	0,24 *					
Liczba strąków z rośliny No. of pods per plant	-0,07	0,17				
Liczba nasion w strąku No. seeds per pod	0,05	-0,13	0,05			
Liczba nasion z rośliny ogółem No. seeds per plant	-0,04	0,12	0,93**	0,31**		
Masa 1000 nasion 1000 seeds weight	0,13	0,12	-0,13	-0,14	-0,22*	
Waga nasion z rośliny Weight of seeds per plant	-0,03	0,14	0,93**	0,30**	0,98**	-0,06

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

WNIOSKI

1. W 2001 roku stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych materiałów pod względem: wysokości pędu głównego, liczby rozgałęzień bocznych pierwszego rzędu, liczby nasion w strąku oraz masy tysiąca nasion zarówno między badanymi liniami mutacyjnymi, jak i w stosunku do populacji wyjściowych.
2. Z punktu widzenia przydatności do hodowli na uwagę zasługują linie charakteryzujące się:
 - wyraźnie niższymi wartościami dla wysokości roślin: 143/12, 143/2b,

- o mniejszej liczbie pędów bocznych — 89/2 i 95/2 i równocześnie,
 - podwyższonej masie 1000 nasion jak również linie o nr 125/1, 135/1, 106/4,
 - oraz 125/4, przewyższająca populację wyjściową wartościami tej ostatniej cechy.
3. Uzyskane wyniki pozwoliły na wytypowanie najlepszych linii mutacyjnych do dalszych badań w naszej strefie klimatycznej i rozpoczęcie programu krzyżowań dla uzyskania mieszańców wewnątrz i międzygatunkowych.

LITERATURA

- Cowling W. A., Buichel B. J., Tapia M. E. 1998 a. Lupin. *Lupinus* L. promoting the conservation and use under-utilized and neglected crops. 23. IPGRI, Rome: 1 — 103.
- Cowling W. A., Huyghe C., Święcicki W. 1998 b. Lupin breeding. In: Lupins as crop plants, biology, production and utilization. J. S. Gladstones, C. A. Atkins, Hamblin J. (eds.). Wallingford, CAB International.
- Sawicka E. J. 1993. Indukowane mutacje u łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet). Prace Ogr. Bot. PAN, Monografie 3: 1 — 102.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wydawn. SGGW, Warszawa.

JERZY NAWRACAŁA**TADEUSZ LUCZKIEWICZ**

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

Akademia Rolnicza im. A. Cieszkowskiego w Poznaniu

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

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

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

Słowa kluczowe: krzyżowanie dialleliczne, soja, transgresja, zmienność

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

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

Key words: diallel crosses, soybean, transgression, variability

WSTĘP

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

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

MATERIAŁ I METODY

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

WYNIKI I DYSKUSJA

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

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

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

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

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

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

Tabela 1

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

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

* V — Współczynnik zmienności

* V — Coefficient of variability

Tabela 2

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

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

Tabela 3

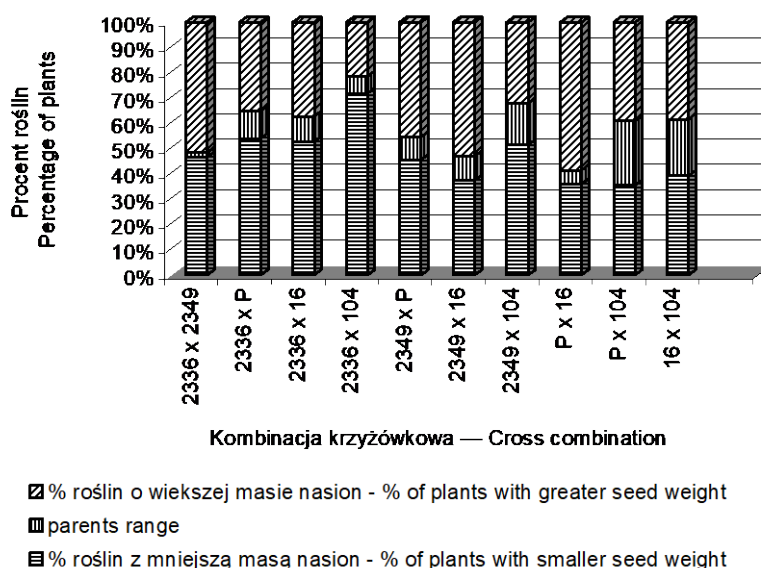
Efekty specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) dla testowanych mieszańców soi
Effects of specific combining ability (SCA) for tested hybrids

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

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

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

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



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

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

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

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

WNIOSKI

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

LITERATURA

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

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

JADWIGA MILEWSKAKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

Odporność linii wsobnych bobiku na suszę w hodowli odmian syntetycznych

Resistance of field bean inbred lines to drought in breeding of synthetic cultivars

Badano odporność na suszę 13 linii wsobnych bobiku i 9 populacji syntetycznych, utworzonych z tych linii. Podstawę badań stanowiły 2-letnie doświadczenia polowe i opisy biometryczne wszystkich roślin z kombinacji: „kontrola” — K (naturalne warunki polowe) i „susza” — S (namiot foliowy w okresie kwitnienia roślin). W ocenie odporności badanych materiałów przyjęto dwa kryteria — ich plonowanie w warunkach suszy oraz reakcję na suszę w liczbie węzłów owocujących, liczbie strąków z rośliny, liczbie nasion z rośliny i plonie nasion z rośliny. Reakcję wyrażono jako tolerancję — stosunkiem wartości ww. cech z „suszy” do ich wartości z „kontroli” (S/K), w procentach. Stwierdzono, że populacje syntetyczne słabiej reagowały na suszę niż linie i wykazywały wyższy efekt heterozji cech plonotwórczych w warunkach niedoboru wodnego niż w naturalnych warunkach polowych. Analiza korelacji cech (średnia komponentów — syntetyk) wskazała, że lepszym kryterium selekcji linii na komponenty odpornych odmian syntetycznych jest ich plonowanie w warunkach suszy niż reakcja na suszę.

Słowa kluczowe: bobik, linie wsobne, odmiany syntetyczne, odporność na suszę, plonowanie

Resistance to drought of 13 inbred lines of field bean and 9 synthetic populations originated from these lines was evaluated. Our studies included two-year field trials and morphological descriptions of all plants from treatments designated ‘control’ (natural field conditions) and ‘drought’ (polyethylene tunnel in the period of plant flowering). When estimating the resistance of plants to drought, two criteria were taken into account: yielding under drought conditions and plant response to drought, expressed in the number of: fruiting nodes, pods per plant, seeds per plant and seed yield per plant. The response has been shown in the work as a tolerance by using percentage values illustrating the proportion of evaluated trait in the drought treatment (D) to that in the control treatment (C), taken as 100%. It was found that the response of synthetic populations was less pronounced than that of the lines, and showed higher heterosis effect under water deficiency than under field conditions. Analysis of correlation (mean value for components — synthetics) showed that the yield obtained in drought conditions was a better criterion for selecting inbred lines to become the components of synthetic cultivars than the response to drought.

Key words: drought resistance, field bean, inbred lines, synthetic cultivars, yield

WSTĘP

Bobik jest rośliną bardzo zawodną w plonowaniu, gdyż silnie reaguje na zmienne warunki środowiska, zwłaszcza wilgotnościowe. Jest szczególnie wrażliwy na suszę glebowo-atmosferyczną w okresie kwitnienia roślin, która może powodować podobne straty w plonie, jak susza dłużej trwająca — do końca wegetacji (Plies-Balzer, 1995).

Poprawę stabilności plonowania bobiku można uzyskać drogą hodowli form odpornych na suszę (Bond i in., 1994; Subbarao i in., 1995). Uważa się, iż najważniejszym kryterium oceny tej odporności jest plon, przy czym, według jednych autorów (Bierljand-Koźmiński, 1981; Amede i in., 1999) powinien to być stosunek plonu w warunkach stresowych do plonu w warunkach bezstresowych, a według innych (Grzesiuk, Górecki, 1978; Bond i in., 1994; Subbarao i in., 1995) — plonowanie w warunkach stresu.

Dla bobiku, rośliny częściowo-allogamicznej, szczególnie zalecana jest hodowla odmian syntetycznych, wykazujących często znaczny efekt heterozji plonu (Ebmeyer, 1988; Scheyball, 1988; Bond i in., 1994; Brzozowski i in., 2000) oraz większą stabilność w plonowaniu, która wynika z większej heterogenności i wyższej tolerancji na stresy roślin mieszańcowych (Bond i in., 1994; Stelling i in., 1994). O plonowaniu takich odmian decydują w głównej mierze produktywność i zdolność kombinacyjna ich komponentów rodzicielskich — cechy znacznie modyfikowane warunkami środowiska (Fleck, Rückenbauer, 1989; Link, Ederer, 1993). Zmienność komponentów w tych cechach może wynikać m.in. z ich różnej odporności na suszę (Milewska i in., 1997).

Celem niniejszej pracy było określenie związku plonowania populacji syntetycznych bobiku z odpornością na suszę ich rodzicielskich linii wsobnych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 13 linii wsobnych (wyprowadzonych z odmian, mieszańców międzyliniowych i rodów) oraz 9 populacji syntetycznych, utworzonych z tych linii i 2 odmiany wzorcowe: Nadwiślański, Dino.

Badania prowadzono w latach 1996 i 1997, w których kolejnym pokoleniom wsobnym linii S₆, S₇ odpowiadały kolejne rozmnożenia syntetyków — Syn₁, Syn₂.

Podstawą badań były doświadczenia polowe, w dwóch kombinacjach:

- kontrola (naturalne warunki polowe),
- susza (namiot foliowy w okresie kwitnienia roślin).

Doświadczenia założono w układzie split-plot, w 3 powtórzeniach, na poletkach 1,6 m², wysiewając w każdym powtórzeniu linie wsobne, syntetyki i odmiany wzorcowe. Po zbiorach wszystkie rośliny poddano opisom biometrycznym, określając m.in.: liczbę węzłów owocujących pędu głównego, liczbę strąków z rośliny, liczbę nasion z rośliny i plon nasion z rośliny.

W ocenie odporności badanych materiałów na suszę przyjęto dwa kryteria:

- plonowanie w warunkach okresowo działającej suszy pod namiotem foliowym,

— reakcję na zastosowaną suszę, jako procentowe odniesienie wartości cech z kombinacji „susza” do ich wartości w „kontrolu” (wyższy procent — słabsza reakcja, większa tolerancja).

Uzyskane wyniki opracowano statystycznie za pomocą analiz wariancji (syntez) i korelacji prostej. Analizom wariancji cech poddano oddzielnie linie i syntetyki. Współczynniki korelacji dla współzależności cech „kontrola-susza-reakcja na suszę” obliczono na podstawie średnich obiektowych dla linii ($n = 13$) i syntetyków ($n = 9$), a dla współzależności „średnia komponentów-syntetyk” na podstawie trzech powtórzeń ($n = 27$).

WYNIKI

Lata badań (1996, 1997) różniły się znacznie przebiegiem warunków atmosferycznych. Bardziej sprzyjający dla wzrostu, rozwoju i plonowania roślin był rok 1996, w którym korzystniejsze dla bobiku były również warunki glebowe doświadczeń. Zarówno w kontroli, jak i pod folią, uzyskano dwukrotnie wyższe plony nasion niż w roku 1997, pomimo dość zbliżonej w latach reakcji na zastosowaną suszę.

Analiza wariancji wykazała istotny wpływ lat, suszy i obiektów na zmienność cech plonotwórczych badanych materiałów. Różna była także reakcja linii i syntetyków na lata i zastosowaną suszę (istotne współdziałania: lata $\times$ obiekty, wilgotność $\times$ obiekty), przy czym poszczególne obiekty wykazywały taki sam kierunek reakcji (istotnie słabsze plonowanie w roku 1997 niż w 1996 oraz w warunkach suszy niż w warunkach kontrolnych), lecz różny jej stopień. Zróżnicowanie obiektów w reakcji na suszę było niezależne od roku badań (nieistotne współdziałanie lata $\times$ wilgotność $\times$ obiekty).

Większość badanych linii wsobnych, w warunkach kontrolnych dała istotnie niższy plon nasion z rośliny (średnio z lat) niż obydwie odmiany wzorcowe (tab. 1), a w warunkach suszy była zbliżona pod tym względem do bardziej wrażliwej i słabiej plonującej odmiany Dino. Najsilniejszą reakcję na stres przejawiały linie w liczbie nasion z rośliny i plonie nasion z rośliny. Liczbę węzłów owocujących zmniejszyły średnio o 20,5%, liczbę strąków z rośliny o 30%, liczbę nasion z rośliny o 37,6%, a plon nasion z rośliny o 34,9%, w porównaniu z kontrolą. Linie najwyżej plonujące w warunkach suszy (Kagalipskij, Kristal, 150/1 $\times$ 182/1) charakteryzowały się również słabszą reakcją na stres. Nie wszystkie jednak linie słabiej reagujące na suszę dały wyższy plon.

Analiza współzależności cech „kontrola-reakcja na suszę-susza” (tab. 1) wykazała, że w roku 1996 plonowanie linii w warunkach suszy było silniej związane z plonowaniem w kontroli, natomiast w roku 1997 — z tolerancją linii na suszę (istotne, dodatnie współczynniki korelacji). Większą tolerancję wykazywały jednak linie słabo plonujące w warunkach kontrolnych (ujemne współczynniki korelacji), stąd analizowane związki można określić następująco — linie bardziej plenne silniej reagowały na suszę, a pomimo to dawały wyższy plon w warunkach stresu.

Podobne zależności plonowania różnych genotypów w różnych warunkach wilgotnościowych doświadczeń polowych wykazali inni autorzy (Milewska i in. 1995, Link i in., 1997; Amede i in., 1999). W badaniach Milewskiej i wsp. (1995) nad 35 liniami wsobnymi intensywność reakcji na stres, oceniona na podstawie odwodnienia liści, redukcji

powierzchni liści i spadku plonu nasion, zależała od roku badań i różny w latach był stopień powiązania tolerancji linii na suszę z ich plonowaniem. Corocznie jednak linie wyżej plonujące w warunkach kontrolnych, plonowały również wyżej w warunkach stresu, a najwyższym plonem nasion w suszy charakteryzowały się linie, które w najmniejszym stopniu ograniczyły powierzchnię liści.

Tabela 1

Reakcja linii wsobnych bobiku na suszę i ich plonowanie.
Response of field bean inbred lines to drought and their yielding

linie, komponenty syntetyków, —nr lines, components of synthetics — No.		Średnie z lat (1996–1997) Mean values from years (1996–1997)					
		liczba węzłów owocujących no. of fruiting nodes	liczba strąków z rośliny no. of pods per plant	liczba nasion z rośliny no. of seeds per plant	plon nasion z rośliny (g) seed yield per plant (g)		
		$\frac{S}{K} \%$	$\frac{S}{K} \%$	$\frac{S}{K} \%$	K	S	$\frac{S}{K} \%$
Drisa	1, 3	66,4	63,8	50,9	15,7	10,2	62,0
Erfordia	4, 6, 8	77,2	66,6	63,9	16,2	10,4	65,2
Frab Iso	1, 3, 5, 7, 9	72,3	58,0	49,6	18,2	10,8	57,0
Kagalipskij	1, 9	82,1	79,8	69,0	16,3	11,8	72,7
Kristal	4	90,0	78,8	67,6	16,3	11,9	73,5
Prausnitzer	1, 2	77,3	66,5	60,4	16,7	10,5	63,6
150/1 × 26/4	1, 2, 7, 9	80,6	70,7	62,7	17,6	11,6	65,7
150/1 × 182/1	1, 3, 7, 9	86,9	77,3	71,2	16,3	11,9	70,5
182/1 × 153/1	4	81,5	61,9	62,4	13,0	8,6	65,1
756/4 × 2J	4, 6, 8	77,0	66,7	58,4	17,1	10,3	58,8
756/4 × 186/2	8	75,2	67,2	61,6	16,3	9,9	60,4
R-636	1, 2, 3, 5, 7, 8, 9	84,2	78,7	68,0	14,4	9,1	65,9
R-682	1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9	83,0	73,7	65,2	17,1	11,0	66,0
Wzorce: Standards:							
Nadwiślański		71,7	66,2	63,6	18,9	13,4	70,9
Dino		60,0	57,5	48,6	18,9	10,4	55,0
NIR ($P = 0,05$)		-	-	-	1,8	1,8	-
LSD ($P = 0,05$)		-	-	-	1,8	1,8	-
Średnie dla linii; Means for lines		79,5	70,0	62,4	16,2	10,6	65,1
współzależność „kontrola-susza” w latach (współczynniki korelacji) interrelation „control-drought” in years (correlation coefficients)							
K-S	1996	0,664*	0,769**	0,735**		0,730**	
	1997	0,346	0,190	0,020		0,268	
$K - \frac{S}{K} \%$	1996	-0,160	-0,160	-0,402		-0,348	
	1997	-0,707**	0,825**	-0,804**		-0,422	
$\frac{S}{K} \%$ - S	1996	0,631*	0,506	0,322		0,384	
	1997	0,416	0,391	0,575*		0,758**	

K — Kontrola (naturalne warunki polowe); Control (natural field conditions)

S — Susza (namiot foliowy); Drought (polyethylene tunnel)

*, ** — Istotność przy $P = 0,05$, $P = 0,01$

*, ** — Significant at $P = 0,05$, $P = 0,01$

Amede i wsp. (1999), badając 19 linii wsobnych, wykazali również, że linie wyżej plonujące w dobrych warunkach wilgotnościowych, o większej biomase, były bardziej wrażliwe na suszę ale wytwarzały wyższy plon również w warunkach suszy. Autorzy stwierdzili, że można wyselekcjonować genotypy wysokopienne i odporne na suszę w normalnych warunkach, bezstresowych.

W badaniach Linka i wsp. (1997), przeciwnie niż w niniejszych, korelacja między tolerancją na suszę a plonem w warunkach suszy była negatywna (choć nieistotna), ale autorzy wykazali podobną, dodatnią korelację plonu w suszy z plonem w warunkach kontrolnych i genotypową zmienność tolerancji na suszę 41 form różnego pochodzenia. Formy egzotyczne charakteryzowały się większą odziedziczalnością tolerancji niż formy miejscowe. Autorzy uważają, że drogą krzyżowań odpowiednich genotypów można uzyskać formy dobrze plonujące w różnych warunkach środowiska.

Badane populacje syntetyczne wykazywały przeciętnie słabszą reakcję na suszę niż linie wsobne i wyżej plonowały, a korelacje „kontrola-reakcja na suszę-susza” były podobne jak dla linii.

Analiza współzależności plonowania syntetyków i ich linii rodzicielskich (średnia z komponentów-syntetyk) — tabela 2, wykazała, że w warunkach kontrolnych, w obydwu latach, współzależność ta była wysoce istotna we wszystkich określonych cechach (dla plonu nasion z rośliny, średnio — $r = 0,75$). Potwierdzałoby to powszechnie wskazywaną zależność wartości syntetyków od wartości ich komponentów.

Tabela 2

Współzależność syntetyków bobiku i ich linii rodzicielskich w odporności na suszę (współczynniki korelacji)

Relation between synthetics of field bean and their parental lines in drought resistance (coefficients of correlation for synthetics and mean values from their components)

Lata Years	Średnie komponentów Mean for components	Syntetyki (susza) Synthetics (drought)			
		liczba węzłów owocujących no. of fruiting nodes	liczba strąków z rośliny no. of pods per plant	liczba nasion z rośliny no. of seeds per plant	plon nasion z rośliny (g) seed yield per plant
1996	K	0,448*	0,475*	0,556**	0,571**
	S	0,418*	0,504**	0,567**	0,562**
	S/K(%)	-0,077	-0,208	-0,136	-0,106
1997	K	0,680***	0,714***	0,829***	0,858***
	S	0,669***	0,742***	0,829***	0,824***
	S/K(%)	0,587**	0,669***	0,796***	0,754***
Średnia Mean	K	0,564**	0,595**	0,693***	0,715***
	S	0,544**	0,623***	0,698***	0,693***
	S/K(%)	0,255	0,231	0,330	0,324

K — Kontrola (naturalne warunki polowe); Control (natural field conditions)

S — Susza (namiot foliowy); Drought (polyethylene tunnel)

*, **, *** — Istotność przy $P = 0,05$, $P = 0,01$, $P = 0,001$

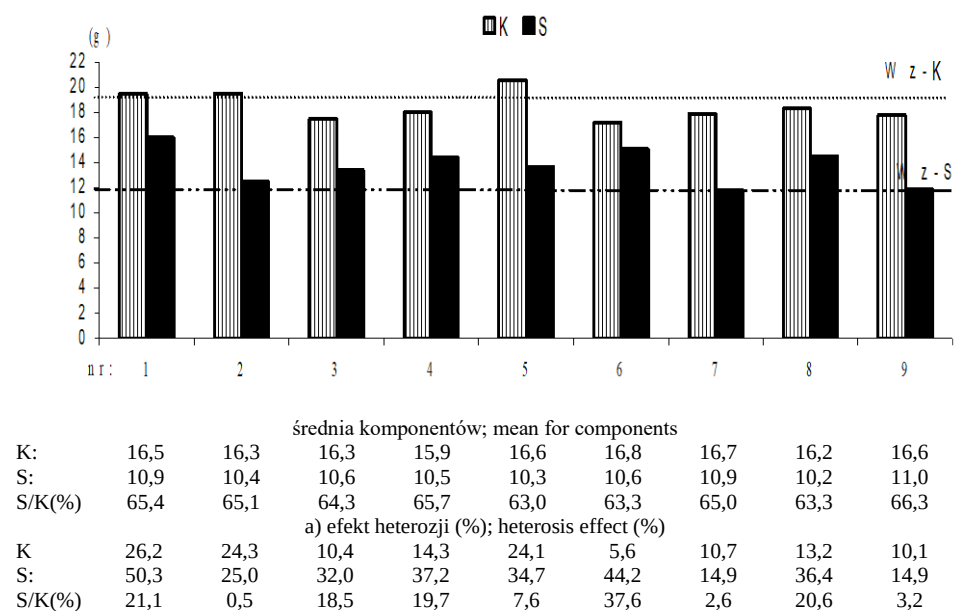
*, **, *** — Significant at $P = 0,05$, $P = 0,01$, $P = 0,001$, respectively

W warunkach stresu wodnego plonowanie populacji syntetycznych było tym wyższe, im wyżej plonowały ich linie rodzicielskie w kontroli i suszy (tab. 2). W roku 1997

wykazano również istotną, dodatnią zależność plonowania syntetyków od tolerancji ich komponentów na suszę.

Średnie z lat współczynniki korelacji dla syntetyków i ich komponentów oraz przedstawione wcześniej zależności plonowania linii „kontrola-susza”, wskazały, że plonowanie populacji syntetycznych w warunkach stresu wodnego zależy od odporności na suszę linii rodzicielskich, przy czym, lepszym kryterium doboru linii do tworzenia takich odmian wydaje się być ich plonowanie w warunkach suszy, lub nawet w kontroli, niż reakcja na suszę, gdyż mniej wrażliwymi na stres mogą okazać się formy niskopienne (dające słabo plonujące syntetyki). Do podobnych wniosków, odnośnie selekcji genotypów do hodowli odmian stabilnie plonujących, doszli Link i wsp. (1997), Abdelmula i wsp. (1999), Amede i wsp. (1999).

Zróznicowanie populacji syntetycznych, zarówno w warunkach kontrolnych, jak i w warunkach suszy, mogło zależeć jednak nie tylko od wartości ich komponentów, ale także od efektów heterozji cech plonotwórczych.



nr: 1-9 — nr syntetyków; K — kontrola (naturalne warunki polowe)

S — susza (namiot foliowy); Wz — średnia wzorców; a) — heterozja w stosunku do średniej komponentów

1-9 — no. of synthetics; K — control (natural field conditions);

S — drought (polyethylene tunnel); Wz — mean of standards; a) — mid-component heterosis

Rys. 1. Plon nasion z rośliny (g) populacji syntetycznych bobiku — średnie z lat

Fig. 1. Seed yield per plant (g) for field bean synthetic populations — mean from years

Odnosząc poszczególne syntetyki do średniej z odpowiednich linii rodzicielskich, stwierdzono, że wykazywały one heterozję kilku cech, zwłaszcza liczby nasion i plonu nasion z rośliny. Efekty heterozji były na ogół wyższe w roku 1997 (mniej sprzyjającym

wysokiemu plonowaniu), a w obydwu latach — wyższe w warunkach suszy niż w kontroli. Potwierdzałoby to znane w innych roślinach zjawisko, iż efekt heterozji wyraża się tym silniej, im gorsze są warunki środowiska. Przeciętnie (z lat), efekt heterozji plonu nasion z rośliny badanych syntetyków wynosił 15,4% w kontroli i 32,2% w warunkach suszy, natomiast dla tolerancji na suszę — 14,6%.

Abdelmula i wsp. (1999), określając podobnie efekt heterozji plonu w 27 mieszańcach bobiku, utworzonych z 12 linii wsobnych, wykazali również, że był on wyższy dla plonu w warunkach suszy (52%) niż w kontroli (39,3%). Nieznaczna była natomiast heterozja tolerancji na suszę (4,8%).

Na rysunku 1 przedstawiono średni z lat plon nasion z rośliny badanych populacji syntetycznych przy odpowiadających im średnich wartościach komponentów i efektach heterozji.

Spośród ocenianych syntetyków do najlepszych zaliczały się syntetyki nr 1, 2 i 5, które zarówno w kontroli, jak i w suszy, przewyższały plonem średnią odmian wzorcowych. Na uwagę zasługuje fakt, że w warunkach suszy wszystkie populacje plonowały wyżej niż średni wzorzec (populacja nr 1 — istotnie wyżej niż odporniejsza odmiana Nadwiślański).

Badane syntetyki prawie nie różniły się średnim (z lat) plonem swoich komponentów, ani ich reakcją na suszę, a pomimo to, były istotnie zróżnicowane w plonowaniu.

Syntetyki, wyróżniające się wyższym plonem w kontroli i suszy (1, 2, 5) wykazywały najwyższy efekt heterozji plonu w tych warunkach, a syntetyki dobrze plonujące w warunkach suszy (1, 4, 6, 8) — także w tolerancji na zastosowaną suszę.

Reasumując można stwierdzić, że przy zbliżonej (średniej z lat) odporności komponentów na suszę, zróżnicowanie populacji syntetycznych w plonie nasion wynikało z różnego efektu heterozji plonu.

WNIOSKI

1. Wykazano istotny związek plonowania populacji syntetycznych bobiku z odpornością ich linii rodzicielskich na suszę.
2. Lepszym kryterium oceny i selekcji linii na komponenty wysokoplennych odmian syntetycznych jest ich plonowanie w warunkach suszy niż reakcja na suszę.
3. Linie wyżej plonujące w kontroli na ogół silniej reagowały na warunki stresowe, lecz stosunkowo dobrze plonowały w tych warunkach oraz dawały bardziej plenne syntetyki.
4. Badane populacje syntetyczne były bardziej tolerancyjne na suszę niż linie wsobne i wykazywały wyższy efekt heterozji cech w warunkach niedoboru wody niż w naturalnych warunkach polowych.
5. Zróżnicowanie plonowania syntetyków nie różniących się odpornością komponentów na suszę, może wynikać z różnego efektu heterozji cech plonotwórczych.

LITERATURA

- Abdelmula A. A., Link W., Kittlitz E. V., Stelling D. 1999. Heterosis and inheritance of drought tolerance in faba bean, *Vicia faba* L. Plant Breed., 118: 485 — 490.
- Amede T., Kittlitz E. V., Schubert S. 1999. Differential drought responses of faba bean (*Vicia faba* L.) Inbred lines. J. Agronomy Crop Sci. 183: 35 — 45.
- Bierljand-Kożiewnik W. M., Udobrienko G. W. 1981. Tr. po Prikl. Bot., Gien. i Sjel., 71 (1): 34 — 40.
- Bond D. A., Jelis G. J., Rowland G. G., Le Guen J., Robertson L. D., Khalil S. A., Li-Juan L. 1994. Present status and future strategy in breeding faba beans (*Vicia faba* L.) for resistance to biotic and abiotic stresses. Euphytica, 7: 151 — 161.
- Brzozowski J., Masłowski J., Segit Z., Milczak M. 2000. Ocena poziomu plonowania mieszańców syntetycznych F₁ i efektów heterozji u bobiku. Fragn. Agron. 8: 43 — 51.
- Ebmeyer E. 1988. Heterosis and genetic variances and their implications from breeding improved varieties of spring beans (*Vicia faba* L.). Plant Breed., 101:200 — 207.
- Fleck A., Rückenbauer P. 1989. Der Polycrostest als methodischer Schritt in der Fababohnenzüchtung (experimentelle Ergebnisse). Bodenkultur. 40 (1): 61 — 72.
- Grzesiuk S., Górecki R. 1978. Metody badania odporności roślin na suszę. Hod. Rośl. Aklim. 1/2: 40 — 46.
- Link W., Ederer W. 1993. The concept of varietal ability for partially allogamous crops. Plant Breed. 110: 1 — 8.
- Link W., Abdelmula A. A., Kittlitz E., Bruns S., Riemer H., Stelling D. 1997. Genotypic variation for drought tolerance in *Vicia faba*. Plant Breed. 118: 477 — 483.
- Milewska J., Januszewicz E. K., Koczowska I. 1995. Response of leaf area, water content, dry matter accumulation and yielding of field bean (*Vicia faba* L.) inbred lines to drought. Proc. 2nd European Conference on Grain Legumes „Improving Production and Utilisation of Grain Legumes” (9–13 July 1995, Copenhagen-Denmark): 126 — 127.
- Milewska J., Koczowska I., Gołaszewski J. 1997. Ocena linii wsobnych bobiku jako komponentów odmian syntetycznych. Zesz. Probl. Post. Nauk. Rol. 446: 119 — 125.
- Plies-Balzer E., Kong T., Schubert S., Mengel K. 1995. Effect of water stress on plant growth, nitrogenase activity and nitrogen economy of four different cultivars of *Vicia faba* L. Eur. J. Agron., 4 (2): 167 — 173.
- Stelling D., Link W., Ebmeyer E. 1994. Yield stability in faba bean, *Vicia faba* L. Effects of heterozygosity and heterogeneity. Plant Breed. 112: 30 — 39.
- Subbarao G. V., Johansen C., Slinkard A. E., Nageswara Rao R. C., Saxena N. P., Chauhan Y. S. 1995. Strategies for improving drought resistance in grain legumes. Crit. Rev. Pl. Sci. 14 (6): 469 — 523.
- Scheybal S. 1988. Performance of field beans of differentiated genetic structures. Archiv. Züchtungsforschung. 18: 45 — 53.

ZOFIA BULIŃSKA-RADOMSKA**JERZY MACEWICZ**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików

Charakterystyka pul genowych i genotypowych populacji naturalnych i odmian hodowlanych koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.) i koniczyny białej (*Trifolium repens* L.)

Characterization of gene and genotype pools of natural populations and cultivars of red (*Trifolium pratense* L.) and white clovers (*Trifolium repens* L.)

Dziesięć odmian uprawnych oraz 30 populacji *T. pratense* i *T. repens* zebranych ze stanowisk naturalnych poddano enzymatycznym badaniom elektroforetycznym w celu określenia zmian w pulach genowych i genotypowych wymienionych gatunków, spowodowanych procesem hodowlanym. W badaniach posłużono się 15 systemami enzymatycznymi. Obliczono łączną liczbę alleli oraz liczbę genotypów w odmianach i populacjach naturalnych oraz określono liczbę genotypów występujących zarówno w odmianach, jak i populacjach oraz genotypów różniących odmiany od populacji naturalnych. U odmian obydwu gatunków nastąpiło zmniejszenie liczby alleli i genotypów w stosunku do populacji naturalnych. Stosunkowo małe różnice w liczbie alleli u obydwu gatunków spowodowały dużo większe zmiany w puli genotypowej odmian hodowlanych. Stwierdzono, że proces hodowlany zarówno w koniczynie czerwonej jak i białej spowodował znaczne zmiany w organizacji zmienności. Nastąpiła eliminacja niektórych alleli oraz genotypów. W odmianach pojawiły się także nowe genotypy nie spotykane dotychczas w populacjach, najprawdopodobniej dzięki wprowadzeniu nowych alleli, pochodzących z obcego materiału wyjściowego. W odmianach obserwowano pojawienie się także nowych genotypów, będących najprawdopodobniej efektem segregacji alleli obecnych w populacjach eliminowanych w naturalnym procesie selekcyjnym.

Słowa kluczowe: odmiany uprawne, izoenzymy, populacje naturalne, *Trifolium*, zróżnicowanie genetyczne

Ten cultivars and 30 natural populations of *T. pratense* and *T. repens* were surveyed in order to characterize the genetic changes which had appeared in these two species as a result of the breeding manipulations. Fifteen enzyme systems were applied. A total number of identified common alleles and genotypes in cultivars and natural populations, and the total number of alleles and genotypes different for *T. pratense* and *T. repens* cultivars and natural populations were calculated. The number of alleles and genotypes was each smaller in cultivars than in natural populations of both species. Relatively small reduction in the number of alleles led to greater differences in genotypic changes in cultivars. The breeding manipulations resulted in reorganization of variability at a genotypic level. Some alleles and

genotypes had been eliminated, but new ones not occurring in natural populations, were found in cultivars. New foreign alleles, which were incorporated into cultivar gene pools led to changes in genotypic composition of cultivars. New genotypes identified among cultivars could be created by segregation of alleles which were already present in natural populations but were eliminated in the process of natural selections.

Key words: cultivars, genetic variability, isozymes, natural population, *Trifolium*

WSTĘP

Hodowla koniczyny czerwonej i białej w Polsce ma dość długą tradycję chociaż obydwie te gatunki nie były poddawane tak intensywnym zabiegom hodowlanym jak główne rośliny rolnicze. Świadczą o tym rodowody odmian uprawnych. Odmiany uprawne z reguły obejmują znacznie ograniczone pule genowe w stosunku do populacji naturalnych i dlatego sięganie do innych źródeł genów jak np. populacji naturalnych stanowi ważny element procesu hodowlanego. Znajomość spektrum genetycznego populacji naturalnych i odmian uprawnych oraz zmian genetycznych jakie wystąpiły w efekcie zabiegów hodowlanych jest ogromnie istotna z punktu widzenia planowanie działań hodowlanych, doboru komponentów do krzyżowań i dalszej selekcji.

Celem badań było porównanie populacji naturalnych i odmian hodowlanych dwóch gatunków koniczyny: *T. pratense* i *T. repens* pod względem ich zróżnicowania genowego i genotypowego oraz ustalenie rozmiarów zmian genetycznych jakim uległy pule genowe populacji naturalnych w wyniku długotrwałego, lecz mało intensywnego procesu hodowlanego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 10 odmian uprawnych oraz 30 populacji *T. pratense* i *T. repens* zebranych ze stanowisk naturalnych w kraju. Charakterystykę odmian podaje tabela 1.

Dla populacji i odmian przeprowadzono badania elektroforetyczne piętnastu systemów enzymatycznych. Do ekstrakcji białek enzymatycznych wykorzystano liście młodych roślin. Ekstrakcję białek enzymatycznych oraz ich rozdział elektroforetyczny, a także wybarwianie enzymów, prowadzono według metodyki Weedena i Emmo (1985). Rozdział białek prowadzono na 11% i 12% żelu skrobiowym w dwóch systemach buforowych: 0,03 M litowo-boranowym (pH 8,1) i 0,005 M histydynowym (pH 6,1). Do analizy zróżnicowania genetycznego użyto jedynie systemy, w których gatunki wykazywały polimorfizm (tab. 2). Obliczono łączną liczbę alleli oraz liczbę genotypów w odmianach i populacjach naturalnych oraz określono liczbę genotypów występujących zarówno w odmianach, jak i populacjach oraz genotypów różniących odmiany od populacji naturalnych.

Tabela 1

Charakterystyka odmian koniczyny czerwonej (*T. pratense*) i koniczyny białej (*T. repens*)
Cultivar characteristics of red (*T. pratense*) and white clovers (*T. repens*).

Odmiana Cultivar	Miejsce wytworzenia Breeding company	Rok wyhodowania Year of release	Pochodzenie Pedigree
<i>T. pratense</i> : Radyka	ZDHAR	1978	odmiana wielkolistna × poliploidy łąkowe
Hruszowska	SHR Palikije SHR Poturzyn	1956	genotypy miejscowej populacji uprawianej w województwie lubelskim i przekrzyżowanie z odmianą Gloria i innymi formami z Ukrainy i Białorusi
Ulka	SHR Ulhówek	1985	Hungaropoly × B 67/6
Parka	SHR Palikije	1982	Violetta × Hruszowska
Bryza	SHR Palikije	1992	mieszaniec dwóch rodów niemieckich z mieszaniny pojedynczych polsko-niemieckich
<i>T. repens</i> : Dara	SHR Antoniny-Leszno	1996	Armena × (f. <i>Hollandicum</i> × f. <i>Silvestre</i>)
Rema	SHR Antoniny-Leszno	1976 — 1998+	Culture × K 08/65 (klon z odmiany Podkowa) × K 27/67 (klon z populacji pastwiskowej)
Astra	SHR Antoniny-Leszno	1980	z przekrzyżowania zimotrwałych klonów wybranych z odmian Ladino, Lodigiano, Radzikowska i populacji pastwiskowych
Armena	SHR Antoniny-Leszno	1986+	mieszaniec klonów odmian Milka i C 17-30
Radzikowska, Radi	IHAR Radzików	1970 — (1988) 1989+	ekotyp z Mińska × ekotypy amerykańskie

() — Rok wycofania z hodowli

+ — Rok ponownego wprowadzenia do hodowli

Tabela 2

Polimorficzne systemy enzymatyczne (P)
Polymorphic enzyme systems

Enzym Enzyme	Gatunek Species	
	<i>T. repens</i>	<i>T. pratense</i>
Dehydrogenaza alkoholowa (ADH) Alcohol dehydrogenase	P	P
Aminotransferaza asparaginianowa (AAT) Aspartate aminotransferase	P	P
Diaforaza (DIA) Diaforase	P	
Esteraza (EST) Esterase	P	P
Aminopeptydaza leucynowa (LAP) Leucine aminopeptidase	P	P
Dehydrogenaza izocytrynianowa (IDH) Isocitric dehydrogenase	P	P
Dehydrogenaza jabłczanowa (MDH) Malate dehydrogenase	P	P
Peroksydaza (PRX) Peroxidase	P	
Fosfoglucoizomeraza (PGI) Phosphoglucoisomerase	P	P
Fosfoglukomutaza (PGM) Phosphoglucomutase	P	P
Dehydrogenaza fosfoglukonianowa (PGD) Phosphogluconate dehydrogenase	P	
Dysmutaza nadtlenkowa (SOD) Superoxidate dismutase	P	

WYNIKI I DYSKUSJA

Koniczyna czerwona

Populacje koniczyny czerwonej były w różnym stopniu zróżnicowane w stosunku do odmian pod względem liczby *loci*, alleli i genotypów (tab. 3). Polimorficznych *loci* w odmianach było od 3 do 5 w przeciwieństwie do populacji, u których takich *loci* było od 5 do 10. Populacje wykazywały również znacznie większy od odmian zakres liczby alleli i genotypów. U odmian liczba alleli wynosiła od 18 do 22, podczas gdy w populacjach było ich od 20 do 27. Stwierdzono od 36 do 48 różnych genotypów w populacjach, natomiast w odmianach było ich mniej, bo tylko od 38 do 44 (tab. 4). Liczbę genotypów w poszczególnych *loci* enzymatycznych oraz genotypów wspólnych dla populacji i odmian podaje tabela 4.

Tabela 3

Liczba *loci* i alleli w odmianach hodowlanych i populacjach naturalnych
Number of loci and alleles in cultivars and natural populations

Gatunek Species	Liczba populacji (odmian) Number of populations (cultivars)	Łączna liczba <i>loci</i> polimorficznych w populacjach (odmianach) Number of polymorphic <i>loci</i> in populations (cultivars)	Łączna liczba alleli w <i>loci</i> polimorficznych w populacjach (odmianach) Number of alleles in polymorphic <i>loci</i> in populations (cultivars)	Łączna liczba genotypów w populacjach (odmianach) Number of genotypes in populations (cultivars)
<i>T. pratense</i>	15 (5)	10 (5)	27 (22)	44 (36)
<i>T. repens</i>	15 (5)	12 (12)	41 (31)	235 (201)

Tabela 4

Liczba obserwowanych genotypów w *loci* enzymatycznych w populacjach naturalnych i odmianach koniczyny czerwonej (*T. pratense*)
Number of genotypes in populations and cultivars of red clover (*T. pratense*)

<i>Locus</i>	Populacje Populations	Odmiany (wspólne) Cultivars (common)
Fosfoglucoizomeraza (Pgi) Phosphoglucosomerase	6	7 (5)
Aminotransferaza asparaginianowa (Aat) Aspartate aminotransferase	4	5 (4)
Aminopeptydaza leucynowa (Lap) Leucine aminopeptidase	9	6 (6)
Dysmutaza nadtlenkowa (Sod) Superoxide dismutase	7	5 (4)
Peroxydaza (Prx) Peroxidase	6	6 (6)
Diaforaza 1 (Dia) Diaforase	3	3 (2)
Diaforaza 2 (Dia) Diaforase	2	3 (2)
Dehydrogenaza fosfoglukonianowa 1 (Pgd) Phosphogluconate dehydrogenase	3	4 (3)
Dehydrogenaza fosfoglukonianowa 2 (Pgd) Phosphogluconate dehydrogenase	5	2 (2)
Dehydrogenaza izocytrynianowa (Idh) Isocitric dehydrogenase	3	3 (2)
Razem Total	48	44 (36)

Koniczyna biała

Populacje koniczyny białej były bardziej zróżnicowane pod względem liczby alleli i genotypów niż odmiany hodowlane. Zarówno u odmian, jak i populacji wszystkie badane *loci* wykazywały polimorfizm. Podobnie jak u koniczyny czerwonej populacje wykazywały znacznie większy niż odmiany zakres liczby alleli i genotypów. W odmianach liczba alleli wynosiła od 26 do 31, a w populacjach było ich od 27 do 41. U odmian obserwowano obecność 2 nowych alleli. W populacjach liczba genotypów wahała się od 218 do 235, a u odmian od 189 do 201. Liczbę genotypów w poszczególnych *loci* enzymatycznych oraz genotypów wspólnych dla populacji i odmian podaje tabela 5.

Tabela 5

Liczba genotypów wykrytych w *loci* enzymatycznych w populacjach naturalnych i odmianach koniczyny białej (*T. repens*)

Number of genotypes in populations and cultivars of white clover (*T. repens*)

<i>Locus</i>	Populacje Populations	Odmiany (wspólne) Cultivars (common)
Dehydrogenaza alkoholowa (Adh) Alcohol dehydrogenase	18	15 (12)
Aminotransferaza asparaginianowa (Aat) Aspartate aminotransferase	16	13 (11)
Diaforaza (Dia) Diaforase	12	14 (8)
Esteraza (Est) Esterase	26	18 (14)
Aminopeptydaza leucynowa (Lap) Leucine aminopeptidase	28	21 (18)
Dehydrogenaza izocytrynianowa (Idh) Isocitric dehydrogenase	18	16 (12)
Dehydrogenaza jabłczanowa (Mdh) Malate dehydrogenase	31	19 (15)
Peroksydaza (Prx) Peroxidase	22	20 (14)
Fosfoglucoizomeraza (Pgi) Phosphoglucoisomerase	24	20 (13)
Fosfoglukomutaza (Pgm) Phosphoglucomutase	15	18 (10)
Dehydrogenaza fosfoglukonianowa (Pgd) Phosphogluconate dehydrogenase	9	13 (7)
Dysmutaza nadtlenkowa (Sod) Superoxide dismutase	16	14 (9)
Razem Total	235	201 (143)

U odmian obydwu badanych gatunków koniczyny nastąpiło zmniejszenie liczby alleli i genotypów w stosunku do populacji naturalnych. Relatywnie małe różnice w liczbie alleli u obydwu gatunków spowodowały dużo większe zmiany w puli genotypowej odmian hodowlanych. Pomimo, że u koniczyny czerwonej liczba genotypów obniżyła się o niecałe 9% to tylko 78% genotypów w odmianach i populacjach było wspólnych. Pozostałe 22% to genotypy nowe i wyeliminowane. W koniczynie białej liczba genotypów u odmian obniżyła się nieco bardziej, bo o 15% wspólnych genotypów odmiany i populacje miały tylko 61%. Uzyskane wyniki wskazują, że proces hodowlany zarówno w koniczynie

czerwonej, jak i białej, pomimo że nie miał charakteru intensywnego, spowodował znaczne zmiany w zmienności genotypowej. Podobne obserwacje Bulińska-Radomska (1996) przedstawiła w odniesieniu do dwóch innych gatunków koniczyny *T. incarnatum* i *T. hybridum*. W obydwu gatunkach koniczyny, niezależnie od eliminacji niektórych alleli, nastąpiła utrata genotypów najprawdopodobniej mniej pożądanych z punktu widzenia ich przydatności gospodarczej. Pojawiły się także nowe genotypy nie spotykane dotychczas w populacjach naturalnych, najprawdopodobniej dzięki wprowadzeniu do odmian nowych alleli, pochodzących z obcego materiału wyjściowego użytego do ich wyprowadzenia. Jest również prawdopodobne, że u odmian pojawiły się także nowe genotypy, będące efektem segregacji alleli obecnych już w populacjach, które z racji swojej nieprzydatności lub innego powodu, były eliminowane w naturalnym procesie selekcyjnym. Prezentowane wyniki są zgodne z tezą Allarda (1988, 1997), że w trakcie procesu hodowlanego następuje restrukturyzacja zmienności, polegająca na eliminacji alleli niekorzystnych, a zwiększeniu częstości alleli związanych z adaptacją do środowiska rolniczego. Za zmiany na poziomie genotypowym odpowiedzialna jest selekcja kierowana przez człowieka, która ma inne cele niż selekcja naturalna. Nadrzędnym celem selekcji naturalnej jest przystosowanie genotypów roślinnych do jak najefektywniejszego bytowania w naturalnych warunkach środowiska, które różni się od środowiska rolniczego, i dlatego utrata części puli genowej w procesie hodowlanym jest nieunikniona.

WNIOSKI

1. Proces hodowlany u koniczyny czerwonej i koniczyny białej przyczynił się do znacznie większych zmian w zmienności genotypowej niż genowej.
2. Proces hodowlany jest nierozłącznie związany z utratą części pul genowych i genotypowych reprezentowanych w populacjach naturalnych.

LITERATURA

- Allard R. W. 1988. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. *J. Heredity* 79: 225 — 238.
- Allard R. W. 1997. Genetic basis of the evolution of adaptedness in plants. In: *Adaptation in plant breeding*. P. M. A. Tigerstedt (ed.). Kluwer, Dordrecht: 1 — 11.
- Bulińska-Radomska Z. 1996. Zróżnicowanie genetyczne odmian i populacji naturalnych *Trifolium hybridum* i *T. incarnatum*. *Biul. IHAR*. 200: 363 — 366.
- Weeden N., Emmo A. 1985. Horizontal starch gel electrophoresis. Laboratory procedures. Dept. Hortic. Sci. N.Y. State Agric. Exp. Station, Geneva, USA.

HALINA GÓRAL¹JADWIGA PRZYDATEK²LUDWIK SPISS¹¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza w Krakowie² Stacja Hodowli Roślin, Nieznanice

Selekcja koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.) uwzględniająca długość i liczbę główek

Selection of red clover (*Trifolium pratense* L.) with regard to length and number of flower heads

W wyniku 1–3-krotnych dwukierunkowych krzyżowań wypierających mieszańców form długogłówkowych i roślin odmiany Nike wytworzono dwie grupy rodów (N i D), różniące się długością i liczbą główek. Rody N pochodziły z krzyżowań wypierających z odmianą Nike, a rody D — z krzyżowań wypierających z formą długogłówkową. Wśród rodów przeprowadzono selekcję wskaźnikową na plon nasion, uwzględniającą długość główek i liczbę główek z rośliny, cechy ujemnie skorelowane. Wszystkie rody charakteryzowały się średnio dłuższymi główkami, większą liczbą nasion z główki i większym plonem nasion oraz mniejszą liczbą główek z jednostki powierzchni w porównaniu z odmianą Nike. Rody D, mimo zdecydowanie większej długości główek i liczby nasion z główki w porównaniu z rodami N, charakteryzowały się średnio podobnym plonem nasion z powodu znacznie mniejszej liczby główek. Były średnio gorsze od odmiany Nike pod względem plonu świeżej i suchej masy. Jeden z rodów N charakteryzował się większymi wartościami plonu nasion i zielonej masy oraz innych ważnych z rolniczego punktu widzenia cech niż odmiana kontrolna Nike. Przeprowadzone badania wskazują, że jest możliwe poprawienie plonu nasion i zielonej masy u koniczyny czerwonej drogą krzyżowania form, różniących się długością i liczbą wytwarzanych główek oraz selekcji fenotypów uwzględniających te cechy.

Słowa kluczowe: długość główek, liczba główek, koniczyna czerwona, plon nasion, selekcja

Two types of red clover breeding forms of different length and number of flower heads were developed by 1–3 backcrosses of cv. Nike with long-head clover. Progenies N were obtained by backcrossing F₁ to Nike, and progenies D — to long-head genotypes. Index selection for seed yield among progenies included negatively correlated traits: flower head length and their number. Compared to cv. Nike all the progenies gave higher seed yield and on average showed longer heads, a greater number of seeds per head with a lower number of heads. Although the head length and seed number per head in progenies D were much higher than in progenies N, their seed yield was comparable due to much smaller number of heads. Their green and dry matter yield were lower than those of progenies N. One of the progenies N exhibited a higher level of seed and forage yield, as well as of other agronomic traits, as compared to cv. Nike. It is concluded that forage and seed yield of red clover can be improved

by intercrossing forms of different flower head length and head number followed by appropriate selection.

Key words: length flower head, number of heads, red clover, seed yield, selection

WSTĘP

Dobra plenność nasienna ma istotne znaczenie dla upowszechniania się nowych odmian roślin motylkowatych drobnonasiennych w praktyce (Broniarz, 2000). Uprawiane odmiany koniczyny czerwonej charakteryzują się dużym potencjałem plonowania dzięki dużej liczbie wytwarzanych kwiatów, jednak nierównomierność kwitnienia i dojrzewania oraz przedłużony okres kwitnienia powodują konieczność desykacji i straty nasion przy zbiorze.

W Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej w Krakowie, z krótkorurkowej populacji koniczyny czerwonej, chętnie zapylanej przez owady krótkojęzyczkowe (Jabłoński, 1975, 2001), wyselekcjonowano formy długogłówkowe (Góral i Spiss, 1995; Góral, 1996), które charakteryzują się bardzo dużym wiązaniem nasion w główce, wynikającym z kilkakrotnie większej liczby kwiatów w główkach w porównaniu do odmian uprawnych (Góral i Spiss, 1995, 1999). Korzystną cechą tych form jest równomierne kwitnienie i dojrzewanie. Rośliny długogłówkowe wytwarzają jednak mniejszą liczbę główek i mniej masy vegetatywnej w porównaniu do odmian i mogą stanowić jedynie materiał wyjściowy do hodowli. W celu połączenia korzystnej cechy wydłużonego kwiatostanu ze zdolnością wytwarzania odpowiedniej liczby główek wykonano 1–3-krotne dwukierunkowe krzyżowania wypierające mieszańców F_1 , pochodzących z krzyżowania form długogłówkowych z odmianą Nike. Otrzymano dwie grupy rodów. Jedną grupę stanowiły rody z krzyżowań wypierających z odmianą Nike, a drugą — rody z krzyżowań wypierających z formami długogłówkowymi.

Celem pracy było przeprowadzenie selekcji na plon nasion wśród otrzymanych rodów, uwzględniającej długość główek i liczbę główek z rośliny, cechy ujemnie skorelowane (Góral i Spiss, 1999) oraz ocena plonu nasion i plonu zielonej masy u wyselekcjonowanych rodów.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań wytworzono w latach 1994–1997. Badania prowadzono w latach 1997–2001 w Stacji Doświadczalnej Prusy Akademii Rolniczej w Krakowie, Stacji Hodowli Roślin Nieznanice i Palikije. W 1996 roku założono w Prusach na dwóch izolowanych przestrzennie polach szkółki selekcyjne obejmujące 36 rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike (rody N) oraz 13 rodów otrzymanych z krzyżowań wypierających z roślinami długogłówkowymi (rody D). Każda szkółka składała się z 49 roślin, wysadzonych w rozstawie 50 x 50 cm. Poszczególne szkółki odizolowano od siebie 3 m pasem gorczycy, kwitnącej w tym samym czasie co koniczyna. W stadium butonizacji w każdej szkółce wykonano selekcję fenotypową, usuwając rośliny porażone przez choroby i wirusy, rośliny o płożącym pokroju lub odbiegające wyglądem od pozostałych. Po selekcji w każdej szkółce pozostało od kilku

do kilkunastu roślin. Rośliny te zapylane były przez owady głównie w obrębie własnej szkółki. Przed zbiorem nasion zmierzono długość główek (na próbie 5 główek z każdej rośliny), policzono główki i wymłócono je. Do wyznaczenia wskaźników selekcyjnych posłużono się danymi, otrzymanymi w latach 1994–1995 z wielu pojedynczych roślin, różniących się długością i liczbą główek. Jednym ze wskaźników był plon nasion z rośliny, wyznaczony z równania regresji wielokrotnej:

$$Y = -65 + 0,3x_1 + 1,3x_2,$$

gdzie Y – plon nasion (g);

x_1 – liczba główek z rośliny;

x_2 – długość główek (mm).

Drugi wskaźnik obliczono według uproszczonego wzoru podanego przez Żuka (1973) z własnymi modyfikacjami, jako tak zwany indeks odziedziczalności, uwzględniający zamiast wartości ekonomicznej wagę długości i liczby główek. Ten wskaźnik obejmował odziedziczalność obu cech, ocenioną w latach 1994–1995 i wynoszącą dla długości główek 0,83, a dla liczby główek 0,60 (Góral i Spiss, 1999). Wagę cech obliczono w następujący sposób: średnia długość główek w latach 1994–1995 wynosiła 30,3 mm, liczba główek z rośliny — 161,1, a liczba nasion z główki — 221,2; stąd na 1 mm długości główek przypadało średnio 7,3 nasion. Zysk 1 mm długości każdej z 161,1 główek dla plonu nasion z rośliny był 5,3 razy większy niż zysk 1 główki na roślinę (średnio 221,2 nasion). Indeks selekcyjny przyjął postać:

$$I = 0,60(x_1 - x_{1.}) + (0,83 \times 5,3) (x_2 - x_{2.})$$

lub

$$I = (x_1 - x_{1.}) + 7,33 (x_2 - x_{2.}),$$

gdzie I – plon nasion z rośliny (g);

x_1 – liczba główek z rośliny;

x_2 – długość główek (mm).

Posługując się oboma wskaźnikami i wybierając rody, dla których plon nasion wynosił powyżej 25 g z rośliny, spośród ogólnej liczby 49 rodów, wybrano 8 rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike i 7 rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z roślinami długogłówkowymi (tab. 1).

Tabela 1

**Wybrane rody
Selected strains**

Rody N — Strains N		Rody D — Strains D	
numer — number	pochodzenie ¹ — origin	numer — number	pochodzenie ¹ — origin
5	BC ₂ N	68	BC ₃ D
9	BC ₂ N	70	BC ₂ D
11	BC ₂ N	71	BC ₂ D
13	BC ₂ N	81	BC ₁ D
15	BC ₂ N	82	BC ₁ D
23	BC ₁ N	84	BC ₁ D
28	BC ₁ N	85	BC ₁ D
32	BC ₁ N		

¹ Liczby w indeksie oznaczają liczbę cykli krzyżowań wypierających z Nike (N) i formą długogłówkową (D)

¹ Subscripts denote the number of backcross generations to cv. Nike (N) and to long-head forms (D)

Wyselekcjonowane rody oraz odmianę Nike wysiano w doświadczeniach ścisłych w Prusach (1998) w celu oceny plonu nasion i komponentów plonu oraz w Nieznanicach i w Palikijach w dwóch seriach (1998–2000 i 1999–2001) w celu oceny cech wegetatywnych. Doświadczenia założono metodą losowanych bloków w 4 powtórzeniach. Poletka doświadczenia założonego w Prusach składały się z 2 rzędów o długości 1 m i rozstawie 0,25 m, na których wysiano nasiona w ilości odpowiadającej w przeliczeniu 10 kg/ha. Odległość między poletkami wynosiła 0,5 m. Do zbioru nasion pozostawiony był drugi pokos. Pierwszy pokos przeprowadzono w stadium butonizacji. W stadium dojrzałości zmierzono długość główek (5 główek z pędów głównych na każdym poletku), policzono główki, ręcznie je zebrano, wymłócono i oceniono plon nasion. Liczbę nasion z główki uzyskano z przeliczenia masy nasion z główki i masy 1000 nasion. Doświadczenia w Nieznanicach i Palikijach założono na poletkach 5 m² zgodnie z instrukcją zakładania i prowadzenia doświadczeń wstępnych. Oceniono plon świeżej masy, suchą masę metodą suszarkową, zawartość białka i włókna w suchej masie (na podstawie jednej łącznej próby z 4 powtórzeń przy pomocy aparatu Inframatic) oraz zimotrwałość i porażenie przez mączniaka w skali 9°.

WYNIKI I DYSKUSJA

Z obu populacji (rody N i D) wyselekcjonowano rody charakteryzujące się średnio większą długością i liczbą główek z rośliny niż średnie dla populacji poddanych selekcji, przy czym zakres zmienności tych cech u poszczególnych rodów był dość duży (tab. 2). Wśród rodów populacji wyjściowych i wyselekcjonowanych utrzymana została tendencja do wytwarzania dłuższych główek przy ich mniejszej liczbie, znana z wcześniejszych badań (Góral i Spiss, 1995, 1999; Góral, 1996). Rody N miały znacznie więcej mniejszych główek niż rody D. Te ostatnie charakteryzowały się mniejszą liczbą główek, które były znacznie dłuższe niż u rodów N.

Tabela 2

Długość główek i liczba główek z rośliny rodów koniczyny czerwonej poddanych selekcji (M₀) i wyselekcjonowanych (M_s)

Length and number of flower heads of red clover progenies before (M₀) and after (M_s) selection

Populacja ¹ Population	Liczba rodów No. of strains	Liczba roślin No. of plants	Długość główek Head length mm	Liczba główek z rośliny No. of heads per plant
M ₀ N	36	415	21,2 ² 17,8–25,8	188,8 125,7–265,5
M _s N	8	96	22,6 20,4–24,8	248,0 223,8–292,6
M ₀ D	13	146	28,3 23,2–31,5	173,4 132,6–207,5
M _s D	7	82	28,6 26,0–31,5	187,8 163,5–209,8

¹ N i D — rody z krzyżowań wypierających odpowiednio z odmianą Nike i formą długogłówkową

¹ N and D — backcrosses to Nike and to long-head forms, respectively

² Pierwszy wiersz — średnia, drugi wiersz — zakres,

² First line — mean, second — range

Wyselekcjonowane rody dały większy plon nasion w porównaniu z odmianą Nike mimo mniejszej liczby główek z jednostki powierzchni, dzięki średnio dłuższym główkom i większej liczbie nasion z główki (tab. 3). Rody D, mimo zdecydowanie większej długości główek i liczby nasion z główki w porównaniu z rodami N charakteryzowały się średnio podobnym plonem nasion z powodu znacznie mniejszej liczby wytwarzanych główek. Cztery rody N i dwa rody D wykazały o 21,2–35,8% większy plon nasion niż odmiana Nike.

Tabela 3

Plon nasion i komponenty plonu wyselekcjonowanych rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike (N) i z formą długogłówkową (D), Prusy, 1999
Seed yield and its components of selected progenies from backcrosses to Nike (N) and to long-head form (D), Prusy, 1999

Rody Strains	Liczba Number	Długość główek Head length mm	Liczba główek/0,75m ² No. of heads/0.75m ²	Liczba nasion/główkę Seeds/head	Masa 1000 nasion 1000 seed weight g	Plon nasion Seed yield g/m ²
N	8	26,8 ¹ 24,8–31,6	900,7 807,5–1022,8	55,7 50,2–61,5	1,42 1,34–1,48	71,3 56,0–82,7
D	7	33,0 29,2–35,0	681,7 636,2–728,2	70,3 60,0–80,5	1,45 1,34–1,57	69,5 58,1–80,0
Nike		21,4	1029,0	42,0	1,40	60,9

¹ Pierwszy wiersz — średnia, drugi wiersz — zakres

¹ First line — mean, second — range

Plon świeżej i suchej masy rodów N w Nieznanicach był podobny do plonu odmiany Nike tylko w pierwszym roku użytkowania I serii doświadczeń. W drugim roku użytkowania i w II serii był średnio mniejszy niż u odmiany kontrolnej (tab. 4, 5).

W Palikijach rody N wykazywały średnio większy plon świeżej i suchej masy w obu latach użytkowania. Obie miejscowości różniły się warunkami glebowymi (Nieznanice — rędzina o podłożu piaszczystym, Palikije — gleba lessowa) oraz warunkami klimatycznymi. W Palikijach rody N zimowały znacznie lepiej niż odmiana Nike. W drugim roku użytkowania niektóre z nich wykazywały o 33,4 do 70,4% większy plon świeżej masy i 36,8 do 63,2% większy plon suchej masy niż odmiana Nike. Rody D były średnio gorsze od odmiany Nike pod względem plonu świeżej i suchej masy w obu miejscowościach i obu latach użytkowania.

Tabela 4

Plon świeżej masy (suma pokosów, t/ha) rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike (N) i z formą długogłówkową (D)
Forage yield (total of cuts, t/ha) of progenies from backcrosses to Nike (N) and long-head form (D)

Rody Strains	Liczba Number	Nieznanice		Palikije		Nieznanice	
		1999	2000 ¹	1999	2000	2000	2001
N	8	105,6 ² 96,0–110,6	17,6 15,4–21,2	98,2 91,2–106,6	23,0 12,1–33,2	42,2 35,3–49,0	31,3 23,3–37,6
D	7	99,0 97,1–102,8	18,2 14,7–23,7	85,4 75,9–99,2	16,9 8,8–25,1	40,1 35,9–46,1	31,6 22,0–39,8
Nike		107,0	20,5	89,5	19,4	47,2	36,2

¹ Dane tylko z I pokosu

¹ First cut only

² Pierwszy wiersz — średnia, drugi wiersz — zakres

² First line — mean, second — range

Tabela 5

Plon suchej masy (suma pokosów, t/ha) rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike (N) i z formą długogłówkową (D)
Dry matter yield (total of cuts, t/ha) of progenies from backcrosses to Nike (N) and to long-head form (D)

Rody Strains	Liczba Number	Nieznanice		Palikije		Nieznanice	
		1999	2000 ¹	1999	2000	2000	2001
N	8	22,5 ²	5,0	13,9	4,4	11,1	7,0
		20,5–23,8	3,9–5,1	13,2–15,0	2,5–6,0	9,5–12,6	5,4–8,3
D	7	20,8	4,4	12,1	3,2	10,5	6,9
		19,8–22,3	3,6–5,5	10,8–14,6	1,8–4,9	9,7–11,0	4,8–8,8
Nike		23,4	5,0	13,2	3,7	12,1	8,2

¹ Dane tylko z I pokosu¹ First cut only.² Pierwszy wiersz — średnia, drugi wiersz — zakres² First line — mean, second — range

Zawartość białka u rodów badanych w Nieznanicach wahała się w zależności od roku, pokosu i roku użytkowania od 12,5 do 25,6% i wynosiła średnio 17,1%, nieco mniej niż u odmiany Nike (17,6%), a w Palikijach wahała się od 12,7 do 22,5% i była nieco większa (16,7%) niż u odmiany Nike (15,6%). Zawartość włókna była średnio mniejsza u rodów niż u odmiany Nike. Najlepszy ród N (N-13) charakteryzował się większą długością główek i liczbą nasion z główki, większym plonem nasion, większym plonem zielonej i suchej masy, (szczególnie w Palikijach) niż odmiana Nike, podobną lub większą zawartością białka i włókna, lepszą zimotrwałością, stwierdzoną w Palikijach i podobną podatnością na mączniaka jak odmiana Nike, przy zdecydowanie mniejszej liczbie wytwarzanych główek (tab. 6).

Najlepszy ród D (D-85) miał dłuższe główki, większą liczbę nasion z główki, większy plon nasion niż odmiana Nike, ale o wiele mniejszą liczbę główek z jednostki powierzchni. Tylko w Palikijach, w drugim roku użytkowania wydał większy plon zielonej i suchej masy niż odmiana Nike. Plon zielonej i suchej masy tego roku w Nieznanicach był mniejszy niż u odmiany kontrolnej. Ogólnie rody D wykazywały mniejszą trwałość, obserwowaną szczególnie w Nieznanicach i mimo zdecydowanie lepszego plonowania nasiennego były gorsze od odmiany kontrolnej pod względem cech wegetatywnych.

Tabela 6

Charakterystyka dwóch najlepszych rodów, pochodzących z krzyżowań wypierających z odmianą Nike (N-13) i z formą długogłówkową (D-81)
Traits of two best progenies from backcrosses to Nike (N-13) and to long-head form (D-81)

Cecha Trait	Miejscowość Locality	Rok Year	N-13	D-81	Nike	NIR _(0,05) LSD _(0,05)
1	2	3	4	5	6	7
Długość główek — Head length, mm			26,0	35,0	21,4	4,2
Główki/0,75 m ² — Heads/0.75 m ²			879,8	657,2	1029,0	154,1
Nasiona/główkę — Seeds/head	Prusy	1999	61,5	80,5	42,0	10,2
Masa 1000 nasion — 1000 seed weight			1,4	1,5	1,4	0,08
Plon nasion — Seed yield			73,8	80,0	60,9	17,4
Plon świeżej masy, suma pokosów	Nieznanice	1999	1106,2	1009,2	1070,2	104,9
Forage yield, total of cuts		2000 ¹	212,5	186,6	204,7	40,6
dt/ha	Palikije	1999	1066,5	877,5	895,0	106,0
		2000	331,5	230,0	194,5	63,5

c.d. Tabela 6

1	2	3	4	5	6	7
Plon suchej masy, suma pokosów	Nieznanice	1999	232,2	207,7	233,5	21,1
Dry matter yield, total of cuts		2000 ¹	51,4	46,1	50,2	9,5
dt/ha	Palikije	1999	149,8	130,8	131,6	16,4
		2000	60,4	45,0	37,0	13,0
Zawartość białka	Nieznanice	1999	19,5	20,8	20,2	
Protein content		2000 ¹	16,2	17,1	16,3	
%	Palikije	1999	18,4	17,7	16,4	
		2000	14,2	15,1	14,8	
Zawartość włókna	Nieznanice	1999	18,5	17,8	17,4	
Fiber content		2000 ¹	30,4	33,4	33,2	
%	Palikije	1999	17,4	17,6	20,2	
		2000	22,6	22,1	22,0	
Zimotrwałość	Nieznanice	1999	6,3	7,3	6,0	
Winterhardiness		2000 ¹	5,8	6,0	5,8	
skala, scale 9°	Palikije	1999	8,8	8,0	8,5	
		2000	4,0	2,5	2,8	
Odporność na mączniaka	Nieznanice	1999	8,8	8,8	9,0	
Resistance to mildew		2000 ¹	7,8	7,0	8,0	
skala, scale 9°	Palikije	1999	9,0	7,5	9,0	
		2000	9,0	9,0	9,0	

¹ Dane tylko z I pokosu¹ First cut only

WNIOSKI

1. Poprawienie plonu nasion i zielonej masy u koniczyny czerwonej jest możliwe poprzez krzyżowanie form, różniących się długością i liczbą wytwarzanych główek oraz selekcję fenotypów uwzględniającą te cechy.
2. Selekcja powinna wyodrębniać pojedynki o nieco zwiększonej długości główek z zachowaniem liczby wytwarzanych główek na poziomie odmian uprawnych.
3. Wybór pojedynków o znacznie wydłużonych główkach może zaowocować większym plonem nasion ale równocześnie zmniejszeniem plonu zielonej masy.

LITERATURA

- Broniarz J. 2000. Analiza postępu krajowej hodowli odmian roślin motylkowatych drobnonasiennych. Hod. Rośl. Nasien. 3: 16 — 28.
- Góral H. 1996. Skuteczność selekcji w kierunku zwiększania liczby kwiatów w główkach krótkorurkowej populacji koniczyny czerwonej. Biul. IHAR 200: 367 — 372.
- Góral H., Spiss L. 1995. Cecha długiego kwiatostanu u koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.). i jej znaczenie dla plonu nasion. Acta Agr. et Silv. ser. Agraria XXXIII: 13 — 18.
- Góral H., Spiss L. 1999. Mieszańce odmiany Nike z długogłówkową formą koniczyny czerwonej (*Trifolium pratense* L.). Zesz. Nauk. AR w Krakowie, 347: 101 — 106.
- Jabłoński B. 1975. Porównanie krótkorurkowej populacji koniczyny czerwonej z odmianami uprawianymi w kraju. Pszczeln. Zesz. Nauk. XIX: 31 — 38.
- Jabłoński B. 2001. Agronomic and beekeeping value of short-tube populations of red clover (*Trifolium pratense* L.). J. Apicult. Sci. 45: 37 — 50.
- Żuk B. 1973. Metody genetyki populacji w hodowli zwierząt. PWR i L, Warszawa.

LESZEK STYSZKO ¹
TOMASZ MODZELEWSKI ¹
JULIUSZ KAMASA ²
ADAM MAJEWSKI ³

¹ Politechnika Koszalińska, Katedra Biologii Środowiskowej, Koszalin

² Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka

³ Flora Frey Polska Sp. z o.o. Wrocław

Relacje pomiędzy typem konsumpcyjnym (kulinarnym) a cechami morfologii bulw ziemniaka

The relationship between a type of cooking quality (culinary) and morphological features of potato tubers

Analizowano zależność pomiędzy cechami morfologii bulw ziemniaka (wielkość bulw, barwa skórki, barwa miąższu, kształt bulw, regularność kształtu, głębokość oczek na bulwach, jakość skórki i wygląd ogólny bulw) oraz zawartości skrobi w bulwach a typem konsumpcyjnym bulw gotowanych u 120 odmian i rodów ziemniaka ocenianych w doświadczeniach podstawowych Centralnego Ośrodka Badań Odmian Roślin Uprawnych w latach 1995–2000. Wykonane analizy pozwalają na stwierdzenie, że występuje ujemna zależność pomiędzy ocenami za wielkość bulw, barwę miąższu, regularność kształtu bulw, głębokość oczek na bulwach, jakość skórki i wygląd ogólny bulw a ocenami za typ konsumpcyjny bulw. Zależność pomiędzy zawartością skrobi a typem kulinarnym była zawsze dodatnia i bardzo wysoka.

Słowa kluczowe: cechy morfologii bulw, typ konsumpcyjny, ziemniak

The relationships between a type of cooking quality and both morphological features of potato tubers (size of tubers, flesh colour, tuber shape, regularity of tuber shape, depth of eyes, skin quality and general appearance of tubers) and starch content of tubers were analyzed for 120 potato cultivars from COBORU basic trials in 1995–2000. Regression analysis showed negative correlation between a type of cooking quality and morphological features of potato tubers. The relationship between starch content in tubers and a type of cooking quality was positive and very significant.

Key words: morphological features of tuber, type of cooking quality, potato

WSTĘP

Typ konsumpcyjny zwany także kulinarnym jest cechą ocenianą przy ocenie wartości konsumpcyjnej ziemniaka. Typ konsumpcyjny określa się na podstawie pięciu właściwości

mięszu bulw: rozgotowywanie, konsystencja, mączystość lub sypkość, wilgotność oraz struktura mięszu. Podstawowymi składnikami mięszu bulw decydującymi o ocenach poszczególnych cech są: skrobia, budowa jej ziaren i skład chemiczny oraz rodzaj i jakość substancji pektynowych. Po analizie właściwości bulw, ziemniaki gotowane można zaliczyć do czterech typów: sałatkowy (A), ogólnoużytkowy (B), mączysty (C) i bardzo mączysty (D). W praktyce występują często typy pośrednie.

Cechy stanowiące podstawę do zaliczenia ziemniaków gotowanych do określonego typu kulinarnego podlegają wahaniom pod wpływem zmiennych czynników środowiska, a ich prawidłowe określenie wymaga wielokrotnego powtarzania badań w różnych miejscowościach i latach. Ustalenie typu konsumpcyjnego na pierwszych etapach selekcji genotypów jest ważne, ale praktycznie niemożliwe do wykonania. Dlatego podjęto próbę określenia związku pomiędzy typem konsumpcyjnym a cechami morfologii bulw, które są podstawowymi i jedynymi kryteriami selekcyjnymi w pierwszych dwóch latach hodowli ziemniaka. W trzecim roku pozostaje w hodowli tylko 5-10% wyjściowej ilości materiałów.

MATERIAŁ I METODY

Do analiz włączono dane liczbowe z doświadczeń rejestrowych COBORU oceny typu konsumpcyjnego i morfologii bulw z serii obejmujące lata: III — 1995–1996 dla 35 odmian, IV — 1996–1997 dla 18 odmian, V — 1997–1998 dla 21 odmian, VI — 1998–1999 dla 30 odmian i VII — 1999–2000 dla 16 odmian. Wartości liczbowe typu konsumpcyjnego i morfologii bulw analizowano statystycznie metodą komponentów wariancyjnych oraz rachunkiem regresji. Istotność zależności weryfikowano testem F. Zmiennymi niezależnymi były elementy morfologii bulw: x_1 — wielkość, x_2 — barwa mięszu, x_3 — kształt, x_4 — regularność kształtu bulw, x_5 — głębokość oczek, x_6 — jakość skórki, x_7 — ogólny wygląd bulw i dodatkowo x_8 — zawartość skrobi w bulwach w procentach. Zmienną zależną był typ konsumpcyjny bulw, którego zróżnicowanie oceniano w skali 1–9. Poszczególnym wartościom w tej skali przypisano typy konsumpcyjne: 1–A, 2–AB, 3–BA, 4–B, 5–BC, 6–CB, 7–C, 8–CD i 9–D. Zmienne niezależne oceniane w skali 1–9 punktów (pkt) (x_1 , x_4 , x_5 , x_6 i x_7) miały oceny najwyższe (9 pkt) dla wartości pożądanых a najniższe (1 pkt) dla wartości niekorzystnych. Bonitacja cech pozostałych była następująca: barwa mięszu bulw (x_2) w skali 1–6 punktów (pkt) (1 — biała, 2 — biała z szarym odcieniem, 3 — kremowa, 4 — jasnożółta, 5 — żółta, 6 — ciemnożółta) oraz kształt bulw w skali 1–6 punktów (pkt) wynikający ze stosunku długości do szerokości bulwy (skröcony — 0,85; okrągły — 1,1; okrągłoowalny — 1,35; owalny — 1,6; owalnopodłużny — 1,85 i podłużny — 2,1). Utworzono równania regresji dla typu konsumpcyjnego względem poszczególnych cech morfologii bulw oraz wyznaczono współczynniki korelacji prostej (r) i determinacji (D).

WYNIKI

We wszystkich seriach doświadczeń uzyskano wysoko istotną korelację dodatnią typu konsumpcyjnego z zawartością skrobi w bulwach, a większości serii wysoko istotną korelację ujemną z regularnością kształtu, głębokością oczek, jakością skórki, ogólnym wyglądem bulw i barwą miąższu bulw (tab. 1). Wielkość bulw we wszystkich seriach osiągnęła ujemne wartości współczynnika korelacji, lecz tylko w dwóch miała wartości istotne. Kształt bulw w jednej na cztery serie był istotnie dodatnio skorelowany z typem konsumpcyjnym bulw.

Tabela 1

Współczynniki korelacji typu konsumpcyjnego i cech morfologii bulw ziemniaka
Correlation coefficients between atype of cooking quality and morphological features of potato tubers and starch content of tubers

Zmienna Variable	Współczynniki korelacji w seriach Correlation coefficients in series				
	III (n = 70)	IV (n = 36)	V (n = 42)	VI (n = 60)	VII (n = 32)
Wielkość bulw (x_1) Size of tubers (x_1)	-0,2628*	-0,5843***	-0,1319	-0,1750	-0,1119
Barwa miąższu (x_2) Flesh colour (x_2)	—	-0,3765*	-0,1244	-0,2714*	-0,6214***
Kształt bulw (x_3) Tuber shape (x_3)	—	0,0064	0,3585*	-0,2398	-0,1615
Regularność kształtu (x_4) Regularity of tuber shape (x_4)	-0,6188***	-0,4344**	-0,2692	-0,4643***	-0,3502*
Głębokość oczek (x_5) Depth of eyes (x_5)	-0,6420***	-0,1544	-0,0453	-0,5926***	-0,4123*
Jakość skórki (x_6) Quality of skin (x_6)	-0,6688***	—	—	—	—
Ogólny wygląd bulw (x_7) General appearance of tubers (x_7)	-0,6332***	—	—	—	—
Procentowa zawartość skrobi w bulwach (x_8) Percentage of starch content in tubers (x_8)	0,8372***	0,7862***	0,7769***	0,8744***	0,8916***

Istotność przy poziomie: * $\alpha = 0,05$; ** $\alpha = 0,001$; *** $\alpha = 0,001$

Significance at: * $\alpha = 0,05$; ** $\alpha = 0,001$; *** $\alpha = 0,001$

n — Liczba danych

n — Number of data

W równaniach regresji uwzględniono tylko jedną zmienną niezależną. Tak utworzone równania regresji opisywały zmienność typu konsumpcyjnego w seriach badań w następującej części: x_1 — wielkość bulw — 1,7 do 37,9%; x_2 — barwa miąższu bulw — 1,5 do 38,2%; x_3 — kształt bulw — 3,6 do 12,9%; x_4 — regularność kształtu bulw — 7,2 do 38,3%; x_5 — głębokość oczek na bulwach — 0,2 do 41,2%; x_6 — jakość skórki — 44,7%; x_7 — wygląd ogólny — 40,1% i x_8 — zawartość skrobi w bulwach — 60,4 do 77,5%. Uwzględnienie zawartości skrobi w bulwach (x_8) jako drugiego źródła zmienności spowodowało zwiększenie wartości liczbowej współczynnika determinacji do poziomu 66–80% zależnie od serii i analizowanej cechy. Ze względu na to, że zawartość skrobi

w bulwach bardzo silnie koreluje z typem konsumpcyjnym, w tabeli 2 podano składniki równania regresji tylko dla jednej zmiennej niezależnej.

Tabela 2

Relacje pomiędzy cechami morfologii bulw a typem konsumpcyjnym bulw w seriach badań
The relationships between morphological features of potato tubers and starch content of tubers and type of tuber cooking quality

Zmienna Variable	Seria Series	Współczynnik determinacji (%) Determination coefficient (%)	Współczynniki w równaniu regresji Coefficients in the regression equation	
			b_0	b_1
Wielkość bulw (x_1) Size of tubers (x_1)	III	6,91*	6,9276	-0,3340
	IV	37,9***	11,4147	-0,9027
	V	1,7	6,0648	-0,2015
	VI	3,1	6,9686	-0,2492
	VII	1,7	6,4037	-0,1495
	VI	7,3*	6,4792	-0,3665
	VII	6,7	0,5578	0,4554
Barwa miąższu (x_2) Flesh colour (x_2)	IV	12,2*	8,3699	-0,9178
	V	1,5	5,1282	0,1825
	VI	7,4*	6,4792	-0,3665
	VII	38,2***	8,3528	-0,8138
Kształt bulw (x_3) Tuber shape (x_3)	IV	3,6	3,7529	0,7059
	V	12,9*	-2,2048	4,6472
	VI	5,5	7,4577	-1,7096
	VII	4,2	8,3300	-2,1333
Regularność kształtu (x_4) Regularity of tuber shape (x_4)	III	38,30**	16,1914	-1,7118
	IV	24,1**	13,8144	-1,3525
	V	7,2	11,5610	-1,0266
	VI	20,6***	14,1752	-1,2712
	VII	13,8*	14,3492	-1,2698
Głębokość oczek (x_5) Depth of eyes (x_5)	III	41,22**	15,0942	-1,5753
	IV	6,5	9,2852	-0,7047
	V	0,2	4,4864	-0,0069
	VI	32,5***	14,3091	-1,3109
	VII	18,3*	13,1645	-1,1281
Jakość skórki (x_6) Quality of skin (x_6)	III	44,74**	16,7662	-1,7720
Ogólny wygląd bulw (x_7) General appearance of tubers (x_7)	III	40,09**	15,9090	-1,7323
Procentowa zawartość skrobi w bulwach (x_8) Percentage of starch content of tubers (x_8)	III	70,9**	-3,1424	0,4959
	IV	64,3***	-1,8464	0,4209
	V	60,4***	-2,7728	0,4633
	VI	72,6***	-2,5623	0,4511
	VII	77,5***	-2,2516	0,4466

Wyższe oceny za wielkość bulw, barwę miąższu bulw, regularność kształtu bulw, głębokość oczek na bulwach, jakość skórki i za ogólny wygląd bulw — wiążą się z niższymi ocenami za typ konsumpcyjny bulw gotowanych w seriach badań odpowiednio o: 0,15–0,90 pkt; 0,32–0,35 pkt; 0,37–0,92 pkt; 1,03–1,71 pkt; 0,01–1,58 pkt; 1,77 pkt i 1,73 pkt. Natomiast wyższym ocenom za zawartość skrobi w bulwach odpowiadały zawsze wyższe oceny za typ kulinarny bulw w seriach 0,42–0,50 pkt za każdy procent przyrostu skrobi. Przy kształcie bulw wyniki nie były jednoznaczne.

DYSKUSJA

Jakość ziemniaka jadalnego opisują parametry oceniane organoleptycznie (Trętowski, 1976). Można je pogrupować i określić jako: jakość zewnętrzna i wewnętrzna bulwy. Do jakości zewnętrznej należą przede wszystkim cechy morfologii bulw, do których można zaliczyć: typ kształtu bulw, regularność zarysu kształtu bulw, głębokość oczek, kolor skórki i jakość skórki. Stosuje się niekiedy również bonitowanie ogólnego wyglądu bulw sumującego wrażenia oceniającego. Do jakości wewnętrznej należy zespół cech technologicznych miąższu bulw gotowanych służących do określenia typu konsumpcyjnego oraz ciemnienia miąższu, barwy miąższu i jego smakowości. Do cech technologicznych miąższu bulw gotowanych należą: rozgotowywanie, konsystencja, mączystość, wilgotność i struktura miąższu. Zarówno cechy jakości zewnętrznej, jak i wewnętrznej są cechami warunkowanymi genetycznie (Świeżyński, 1977), ale podlegają w różnym stopniu zmienności środowiskowej (Werner, 1971; Ubysz-Borucka, 1975).

Selekcja materiałów hodowlanych w praktycznej hodowli odbywa się na drodze odrzucania osobników nie perspektywicznych. Kolejność przeprowadzania badań służących za podstawę do selekcji zaplanowanego typu odmiany, uwarunkowana jest możliwościami technicznymi oraz zmiennością wywołaną czynnikami środowiska. Spośród cech ważnych przy hodowli ziemniaka jadalnego Werner (1971) wyróżnił trzy grupy cech w zależności od zmienności środowiskowej:

- monogeniczne oraz poligeniczne mało zależne od warunków zewnętrznych, z których badano: barwę skórki, głębokość oczek, barwę miąższu i skłonność do wykształcania bulw dużych,
- poligeniczne podlegające średniej zmienności, a wśród nich: kształt bulw i skrobiowość,
- poligeniczne podlegające dużej zmienności, a między innymi: regularność kształtu bulw, wyrównanie wielkości oraz cechy miąższu bulw gotowanych.

Podane powyżej uszeregowanie cech w grupy w zależności od charakteru dziedziczenia i wpływu środowiska, pomocne jest w praktycznej hodowli ziemniaka jadalnego. Nie wszystkie badania można przeprowadzić w każdym roku hodowli nowej odmiany, której cykl trwa zwykle 10–12 lat. Niektóre z tych badań mogą mieć charakter ocen masowych. Są one cenne, bowiem pozwalają na radykalne zmniejszenie ilości materiałów. Do takich cech należy większość elementów morfologii bulw zaliczona przez Wernera (1971) do pierwszej i drugiej grupy oraz skrobiowość i barwa miąższu bulw. W ten sposób można również oddziaływać na selekcję nowej odmiany w kierunku zaplanowanego typu konsumpcyjnego.

Opracowania genetycznych uwarunkowań typu konsumpcyjnego bulw gotowanych i cech morfologicznych należą do rzadkości, mimo że typ użytkowy ziemniaka zaliczony został przez Świeżyńskiego (1977) do najważniejszych spośród siedmiu właściwości bulw określającą przydatność konsumpcyjną (kulinarną). Teodorczyk (1981/82 a i b) wykazała, że większość cech kulinarnych ziemniaka skorelowana jest ze sobą pozytywnie. Modyfikacyjny wpływ czynników środowiska powoduje, że niektóre współzależności z cechami kulinarnymi nie ujawniają się lub też przyjmują wartości ujemne.

W cytowanych badaniach wykazano ujemne korelacje genetyczne i środowiskowe pomiędzy zawartością suchej masy i barwą miąższu bulw a zwięzłością miąższu ugotowanego, czyli jedną z pięciu cech, na podstawie, której ustala się typ konsumpcyjny ziemniaka. Przy wielkości bulw uzyskano dodatnie korelacje genetyczne, a ujemne środowiskowe. W badaniach własnych oceniano jedynie korelacje fenotypowe pomiędzy cechami morfologii bulw a typem konsumpcyjnym ziemniaka uzyskując w większości serii istotne statystycznie wartości ujemne, a zawartość skrobi w bulwach korelowała dodatnio z typem konsumpcyjnym bulw.

Wykazane ujemne zależności fenotypowe sugerują istnienie podobnych korelacji genetycznych. Wskazuje na to również opracowanie Howarda (1974), który stwierdził, że wszystkie składniki decydujące o zaliczeniu ziemniaka do typu kulinarnego określone są głównie przez genotyp, ale mają wpływ na te oceny również czynniki środowiska. Informacje uzyskane w badaniach własnych mogą pozwolić na ukierunkowanie selekcji na założony typ odmiany mając do dyspozycji informacje o cechach morfologii bulw np. jakość skórki bulw, ogólny wygląd bulw, regularność kształtu, głębokość oczek na bulwach, wielkość bulw a także zawartość skrobi w bulwach oraz informacje o barwie miąższu bulw. W stosowanej metodyce hodowli ziemniaka oceny te są pozyskiwane w badaniach masowych w pierwszych trzech latach selekcji nowej odmiany.

Hodowla ziemniaka tworzy nowe odmiany mając na uwadze perspektywiczne potrzeby rynku. W obecnej sytuacji występuje wyraźny wzrost popytu na ziemniaki jadalne przeznaczone dla przetwórstwa na frytki i chipsy, skrobiowe oraz jadalne z przeznaczeniem na bieżące spożycie. Wśród tych ostatnich występuje wyraźne rozgraniczenie na ziemniaki sałatkowe, wszechstronnie użytkowe oraz lekko mączyste. Występuje też regionalne zróżnicowanie powiązane dodatkowo z kolorem miąższu bulw.

WNIOSKI

1. Występuje ujemna zależność pomiędzy ocenami za jakość skórki, ogólny wygląd bulw, głębokość oczek, regularność kształtu bulw, wielkość bulw oraz za kolor miąższu bulw a ocenami za typ konsumpcyjny (kulinarny) bulw gotowanych.
2. We wszystkich seriach badań uzyskano wysoko istotne dodatnie korelacje fenotypowe pomiędzy ocenami za zawartość skrobi w bulwach a typem konsumpcyjnym bulw.

LITERATURA

- Howard H. W. 1974. Factors influencing the quality of ware potatoes. 1. The genotype. *Potato Res.*, 17: 490 — 511.
- Świeżyński K. 1977. Hodowla ziemniaka. W: Hodowla i nasiennictwo ziemniaka. Gabriel W., Świeżyński K (red.) PWRiL, Warszawa: 9 — 230.
- Teodorczyk A. 1981/1982 a. Zmienność cech ziemniaka jadalnego. *Ziemniak*: 5 — 23.
- Teodorczyk A. 1981/1982 b. Współzależność cech ziemniaka jadalnego. *Ziemniak*: 26 — 43.
- Trętowski J. 1976. Studia metodyczne nad oceną cech jakości ziemniaka jadalnego. I. *Ziem.*, Bonin: 114 s.
- Ubysz-Borucka L. 1977. Fenotypowa zmienność ziemniaka. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.*, 191: 281 — 295.
- Werner E. 1971. Synteza materiałów wyjściowych dla hodowli ziemniaków o wysokich walorach kulinarnych. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 118: 27 — 48.

ANTONI BOMBIK¹**CZESŁAW STANKIEWICZ**²**JÓZEF STARCZEWSKI**³¹ Katedra Doświadczalnictwa Rolniczego² Zakład Genetyki i Fizjologii Roślin³ Katedra Ogólnej Uprawy Roli i Roślin
Akademia Podlaska w Siedlcach

Interakcja genotypowo-środowiskowa w ocenie wybranych cech jakości ziemniaka

Genotype-environment interaction in the evaluation of selected potato quality characteristics

W badaniach przeprowadzonych w latach 1997–1999 określono zawartość witaminy C, skrobi, białka ogółem oraz sumę aminokwasów egzogennych w bulwach 2 odmian ziemniaka: jadalnej Irgi i przemysłowej Ekry. Interakcję genotypowo-środowiskową dla tych cech oceniono na podstawie efektów głównych (genotypów i lat) oraz specyficznych (interakcyjnych), wykorzystując standardową analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych i test Tukeya. Obliczono również wariancję stabilności genotypów (s^2_i), charakteryzującą ich zmienność środowiskową oraz współczynnik ekowalencji (W_i), opisujący współdziałanie genotypu ze środowiskiem. Większość analizowanych cech jakości ziemniaka (poza zawartością aminokwasów egzogennych) uwarunkowana była przez odmiany (genotypy). Spośród dwóch badanych genotypów wyższą zawartością witaminy C i skrobi charakteryzowała się odmiana Ekra, natomiast wyższą zawartością białka ogółem odmiana Irga. Cechy jakości bulw modyfikowane były przez środowisko. Istotna była także interakcja genotypowo-środowiskowa, związana z różną reakcją odmian na zmienne warunki środowiska. Analiza tej interakcji nie pozwala na wskazanie bardziej stabilnego genotypu (dla jednych cech bardziej stabilna jest odmiana Irga, a dla drugich Ekra).

Słowa kluczowe: aminokwasy egzogenne, białko, interakcja genotypowo-środowiskowa, skrobia, stabilność genotypu, witamina C, ziemniak

In the studies carried out in 1997–1999, the content of vitamin C, starch and the total protein as well as the exogenous amino acids sum were determined in tubers of two potato varieties: Irga table potato and Ekra industrial potato. The genotype-environment interaction for these characteristics was evaluated based on the main effects (genotypes and years) and specific effects (interaction), with the use of standard variance analysis for multiple experiments and Tukey's test. The variance of the genotypes stability (s^2_i), which characterizes environmental variability of genotypes, was calculated in addition to the ecovalence coefficient (W_i), which describes the interaction of a genotype with the environment. Most of the analysed characteristics of potato quality (except the exogenous amino acids content) were influenced by the varieties (genotypes). As regards the two genotypes under study, a higher content of both vitamin C and starch was found in variety. Ekra, whereas a higher total protein

content was typical of var. Irga. The tuber quality characteristics were modified by the environment. The genotype-environment interaction, relating to the different reaction of varieties on changeable environmental conditions, was also significant. The analysis of this interaction did not allow to select satisfactorily stable genotype (variety Irga is more stable for some characteristics, whereas variety Ekra is more stable for the others).

Key words: exogenous amino acids, genotype-environment interaction, genotype stability, potato, protein, starch, vitamin C

WSTĘP

Istotnym elementem oceny wartości użytkowej ziemniaka jest zawartość składników pokarmowych w bulwach. Na podstawie składu chemicznego bulw przeprowadza się ocenę przydatności materiału hodowlanego na cele konsumpcyjne, przemysłowe lub paszowe. Wysoką jakość ziemniaka, zwłaszcza jadalnego, warunkuje występowanie w nim białka o wysokiej wartości biologicznej. Bulwy ziemniaka są również bogatym źródłem skrobi. Skład chemiczny bulw ziemniaka zależy od odmiany, jednak modyfikowany jest przez warunki klimatyczne okresu wegetacji oraz agrotechnikę (Roztropowicz, 1989; Bombik i Boligłowa, 1994). Wzajemne współdziałanie i zmiany środowiska, tj. warunków klimatycznych (temperatury, opadów, nasłonecznienia) oraz edaficznych (gleby, jej składu mineralnego i wilgotności) mogą być przyczyną różnic jakościowych ziemniaka (Teodorczyk, 1998).

Za zmienność plonu i innych cech ziemniaka odpowiedzialny jest czynnik odmianowy oraz środowisko. Udział genotypu i środowiska jest różny dla poszczególnych cech. Trętowski i wsp. (1989) stwierdzili, że czynnik odmianowy najsilniej determinuje zawartość skrobi w bulwach ziemniaka (ponad 50% zmienności ogólnej dla poszczególnych grup wczesności). W badaniach Bombika i wsp. (1996) wykazano, że interakcja genotypu i środowiska modyfikuje każdą z analizowanych cech ilościowych ziemniaka (od 2,8% zmienności ogólnej dla porażenia bulw rizoktoniozą do 47,6% dla zawartości skrobi).

Znajomość interakcji genotypowo-środowiskowej, rozumianej jako różna jego reakcja na określone czynniki środowiska, stanowi cenną informację o właściwościach samych genotypów, a zwłaszcza ich stabilności. Badanie interakcji genotypowo-środowiskowej wymaga przeprowadzenia serii doświadczeń z genotypami w wielu środowiskach, tj. w latach i, lub miejscowościach, bądź w różnych warunkach technologii uprawowych. Do oceny i interpretacji tej interakcji opracowano wiele metod statystycznych (m.in.: Aastveit i Mejza, 1992; Czajka, 1995; Pietrzykowski i in., 1996). Większość z nich oparta jest na modelach, stanowiących różne rozwinięcia modelu stałego i mieszanego jednozmiennej analizy wariancji dla dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej z interakcją.

Celem pracy jest analiza i interpretacja interakcji genotypowo-środowiskowej dla niektórych cech jakości bulw (m.in. zawartości witaminy C, skrobi oraz białka i jego składu aminokwasowego) dwóch odmian ziemniaka.

MATERIAŁ I METODY

Materiał doświadczalny stanowiły bulwy średnio wczesnych odmian ziemniaka: jadalnej Irga oraz skrobiowej Ekra. Bulwy te pochodziły z doświadczenia Katedry Ogólnej Uprawy Roli i Roślin, przeprowadzonego w Rolniczej Stacji Doświadczalnej w Zawadach, w latach 1997–1999 na glebie kompleksu żyniego dobrego, klasa bonitacyjna IVb, w układzie split-block, w 4 powtórzeniach.

Ziemniaki sadzono w trzeciej dekadzie kwietnia, co 20 cm w rzędzie. Przedplonem dla ziemniaka w każdym roku było żyto. Corocznie, jesienią pod ziemniaki stosowano obornik w dawce 30 ton na 1 ha. Nawożenie fosforem i potasem stosowano również jesienią, po uprawie poźniwej w dawkach 90 kg P₂O₅ i 140 kg K₂O na 1 ha, a nawożenie azotem wiosną w dwóch zróżnicowanych poziomach: 60 i 120 kg N na 1 ha. Zbioru dokonano w fazie pełnej dojrzałości technicznej bulw ziemniaka. Do analiz chemicznych pobrano z każdego poletka doświadczalnego po trzy 3 kilogramowe próby bulw.

Chcąc dysponować informacjami o zmianach składu chemicznego odmian ziemniaka, jakie mogą zachodzić pod wpływem czynników środowiska i zabiegów agrotechnicznych (m.in. nawożenia lub sposobów uprawy) oznaczono przeciętny skład chemiczny bulw badanych odmian i jego fluktuację powodowaną warunkami atmosferycznymi.

Analiza chemiczna obejmowała oznaczenie zawartości: witaminy C (metodą miareczkową Pijanowskiego), skrobi (ekstrakcja 2n kwasem mrówkowym i 1n wodorotlenkiem sodu, a następnie reakcja barwna z antronem i oznaczenie spektrofotometryczne), białka ogółem (oznaczenie azotu ogólnego metodą Kjeldahla i przemnożenie go przez współczynnik białkowy 6,25) w bulwach ziemniaka oraz sumy aminokwasów egzogennych w białku (przy pomocy analizatora aminokwasów, po uprzedniej kwaśnej hydrolizie 6n kwasem solnym).

Interakcję genotypowo-środowiskową, rozumianą jako reakcję, wrażliwość genotypu, na określone czynniki siedliska (i związaną z tym jego stabilność) oceniono na podstawie efektów głównych (genotypów i lat) oraz specyficznych (interakcyjnych), wykorzystując standardową analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych i test Tukeya (Trętowski i Wójcik, 1991). Dla opisanych w tej pracy cech, dla których wystąpiła istotna interakcja genotypowo-środowiskowa obliczono również:

— wariancję stabilności genotypów, charakteryzującą zmienność środowiskową *i*-tego genotypu (Shukla, 1972; Pietrzykowski i in., 1996):

$$s_i^2 = \frac{\sum_j (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.})^2}{s-1}$$

— współczynnik ekowalencji, opisujący współdziałanie *i*-tego genotypu ze środowiskami (Wricke, 1965; Pietrzykowski i in., 1996):

$$W_i = \sum_j (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{\bar{y}}_{..}),$$

gdzie:

$\bar{y}_{ij}$ jest średnią cechy z n powtórzeń dla i -tego genotypu w j -tym środowisku,

$\bar{y}_{i.}$ jest średnią brzegową z sn obserwacji dla i -tego genotypu (s — liczba środowisk),

$\bar{y}_{.j}$ jest średnią brzegową z gn obserwacji dla j -tego środowiska (g — liczba genotypów),

$\bar{\bar{y}}_{..}$ jest średnią ogólną z sgn obserwacji w serii doświadczeń.

WYNIKI

Poziom witaminy C (tab. 1) modyfikowały zarówno odmiany, jak i lata. Różna była również reakcja odmian w poszczególnych latach. Więcej witaminy C zawierały bulwy odmiany Ekra w porównaniu z Irgą (odpowiednio: 12,45 i 11,65 mg% w św.m.). Najwyższą zawartość tego składnika (średnio dla odmian 14,96 mg% w św.m.) uzyskano w 1999 roku, charakteryzującego się wśród lat, w których prowadzono doświadczenie, najniższą sumą opadów (165,7 mm) i najwyższą średnią temperaturą powietrza (18,0°C) za okres wegetacji ziemniaka, w którym poziom witaminy C w świeżej masie bulw odmiany Irga osiągnął 14,50 mg%, a u odmiany Ekra 15,42 mg%.

Tabela 1

Zawartość witaminy C (w mg% św.m.) u odmian ziemniaka w latach 1997–1999
Vitamin C content (in mg % f.w.) in potato varieties in 1997–1999

Odmiany Varieties	Lata Years			Średnio dla odmian Means for varieties
	1997	1998	1999	
Irga	10,08	10,38	14,50	11,65
Ekra	10,65	11,27	15,42	12,45
Średnio dla lat Means for years	10,36	10,82	14,96	
NIR _{0,05} dla lat		0,32		0,27
LSD _{0,05} for years				
NIR _{0,05} dla odmian				
LSD _{0,05} for varieties				
NIR _{0,05} dla interakcji lata × odmiany				
LSD _{0,05} for years × varieties interaction				0,52

Zawartość skrobi (tab. 2), podobnie jak witaminy C, była istotnie wyższa w bulwach odmiany Ekra w porównaniu z odmianą Irga (odpowiednio: 17,54 i 12,03% w św.m.). Również dla syntezy skrobi najkorzystniejszy układ warunków pogodowych wystąpił w 1999 roku, w którym zawartość skrobi kształtowała się w granicach 12,68% u odmiany Irga i 18,06% w świeżej masie u odmiany Ekra z tym, że u jadalnej Irgi poziom skrobi w latach 1998 i 1999 nie różnił się istotnie.

Wyższą zawartością białka ogółem w bulwach (tab. 3) charakteryzowała się odmiana jadalna Irga (9,11% s.m.) w porównaniu z przemysłową Ekra (7,81% s.m.). Niezależnie od stałych czynników doświadczenia (odmian, a zwłaszcza nawożenia azotem), znaczny wpływ na tę cechę wywarły warunki meteorologiczne w poszczególnych sezonach

wegetacyjnych. Najwyższy poziom białka w bulwach Irgi (10,17% s.m.) i Ekry (9,26% s.m.) uzyskano w 1997 roku, roku o najwyższej sumie opadów (284,5 mm) i przeciętnej temperaturze powietrza (17,4°C) w całym okresie wegetacji ziemniaka.

Tabela 2

Zawartość skrobi (w % św.m.) u odmian ziemniaka w latach 1997–1999
Starch content (in % f.w.) in potato varieties in 1997–1999

Odmiany Varieties	Lata Years			Średnio dla odmian Means for varieties
	1997	1998	1999	
Irga	11,23	12,18	12,68	12,03
Ekra	17,11	17,45	18,06	17,54
Średnio dla lat Means for years	14,17	14,82	15,37	
NIR _{0,05} dla lat LSD _{0,05} for years	0,33			
NIR _{0,05} dla odmian LSD _{0,05} for varieties				0,28
NIR _{0,05} dla interakcji lata × odmiany LSD _{0,05} for years × varieties interaction				0,54

Tabela 3

Zawartość białka ogółem (% s.m.) u odmian ziemniaka w latach 1997–1999
Total protein content (in % d.m.) in potato varieties in 1997–1999

Odmiany Varieties	Lata Years			Średnio dla odmian Means for varieties
	1997	1998	1999	
Irga	10,17	8,36	8,79	9,11
Ekra	9,26	6,90	7,28	7,81
Średnio dla lat Means for years	9,72	7,63	8,04	
NIR _{0,05} dla lat LSD _{0,05} for years	0,38			
NIR _{0,05} dla odmian LSD _{0,05} for varieties				0,32
NIR _{0,05} dla interakcji lata × odmiany LSD _{0,05} for years × varieties interaction				0,62

Skład aminokwasowy białka bulw ziemniaka (tab. 4) podlegał znacznym wahaniom w kolejnych latach badań. Poziom aminokwasów egzogennych w białku bulw ziemniaka odmiany Ekra (średnio 27,81 g/100 g białka) istotnie zależał od warunków pogodowych, natomiast u odmiany Irga (średnio 27,44 g/100 g białka) takiej reakcji nie odnotowano.

Przedstawione w tabeli 5 parametry stabilności wskazują, że w zasadzie dla każdej z badanych cech (poza zawartością skrobi) większa była zmienność środowiskowa odmiany Ekra (genotyp ten dla tych cech charakteryzował się wyższą wariancją stabilności), zwłaszcza dla sumy aminokwasów egzogennych. Współdziałanie genotypów ze środowiskiem było zbliżone (niewielkie różnice między współczynnikami ekowalencji

dla odmian), jednak dla zawartości witaminy C i białka ogółem współdziałanie to było wyższe u odmiany Irga, natomiast dla zawartości skrobi i sumy aminokwasów endogennych u odmiany Ekra.

Tabela 4

Zawartość aminokwasów egzogennych (w g/100 g białka) u odmian ziemniaka w latach 1997–1999
Exogenous amino acids content (in g/100 g of protein) in potato varieties in 1997–1999

Odmiany Varieties	Lata Years			Średnio dla odmian Means for varieties
	1997	1998	1999	
Irga	27,50	26,64	28,18	27,44
Ekra	27,81	30,38	25,25	27,81
Średnio dla lat Means for years	27,66	28,51	26,72	
NIR _{0,05} dla lat	1,37			
LSD _{0,05} for years				
NIR _{0,05} dla odmian				n.i.
LSD _{0,05} for varieties				n.s.
NIR _{0,05} dla interakcji lata × odmiany				2,24
LSD _{0,05} for years × varieties interaction				

Tabela 5

Parametry stabilności dla wybranych cech jakości ziemniaka
Stability parameters for selected potato quality characteristics

Cechy jakości Quality characteristics	Parametry stabilności Stability parameters	Odmiany Varieties	
		Irga	Ekra
Zawartość witaminy C	s_i^2 ¹⁾	6,10	6,73
Vitamin C content	W_i ²⁾	0,0196	0,0182
Zawartość skrobi	s_i^2	0,54	0,23
Starch content	W_i	0,0518	0,0542
Zawartość białka ogółem	s_i^2	0,89	1,61
Total protein content	W_i	0,0564	0,0546
Suma aminokwasów egzogennych	s_i^2	0,60	6,58
Exogenous amino acids sum	W_i	5,5458	5,5795

¹⁾ s_i^2 — Wariancja stabilności genotypu

¹⁾ s_i^2 — The variance of genotype stability

²⁾ W_i — Współczynnik ekowalencji

²⁾ W_i — Ecovalence coefficient

PODSUMOWANIE

W badaniach własnych wykazano, że na cechy jakości bulw ziemniaka znaczący wpływ mają cechy genetyczne odmian oraz środowisko, a zwłaszcza warunki atmosferyczne okresu wegetacji.

Zawartość witaminy C jest dość silną cechą odmianową, uwarunkowaną genetycznie, jednak modyfikowaną przez warunki siedliskowe. W badaniach wykazano, że zawartość

witaminy C w bulwach jest tym większa im większe jest nasłonecznienie i wyższa temperatura powietrza w czasie wegetacji, a tym mniejsza im więcej opadów.

Zawartość skrobi należy również do cech związanych głównie z genotypem, modyfikowanym przez temperaturę i opady w okresie wegetacji ziemniaka. Niskoskrobiowa odmiana jadalna Irga z reguły zawiera mniej tego składnika niż wysokoskrobiowa odmiana przemysłowa Ekra. Małej zmienności koncentracji skrobi u odmiany Ekra można dopatrywać się w silnym jej uwarunkowaniu genetycznym u tej odmiany. Kumulacji skrobi w bulwach u obydwu odmian sprzyjało ciepłe lato o małej ilości opadów.

Badane odmiany charakteryzowały się zróżnicowaną, uwarunkowaną genetycznie, predyspozycją do gromadzenia białka w bulwach, jednak jak większość cech jakościowych, cecha ta również modyfikowana jest przez czynniki siedliska. Wyższa zawartość białka w bulwach odmiany jadalnej Irga sugeruje, że na zawartość tego składnika duży wpływ mają cechy genetyczne, co jest zgodne z dostępnym piśmiennictwem, według którego odmiany charakteryzujące się wyższą zawartością skrobi w bulwach gromadzą na ogół mniej białka.

Z żywieniowego punktu widzenia istotna jest nie tylko ilość białka w bulwach ziemniaka, ale także jego wartość odżywcza, którą warunkuje odpowiednio zrównoważony skład aminokwasów, przede wszystkim aminokwasów egzogennych. Spośród badanych odmian jadalna Irga była bardziej odporna na zmienne warunki środowiskowe niż przemysłowa Ekra, u której w roku o chłodnym lecie i małej ilości opadów suma aminokwasów egzogennych w białku była wyższa w porównaniu z jej zawartością w sezonie wegetacyjnym o ciepłym lecie.

Badane odmiany indywidualnie reagowały na zmienne warunki środowiska. Można powiedzieć o różnej stabilności tych odmian, jako wyniku większej lub mniejszej podatności na zmiany swoich cech przy oddziaływaniu na nie różnych środowisk. Interakcja genotypu ze środowiskiem dla cech o znaczeniu technologicznym powinna być jak najmniej (stabilność typu biologicznego). Cechy te winny utrzymywać się na stałym poziomie, niezależnie od warunków siedliska, w odróżnieniu od cech związanych z plonowaniem roślin, gdzie stabilność biologiczna byłaby niepożądana, ponieważ poprawa warunków agrotechnicznych nie miałaby wpływu na plonowanie roślin.

WNIOSKI

1. Na większość analizowanych cech jakości ziemniaka (poza zawartością aminokwasów egzogennych) miały wpływ odmiany (genotypy). Spośród badanych genotypów wyższą zawartością witaminy C i skrobi charakteryzowała się odmiana przemysłowa Ekra, natomiast wyższą zawartością białka ogółem odmiana jadalna Irga.
2. Cechy jakości bulw u badanych odmian ziemniaka modyfikowane były przez środowisko. Istotna była również dla tych cech interakcja genotypowo-środowiskowa, związana z niejednakową reakcją odmian na zmienne warunki środowiska. Analiza tej interakcji nie pozwala na wskazanie bardziej stabilnego genotypu (dla jednych cech bardziej stabilną jest odmiana Irga, dla drugich Ekra).

3. Poznanie reakcji odmian na warunki środowiska umożliwia ukierunkowanie prac hodowlanych, warunkujących stabilne z punktu widzenia biologicznego cechy jakości bulw. Umożliwi to również wybór takich genotypów, które są najlepsze pod względem określonych cech w badanych środowiskach (miejscowościach lub latach), a ocenę współdziałania genotypu ze środowiskiem należy uwzględniać w opracowaniach zaleceń agrotechnicznych do nowo wprowadzanych do uprawy odmian.

LITERATURA

- Aastveit A. H., Mejza S. 1992. A selected bibliography on statistical methods for the analysis of genotype $\times$ environment interaction. *Biul. Oceny Odmian*, 24–25: 83 — 87.
- Bombik A., Boligłowa E. 1994. Zmienność cech jakości ziemniaka jadalnego spowodowana nawożeniem dolistnym. *Fragm. Agronom.* 2 (42): 52 — 57.
- Bombik A., Starczewski J., Skrzyczyński T. 1996. Ocena odmianowej i spowodowanej zmianowaniem zmienności plonu bulw i innych cech ziemniaka. *Biul. IHAR* 200: 393 — 397.
- Czajka S. 1995. Metody analizy doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich zakładanych w układach o blokach niekompletnych. *Biometrical Letters*, 32: 101 — 129.
- Pietrzykowski R., Mądry W., Warzecha R. 1996. Analiza stabilności i przystosowania genotypów do środowisk na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych z kukurydzą. *Biul. IHAR* 200: 33 — 39.
- Roztropowicz S. 1989. Środowiskowe, odmianowe i nawozowe źródła zmienności składu chemicznego bulw ziemniaka. *Fragm. Agronom.* 1 (21): 33 — 76.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Teodorczyk A. 1998. Charakterystyka niektórych cech kulinarnych ziemniaka jadalnego w świetle literatury. *Biul. Inst. Ziemn.* 28: 35 — 53.
- Trętowski J., Boligłowa E., Bombik A. 1989. Zmienność plonu i zawartość skrobi u odmian ziemniaka różnych grup wczesności. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 382: 69 — 77.
- Trętowski J., Wójcik A. R. 1991. *Metodyka doświadczeń rolniczych*. WSRP, Siedlce.
- Wricke G. 1965. Die Erfassung der Wechselwirkung zwischen Genotyp und Umwelt bei quantitativen Eigenschaften. *Z. Pflanzenzüchtung*, 53: 266 — 343.

LESZEK DOMAŃSKI**MARIA DOMAŃSKA**

Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów

Wartość kombinacyjna niektórych odmian ziemniaka dla wybranych cech przydatności konsumpcyjnej

Combining ability of several cultivars of potato for chosen characters of consumer quality

Celem eksperymentu z układem krzyżowania czynnikowego przeprowadzonego w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów była ocena przydatności ośmiu form rodzicielskich do tworzenia potomstwa o dobrej morfologii bulw, reprezentującego typ kulinarny sałatkowy (A) lub ogólnoużytkowy (B) w połączeniu z wysoką jakością kulinarną. Każda z 16 kombinacji rodzicielskich reprezentowana była przez 90 siewek polowych w 2000 roku, z których po wstępnej selekcji zachowano do I wegetatywnego rozmnożenia 14 klonów. Wyżej wspomniane klony wysadzono na 28-krzakowym poletku w 2001 roku. Na etapie I wegetatywnego rozmnożenia zastosowano układ doświadczalny losowanych bloków, w dwóch powtórzeniach. Po spręcie doświadczenia oznaczono frekwencję klonów, w których jednocześnie są przekroczone wartości progowe dla czterech cech morfologii bulw lub trzech cech przydatności konsumpcyjnej. Zidentyfikowano trzy wyróżniające się formy rodzicielskie (rody: M-191 i M-493 oraz odmiana Donella), które zwiększały w potomstwie frekwencję wartościowych klonów, sklasyfikowanych w typie kulinarnym A lub B i jednocześnie dobrej jakości kulinarnej. Oszacowanie efektów SCA (swoistej zdolności kombinacyjnej) pozwoliło zidentyfikować cztery kombinacje rodzicielskie, które z wyższą frekwencją tworzyły klony łączące wysoki poziom jakości kulinarnej z dobrą morfologią bulw.

Słowa kluczowe: przydatność konsumpcyjna, wartość kombinacyjna, ziemniak

The aim of the factorial cross experiment conducted at Młochów Research Centre of Plant Breeding and Acclimatization Institute was the assessment of ability of eight parental forms to generate progenies representing salad (A) or multi-purpose culinary type (B) with high cooking quality and good tuber appearance. Each of 16 crosses was represented by 90 field grown seedlings in 2000, of which 14 clones were retained after initial selection to the first clonal trial (year). In 2001, the above mentioned clones were planted in 28-hill plots. A completely randomized block design in two replications was applied at the stage of first clonal year. After harvest of the progeny trial, a frequency of clones that exceeded the target values in all the four variates (set of traits characterizing tuber appearance) and all the three varieties (set of traits characterizing cooking quality) was estimated. Three outstanding combiners (clones M-191, M-493 and cv. Donella), which expressed the ability to increase in their progenies the frequency of valuable clones showing firm texture and good cooking quality, were identified.

Estimation of the effects of specific combining ability (SCA) allowed to identify four crosses which were able to generate (with higher frequency) clones combining high level of cooking quality with good tuber appearance.

Key words: combining ability, consumer quality, potato

WSTĘP

W obrębie ziemniaka jadalnego wzrastającym zainteresowaniem konsumentów cieszą się odmiany w typie kulinarnym A — sałatkowym o zwięzłym miąższu i typie ogólnoużytkowym B — o miąższu średnio zwięzłym. Ziemniaki takie obok przydatności do spożycia w postaci świeżej stanowią również surowiec do wyrobu całej gamy produktów konserwowanych (Talbert i Smith, 1987; Zgórska, 1993). Jakość ziemniaków sklasyfikowanych w typach kulinarnych A i B jest kształtowana przez zestaw cech sensorycznych (zwięzła konsystencja, delikatna struktura miąższu, odpowiednia wilgotność, brak skłonności do ciemnienia bulw w stanie surowym i gotowanym, smak i aromat); cechy morfologiczne bulw (regularny kształt, płytko osadzone oczka, brak wad w postaci nekroz i komór powietrznych) oraz wysoką wartość żywieniową (Zgórska, 1993, Leszczyński, 2000).

Użytecznym narzędziem przybliżającym hodowcę do osiągnięcia postępu hodowlanego w zakresie wyżej wspomnianych cech jest analiza zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich. Celem prezentowanych badań była ocena przydatności wybranych odmian i rodów ziemniaka do tworzenia potomstwa o dobrej morfologii bulw, reprezentujących typy kulinarne A lub B w połączeniu z wysoką jakością kulinarną.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem oceny były potomstwa uzyskane z krzyżowania czynnikowego czterech form matecznych (rodów IHAR O/Młochów) z formami ojcowskimi (odmianami zachodnioeuropejskimi) reprezentującymi typy kulinarne: AB, B i BC. Zarówno formy mateczne, jak i ojcowskie wyróżniały się dobrą morfologią bulw i wysoką jakością kulinarną. Każda z 16 kombinacji rodzicielskich reprezentowana była w 2000 roku przez 90 siewek polowych, które poddano wstępnej selekcji na "ogólny wygląd bulw" zachowując jednakową intensywność selekcji. Wybrane klony, w liczbie 14 z każdej kombinacji, wysadzono w 2001 roku na 28-krzakowym poletku o powierzchni 10,77 m², jako 2-krzakowe rozmnożenia, zachowując stały ciężar sadzeniaków (130 g). Doświadczenie założono w IHAR Oddział Młochów metodą losowanych bloków w dwóch powtórzeniach, na glebie o składzie mechanicznym piasku gliniastego lekkiego. Zastosowano typowy dla plantacji produkcyjnych ziemniaka jadalnego program nawożenia i ochrony przed agrofagami.

Po zbiorze oznaczono w każdej kombinacji procentowy udział klonów przekraczających wartości progowe, stosowane w polskiej hodowli ziemniaka (Kamasa i Borys, 1991). W zestawie cech morfologicznych bulw przyjęto następujące wartości progowe: średnia masa bulwy > 90 g; głębokość oczek i regularność kształtu bulw > 6,5 w skali 1–9 (gdzie 9 = ocena najlepsza); brak wad miąższu bulw. Po sześciu miesiącach przecho-

wywania bulw w 4–6°C, oznaczono również procentowy udział klonów, które podczas oceny przydatności konsumpcyjnej zaklasyfikowane zostały jako typy kulinarne A lub B i charakteryzowały się dobrą smakowitością (ocena > 6,5 w skali 1–9) oraz nie wykazywały skłonności do ciemnienia bulw po ugotowaniu (ocena > 8 w skali 1–9).

Zdolność kombinacyjną oszacowano za pomocą analizy wariancji w układzie czynnikowym (Węgrzyn, 1996), po uprzednim przekształceniu danych procentowych za pomocą transformacji Blissa. Analizę zdolności kombinacyjnej poprzedzono testem Tukeya sprawdzającym, czy nie występują interakcje między efektami obiektowymi (kombinacji rodzicielskich) i blokowymi.

WYNIKI I DYSKUSJA

Stwierdzono istotne zróżnicowanie kombinacji rodzicielskich pod względem zdolności do tworzenia potomstwa o dobrej morfologii bulw oraz o wysokiej jakości kulinarnej (tab. 1). Częstość z jaką spotykano klony o dobrej morfologii bulw wahała się w zależności od kombinacji rodzicielskiej, od 10,4% (PW-377 × Santana) do 50% (PW-377 × Obelix). Podobne zróżnicowanie frekwencji rodów przekraczających wartości progowe odnotowano również w przypadku drugiego zestawu badanych cech, od 7,1% (PW-377 × Santana) do 53,6% (M-191 × Donella).

Tabela 1

Frekwencja klonów przekraczających wartości progowe w odniesieniu do dwóch zestawów cech ziemniaka jadalnego w 16 kombinacjach rodzicielskich (dane retransformowane)
Frequency of clones which transgress the target values for two sets of characters of table potato in 16 parental combinations (retransformed data)

Kombinacja rodzicielska Parental combination	Procentowy udział klonów Percentage of clones	
	o dobrej morfologii bulw with good tuber appearance	reprezentujących typy kulinarne A lub B, o dobrej jakości representing culinary type A or B, with good cooking quality
M-191 × Donella	13,4	53,6
PW-377 × Donella	14,3	21,0
M-464 × Donella	24,9	24,9
M-493 × Donella	39,3	39,3
M-191 × Obelix	32,1	10,4
PW-377 × Obelix	50,0	32,1
M-464 × Obelix	46,4	24,9
M-493 × Obelix	28,3	32,1
M-191 × Santana	35,7	21,4
PW-377 × Santana	10,4	7,1
M-464 × Santana	42,9	21,0
M-493 × Santana	24,9	28,6
M-191 × Vineta	35,6	39,3
PW-377 × Vineta	32,1	21,4
M-464 × Vineta	46,4	17,7
M-493 × Vineta	28,6	32,1
NIR _{0,05}	7,4	3,5
LSD _{0,05}		

Średnie kwadraty dla efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) form matecznych i ojcowskich oraz efektów swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) zestawiono w tabeli 2. Uzyskane wyniki świadczą o tym, że zmienność rodzin pod względem obydwu badanych zestawów cech kształtowana była zarówno przez addytywne, jak i nieaddytywne formy działania genów. Fakt ten jest zgodny z oczekiwaniem, jako że każdy z omawianych zestawów cech był wypadkową kilku cech. Na znaczny udział addytywnego działania genów w warunkowaniu wielkości bulw, regularności kształtu bulw i głębokości oczek zwracali uwagę Neele i wsp. (1991), Domański i wsp. (2000), a w przypadku ciemnienia bulw po ugotowaniu Dalianis i wsp. (1966). Z kolei skłonność do wtórnego wzrostu i pustowatości bulw warunkowane są zarówno przez addytywne, jak i nieaddytywne działanie genów (Veileux i Lauer, 1981; Domański i in., 2000). Killick (1977) oceniając zdolność kombinacyjną niektórych brytyjskich odmian pod względem tekstury mięszu bulw po ugotowaniu, wykazał istotność komponentu swoistej zdolności kombinacyjnej, a nieistotność ogólnej zdolności kombinacyjnej.

Tabela 2

Analiza wariancji zdolności kombinacyjnej pod względem dwóch zestawów cech ziemniaka jadalnego
Analysis of variance for combining ability of two sets of characters of table potato

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty (transformacja kątowna) Mean squares (angular transformation)	
		frekwencja klonów z dobrą morfologią bulw frequency of clones with good tuber appearance	frekwencja klonów sklasyfikowanych jako typy kulinarne A lub B o dobrej jakości frequency of clones classified as culinary type A or B with good quality
GCA (rody) GCA (clones)	3	197,03 *	138,17 **
GCA (odmiany) GCA (cultivars)	3	154,78 *	141,82 **
SCA	9	136,78 *	105,73 **
Błąd Error	15	39,91	7,20

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

GCA — ogólna zdolność kombinacyjna; general combining ability

SCA — swoista zdolność kombinacyjna; specific combining ability

Przeprowadzone badania (tab. 3) umożliwiły wyróżnienie spośród form matecznych rodu M-464, a spośród form ojcowskich odmian Obelix i Vineta, które zwiększały w potomstwie frekwencję osobników o dobrej morfologii bulw. Do wyróżniających się form rodzicielskich, które zwiększały w potomstwie frekwencję klonów o pożądanej jakości kulinarnej należały rody (M-191 i M-493) oraz odmiana Donella. Najwyższe istotnie dodatnie efekty SCA jednocześnie dla obydwu zestawów cech zaobserwowano w przypadku populacji PW-377 $\times$ Obelix. Możliwości pozyskania z wyższą frekwencją klonów, spełniających kryteria selekcyjne obydwu zestawów cech zapewniały również mieszańce: M-493 $\times$ Donella, M-464 $\times$ Obelix, M-191 $\times$ Vineta.

Tabela 3

Efekty ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) wartości kombinacyjnej dla procentu klonów spełniających kryteria selekcyjne w odniesieniu do zestawu cech morfologicznych bulw (a) i przydatności konsumpcyjnej (b)

Effects of general (GCA) and specific (SCA) combining ability for the percentage of clones that transgress target values for the set of tuber appearance (a) and the set of consumption quality (b)

Rodzice Parents		SCA				GCA dla matek GCA for female
		Donella	Obelix	Santana	Vineta	
M-191	a	-5,20*	-2,73	6,50**	1,43	-1,41
	b	8,79**	-13,10**	-0,58	4,88**	2,48**
PW-377	a	-2,30	9,95**	-9,16**	1,51	-3,60**
	b	-4,11*	9,44**	-5,82**	0,50	-4,38**
M-464	a	-3,63	-1,14	3,87	0,90	5,45**
	b	-3,26*	3,06*	4,19*	-3,99*	-2,56**
M-493	a	11,13**	-6,08*	-1,21	-3,83	-0,44
	b	-1,42	0,60	2,22	-1,39	4,46**
GCA dla ojców	a	-5,62**	4,90**	-2,15	2,86*	
GCA for male	b	5,19**	-1,13	-4,92**	0,86	

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

** Significant at $\alpha = 0.01$

Uproszczona wielocechowa ocena, oparta na określaniu frekwencji wartościowych klonów w populacji była często stosowanym miernikiem wartości kombinacji rodzicielskich w praktycznej hodowli ziemniaka (Świeżyński, 1977). Proponowany przez nas wariant tej metody uwzględnia dodatkowo, takie elementy jak: (1) aktualizację wartości progowych cech przy określaniu frekwencji wartościowych klonów, a następnie przybliżanie tak utworzonej zmiennej do rozkładu normalnego za pomocą transformacji kątowej; (2) przestrzeganie zasady, aby oceniane populacje były reprezentowane przez co najmniej 70 losowo pobranych osobników na etapie siewek i stosowana była jednakowa intensywność selekcji; (3) standaryzacji wielkości sadzeniaków na poletkach.

WNIOSKI

1. W determinowaniu frekwencji klonów o dobrej morfologii bulw oraz frekwencji klonów sklasyfikowanych w typie kulinarnym sałatkowym (A) lub ogólnoużytkowym (B) i jednocześnie wysokiej jakości kulinarnej odgrywały rolę zarówno addytywne, jak i nieaddytywne formy działania genów.
2. Dobrą ogólną wartością kombinacyjną wykazały się rody M-191 i M-493 oraz odmiana Donella. Wyżej wspomniane formy rodzicielskie zwiększały w potomstwie frekwencję osobników, które sklasyfikowano w typie konsumpcyjnym A lub B i jednocześnie charakteryzowały się wysoką jakością kulinarną.
3. Korzystną swoją wartością kombinacyjną, umożliwiającą pozyskanie z wyższą frekwencją klonów charakteryzujących się wyżej wspomnianym zestawem cech i jednocześnie o dobrej morfologii bulw zaobserwowano w przypadku potomstw

z kombinacji rodzicielskich: PW-377 × Obelix, M-493 × Donella, M-464 × Obelix i M-191 × Vineta,

LITERATURA

- Dalianis C. D., Plaisted R. I., Peterson L. C. 1966. Selection for freedom after cooking darkening in a potato breeding program. *Am. Potato J.* 43: 207 —215.
- Domański L., Zimnoch-Guzowska E., Sieczka M. T. 2000. Estimation of general combining ability at the early stage of potato breeding. *Plant Breeding and Seed Science* 44 (2): 87 —94.
- Kamasa J., Borys J. 1991. Ocena wartości gospodarczej odmian ziemniaka w Polsce. W: Synteza materiałów wyjściowych dla hodowli ziemniaka — dorobek i perspektywa. Świeżyński K. M., Chrzanowska M., Czech B. (red.). Instytut Ziemniaka Bonin 1991: 127 —131.
- Killick K. J. 1977. Genetic analysis of several traits in potatoes by means of a diallel cross. *Ann. Appl. Biol.* 86: 279 —289.
- Leszczyński W. 2000. Jakość ziemniaka konsumpcyjnego. *Żywność, Suplement* 4 (25): 55 —68.
- Neele A. E. F., Nab H. J., Louves K. M. 1991. Identification of superior parents in a potato breeding programme. *Theor. Appl. Genet.* 92: 264 —272.
- Świeżyński K. M. 1977. Dobór form rodzicielskich. W: Gabriel W., Świeżyński K. M. (aut.) *Hodowla i nasiennictwo ziemniaka*. PWRL, Warszawa: 187 —209.
- Talbert W. F., Smith O. 1987. *Potato processing*. AVI Publishing Co., 4th ed., New York.
- Veileux R. E., Lauer R. E. 1981. Breeding behaviour of yield components and hollow heart in tetraploid-diploid vs. conventionally derived potato hybrids. *Euphytica* 30: 547 —561.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowania komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 —13.
- Zgórska K. 1993. Użytkowanie ziemniaków jadalnych. W: *Produkcja ziemniaków*. Chotkowski J. (red.). Instytut Ziemniaka, Bonin: 209 —231.

ALICJA MAJEWSKA
BARBARA DĄBROWSKA
ZENON WĘGLARZ

Katedra Roślin Warzywnych i Lecznicych
Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Plonowanie oraz zawartość składników odżywczych i związków biologicznie czynnych w kilku ekotypach chrzanu (*Armoracia rusticana* Gaertn.) w zależności od miejsca uprawy

Yielding and content of nutrients and biologically active compounds in several ecotypes of horseradish (*Armoracia rusticana* Gaertn.) cultivated in different localities

Przedmiotem badań były 4 ekotypy: Mazaniec, Lipnik, Tądle i Osjaków pochodzące z okolic Wielunia. Doświadczenia prowadzono w latach 2000–2001 równocześnie w miejscu pochodzenia w/w ekotypów i w nowych warunkach glebowo-klimatycznych, na Polu Doświadczalnym Katedry Roślin Warzywnych i Lecznicych w Wilanowie. W okresie wegetacji opisano 16 cech morfologicznych liści. Określono plon korzeni i sadzonek, wykonano analizy chemiczne na zawartość suchej masy, witaminy C, cukrów ogółem, jakościowe oznaczenie związków siarki przy pomocy chromatografii gazowej oraz zmierzono zawartość i aktywność peroksydazy. Stwierdzono, że zmiana warunków glebowo-klimatycznych nie miała wpływu na około 90% badanych cech morfologicznych liści. Badane ekotypy chrzanu w różnym stopniu zareagowały wielkością plonu handlowego korzeni konsumpcyjnych na zmianę warunków glebowo-klimatycznych. Najbardziej stabilny okazał się ekotyp Lipnik zaś najbardziej wrażliwe ekotypy Tądle i Osjaków. Najwyższy plon sadzonek stwierdzono u ekotypu Tądle w obu latach badań i w obu miejscach uprawy. Badane ekotypy przeniesione do nowych warunków glebowo-klimatycznych w sposób istotny zareagowały zawartością suchej masy, cukrów ogółem i witaminy C przy czym wielkość tych zmian była uwarunkowana ekotypem. Zawartość izotiocyanianu allilu była u wszystkich badanych ekotypów (wyjątek Tądle) od 13% do ponad 25% niższa w pierwotnym miejscu uprawy w porównaniu do nowych warunków środowiska, natomiast między ekotypami niezależnie od miejsca uprawy różnice dochodziły do ok. 30%. Jeśli chodzi o peroksydazę to na zawartość tego enzymu miało wpływ przede wszystkim miejsce uprawy. W nowych warunkach uprawy zawartość ta była znacznie wyższa w porównaniu do uzyskanej w pierwotnym miejscu uprawy, a najwyższą zawartością spośród badanych ekotypów charakteryzował się Osjaków. Badając kinetykę reakcji utleniania pirogalolu w obecności peroksydazy chrzanu przy długości fali $\lambda = 430$ nm stwierdzono, że reakcja najintensywniej przebiegała u wszystkich badanych ekotypów i niezależnie od miejsca uprawy, w pierwszych 30 sekundach.

Słowa kluczowe: chrzan, ekotypy, izotiocyjanian allilu, peroksydaza

The objective of the studies carried out in 2000–2001 was to characterize 16 morphological characters of leaves and yields of the main roots and root cuttings of four Polish ecotypes of horseradish (*Armoracia rusticana* Gaertn.): Mazaniec, Lipnik, Tądle and Osjaków, cultivated in two localities differing in both soil and climatic conditions. The experiments were performed simultaneously in the environs of Wieluń (the region where the ecotypes have been cultivated) and in the Experimental Field of the Department of Vegetable and Medicinal Plants of Warsaw University (SGGW) in Wilanów. Chemical analyses were done to determine the content of dry matter, vitamin C and total sugar as well as the activity of peroxidase. Volatile components were identified using gas chromatography. The altered soil and climatic conditions in the Experimental Field had no influence on 14 of the 16 (nearly 90%) morphological traits of leaves. However, they did strongly affect yield of the main roots produced by ecotypes Osjaków (increase) and Tądle (decrease). Similar results were obtained with the crop of root cuttings, Tądle being the most fertile ecotype in both vegetation periods and both cultivation localities. The content of dry matter, total sugar and vitamin C markedly depended on plant ecotype as well as soil and climatic conditions. The plants cultivated in the Experimental Field generally contained a greater amount of allyl isothiocyanate and peroxidase than those grown in the environs of Wieluń. The oxidation of pyrogallol catalysed by horseradish peroxidase was most intensive during the initial 30 seconds.

Keywords: horseradish, ecotype, allyl isothiocyanate, peroxidase

WSTĘP

Chrzan (*Armoracia rusticana* Gaertn.) jedna z najstarszych roślin uprawnych (Courter i Rhodes, 1979), należy do popularnych warzyw przyprawowych o wyraźnych właściwościach ostro piekących i silnym działaniu fizjologicznym. Polska jest aktualnie czołowym producentem chrzanu, a największy areał uprawy zlokalizowany jest w południowej części woj. łódzkiego.

Zróżnicowanie ekotypów w obrębie gatunku *Armoracia rusticana* jest bardzo duże. Różnice te dotyczą zarówno cech morfologiczno-rozwojowych, plonotwórczych jak i składu chemicznego tak korzeni jak i sadzonek (Rhodes i in., 1965, 1969; Dąbrowska, 1970; Poniedziałek, 1986; Fritz i in., 1987; Nebel i in., 1988).

Czynnikiem, który w dużym stopniu decyduje o wartości korzeni chrzanu jako surowcu dla przemysłu przetwórczego, dla konsumpcji w stanie świeżym, a także o właściwościach leczniczych, jest zawartość lotnych związków siarki powodujących specyficzny ostry smak. Dotychczas zidentyfikowano ponad 20 tych związków, stwierdzając największą zawartość izotiocyjanianu allilu (Gilbert i Nursten, 1972; Tokarska, 1980).

Na specjalną uwagę zasługuje też występujący w chrzanie enzym peroksydaza decydujący o procesach utleniania zachodzących w roślinie.

W literaturze wskazuje się również na zróżnicowanie typów lokalnych co do adaptacji do nowych warunków środowiska (Dąbrowska, 1970; Rending i in., 1976; Poniedziałek, 1986).

Celem niniejszej pracy było zbadanie plonowania oraz zawartości składników odżywczych i związków biologicznie czynnych w kilku ekotypach chrzanu w różnych warunkach glebowo-klimatycznych.

MATERIAŁ I METODY

Badania prowadzono w latach 2000–2001 różniących się dość istotnie między sobą pod względem warunków klimatycznych. Przedmiotem badań były cztery ekotypy chrzanu: Mazaniec, Lipnik, Tądle i Osjaków, pochodzące z zagłębia chrzanowego z okolic Wielunia (oW). Doświadczenia prowadzono równocześnie w dwóch miejscach tj. w pierwotnym miejscu uprawy na glebie płowej wytworzonej z piasków i na polu doświadczalnym Katedry Roślin Warzywnych i Lecznictw SGGW w Wilanowie (W) na madzie średniej wytworzonej z utworu pyłowego ilastego. Zakładano je w drugiej połowie kwietnia, metodą bloków losowanych w czterech powtórzeniach. Sadzonki wysadzano w uprawie na płask w rozstawie 60 x 40 cm. W okresie wegetacji wykonano pomiary biometryczne liści według opracowanej przez Rhodesa (1969) skali ich różnorodności morfologicznej, uwzględniające 16 istotnych cech. Zmierzono wielkość plonu konsumpcyjnych korzeni handlowych i sadzonek.

Wykonano analizy chemiczne na zawartość suchej masy metodą suszarkową, witaminy C metodą Tillmansa, cukrów ogółem metodą Schoorla-Luffa. Oznaczono zawartość lotnych związków siarki metodą chromatografii gazowej na aparacie firmy Hewlett Packard M-6890 z oprzyrządowaniem. Aktywność peroksydazy w korzeniach chrzanu w porównaniu do czystej peroksydazy chrzanowej zakupionej w firmie Sigma, zbadano kolorymetrycznie z wykorzystaniem barwnej reakcji z nadtlakiem wodoru i pirogalolem, w wyniku której powstaje purpurogalina (Kączkowski, 1987). Uzyskane wyniki opracowano statystycznie za pomocą testu Fishera-Snedecora w analizie wariancji dla poziomu istotności $\alpha = 0,05$ i $\alpha = 0,01$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Spośród 16 badanych cech morfologicznych liści tylko dwie a mianowicie czarne plamy na ogonkach liściowych, oraz czerwone zabarwienie u podstawy ogonków wykazywały zróżnicowanie w zależności od miejsca uprawy u wszystkich badanych ekotypów (tab. 1).

Plon konsumpcyjnych korzeni handlowych chrzanu w 2000 roku (tab. 2 a) wahał się od 85,5 (Mazaniec oW) do 141,0 kg·ar⁻¹ (Osjaków W). Miejsce uprawy nie spowodowało istotnej różnicy w wielkości plonu tylko u ekotypu Lipnik. W pierwotnym miejscu uprawy istotnie najwyższy plon wydał ekotyp Tądle, zaś w nowym ekotyp Osjaków. Generalnie wszystkie ekotypy poza Tądle, w nowym miejscu uprawy wydały wyższy plon z tym, że największa różnica miała miejsce u ekotypu Osjaków.

W 2001 roku plon korzeni handlowych chrzanu każdego z badanych ekotypów był wyższy (tab. 2) i wahał się od 108,2 (Mazaniec oW) do 172,3 kg·ar⁻¹ (Osjaków W). Miejsce uprawy nie spowodowało istotnej różnicy w wielkości plonu handlowego korzeni konsumpcyjnych poza ekotypem Lipnik (jak w roku poprzednim) również u ekotypu Mazaniec. Tak jak w roku poprzednim w pierwotnym miejscu uprawy istotnie najwyższy plon wydał ekotyp Tądle, zaś w nowym Osjaków.

Tabela 1

Cechy morfologiczne liści
Morphological traits of leaves

Opisywane cechy Described traits	Ekotyp, miejsce uprawy Ecotype, cultivation locality			
	Mazanec oW* Mazanec W**	Lipnik oW Lipnik W	Tądle oW Tądle W	Osjaków oW Osjaków W
Długość ogonka Length of petiole	+***	+	+	****
Długość blaszki liściowej Length of leaf blade	+	+	+	+
Szerokość blaszki liściowej Width of leaf blade	+	+	+	+
Szerokość górnej ćwiartki blaszki liścia Width of quarter of leaf blade	+	+	+	+
Szerokość dolnej ćwiartki blaszki liścia Width of quarter of leaf blade	+	+	+	+
Stopień pomarszczenia liści Rugose of leaf blade	+	+	+	+
Czarne plamy na ogonkach liściowych Black spots of petiole	-	-	-	-
Czerwone zabarwienie podstawy ogonków liściowych Reddening of the bottom part of leaves petioles	-	-	-	-
Kształt szczytu liścia Shape of leaf apex	+	+	+	+
Kształt brzegu blaszki liściowej Type of blade edge	+	+	+	+
Wygięcie nerwu Curve of midrib	+	+	-	+
Zagięcie blaszki liściowej wzdłuż nerwu Folding of leaf blade along midrib	+	+	+	-
Spiralność liści Spiralling of leaves	+	+	+	-
Kolor liści Colour of leaves	+	+	+	+
Wigor liści Vigour of leaves	+	+	+	+
Pokrój rośliny Plant phenotype	+	+	-	+

* oW — okolice Wielunia, ** W — Wilanów; ***+ — Brak różnic; **** — Różnice

* oW — area around Wieluń ** W — Wilanów; ***+ — No difference; **** — Difference

Wszystkie ekotypy, poza Tądle również tak jak w roku ubiegłym, w nowym miejscu uprawy wydały wyższy plon, a różnica największa dotyczyła ekotypu Osjaków (31,1 kg·ar⁻¹).

Plon sadzonek (korzeni bocznych o średnicy minimum 0,7 cm i długości minimum 15 cm) w 2000 r (tab. 3) wahał się od 18,20 kg·ar⁻¹ (Osjaków oW) do 62,42 kg·ar⁻¹ (Tądle oW) zaś w 2001 r (tab. 3) od 21,10 kg·ar⁻¹ (Lipnik oW) do 76,37 kg·ar⁻¹ (Tądle oW).

W obu latach badań miejsce uprawy spowodowało istotną różnicę w wielkości plonu sadzonek tylko u ekotypu Tądle. U tego ekotypu stwierdzono w obu latach, istotnie

najwyższy plon w obydwu miejscach uprawy, a więc niezależnie od warunków glebowo-klimatycznych.

Tabela 2a

Plon konsumpcyjnych korzeni handlowych chrzanu ($\text{kg}\cdot\text{ar}^{-1}$) w zależności od miejsca uprawy w 2000 roku
Yield of main roots of horseradish ($\text{kg}\cdot\text{are}^{-1}$) depending on cultivation locality in 2000

Miejsce(A) Locality Ekotyp (B) Ecotype	Mazaniec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mmean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń	85,5	96,0	139,5	115,5	109,12
Wilanów	105,0	102,0	115,5	141,0	115,87
Średnio Mean	95,25	99,0	127,5	128,25	
NIR _{0,05} /LSD(A) = 9,0		NIR _{0,01} /LSD (B) = 16,5			
NIR _{0,01} /LSD (A/B) = 18,0		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 23,5			

Tabela 2b

Plon konsumpcyjnych korzeni handlowych chrzanu ($\text{kg}\cdot\text{ar}^{-1}$) w zależności od miejsca uprawy w 2001 roku
Yield of main roots of horseradish ($\text{kg}\cdot\text{are}^{-1}$) depending on cultivation locality in 2001

Miejsce (A) Locality Ekotyp (B) Ecotype	Mazaniec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń	108,2	115,5	170,5	141,2	133,85
Wilanów	128,3	124,7	141,2	172,3	141,62
Średnio Mmean	118,25	120,1	155,85	156,75	
NIR _{0,05} /LSD (A) = 11,0		NIR _{0,01} /LSD (B) = 20,17			
NIR _{0,01} -LSD (A/B) = 22,0		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 28,5			

Tabela 3a

Plon sadzonek chrzanu ($\text{kg}\cdot\text{ar}^{-1}$) w zależności od miejsca uprawy w 2000 roku
Yield of root cuttings of horseradish ($\text{kg}\cdot\text{are}^{-1}$) depending on cultivation locality in 2000

Miejsce (A) LocalityPlace Ekotyp (B) Ecotype	Mazaniec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń	21,85	17,27	62,42	18,20	29,94
Wilanów	20,23	21,07	33,23	20,13	23,66
Średnio Mean	21,04	19,17	47,82	19,16	
NIR _{0,01} /LSD (A) = 3,48		NIR _{0,01} /LSD (B) = 6,58			
NIR _{0,01} /LSD (A/B) = 6,95		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 9,30			

Tabela 3b

Plon sadzonek chrzanu ($\text{kg} \cdot \text{ar}^{-1}$) w zależności od miejsca uprawy w 2001 roku
Yield of root cuttings of horseradish ($\text{kg} \cdot \text{are}^{-1}$) depending on cultivation locality in 2001

Miejsce (A) Locality	Ekotyp (B) Ecotype	Mazaniec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń		26,78	21,10	76,37	22,23	36,62
Wilanów		24,72	25,73	40,58	24,60	28,91
Średnio Mean		25,75	23,41	58,47	23,41	
NIR _{0,01} /LSD (A) = 4,25		NIR _{0,01} /LSD (B) = 8,05				
NIR _{0,01} /LSD (A/B) = 8,50		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 11,37				

Wyniki analiz chemicznych prezentowane w literaturze wskazują na duże różnice w składzie korzeni chrzanu. Howard i wsp. (1962) stwierdzili, że korzenie chrzanu kalifornijskiego zawierały 1,8% cukrów ogółem i 5,2% innych węglowodanów, przy suchej masie 23%. Schuphan (1948) z kolei podaje zawartość cukrów ogółem 6,0% przy suchej masie równej 28,20%. Moravec i Kvasnička (1963) u różnych ekotypów chrzanu znajdowali 13,09–22,90% cukrów. Dąbrowska (1970) stwierdziła przy suchej masie średnio 26%, zawartość cukrów ogółem 6,9–11,0%, a witaminy C 94–130 mg%. Uważa się, że te rozbieżności w literaturze, wywołane są zarówno nieporównywalnością metod analitycznych, jak również dużą zmiennością genotypową chrzanu i różną reakcją typów lokalnych na zmianę warunków środowiska.

W badaniach prezentowanych w niniejszej pracy zawartość suchej masy w korzeniach badanych ekotypów chrzanu (tab. 4) wahała się od 25,33 do 35,58%. Średnio istotnie wyższą suchą masę wykazały się badane typy uprawiane w Wilanowie. Istotnie najwyższą suchą masę stwierdzono u typu Osjaków. Ten też ekotyp w największym stopniu (zwyżką suchej masy) zareagował na przeniesienie z pierwotnego do nowego miejsca uprawy (zwyżką 5,34%). Najmniejszą różnicę w zawartości suchej masy spowodowaną przeniesieniem uprawy w nowe warunki środowiska stwierdzono u typu Tądle.

Tabela 4

Sucha masa korzeni konsumpcyjnych czterech ekotypów chrzanu (%) w zależności od miejsca uprawy (średnio 2000–2001)
Dry matter of main roots in the four ecotypes of horseradish (%) depending on cultivation locality (mean 2000–2001)

Miejsce (A) Locality	Ekotyp (B) Ecotype	Mazaniec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń		25,33	25,70	29,27	30,24	27,63
Wilanów		28,92	25,45	27,19	35,58	29,28
Średnio Mean		27,12	25,57	28,23	32,91	
NIR _{0,01} /LSD (A) = 1,18		NIR _{0,01} /LSD (B) = 2,22				
NIR _{0,01} /LSD (A/B) = 2,35		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 3,15				

Zawartość cukrów ogółem wahała się od 5,5 do 11,88 mg /100 g świeżej masy. Badane ekotypy zareagowały obniżką zawartości cukrów w korzeniu w nowych warunkach środowiska (tab. 5). W wypadku każdego z nich była to różnica statystycznie istotna (największa dla ekotypu Tądle). W tych samych warunkach uprawy największą zawartość cukrów ogółem stwierdzono u ekotypu Tądle aczkolwiek między nim a ekotypami Lipnik i Osjaków różnic istotnych nie było. Te trzy ekotypy w sposób istotny, natomiast różniły się pod względem tej cechy od ekotypu Mazaniec. W nowym miejscu uprawy największą zawartość cukrów stwierdzono u typu Osjaków i była ona istotnie wyższa od zawartości cukrów w korzeniach pozostałych badanych ekotypów.

Tabela 5

Zawartość cukrów ogółem w korzeniach konsumpcyjnych czterech ekotypów chrzanu (g na 100 g świeżej masy) w zależności od miejsca uprawy (średnio 2000–2001)
Level of total sugar (g/100 g fresh matter) in main roots of the four ecotypes of horseradish depending on cultivation locality (mean 2000–2001)

Miejsce (A) Place Ekotyp(B) Ecotype	Mazanec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń	8,83	10,41	11,88	10,22	10,33
Wilanów	5,57	5,54	6,17	7,03	6,08
Średnio Mean	7,2	7,97	9,02	8,62	
NIR _{0,01} /LSD (A) = 0,36		NIR _{0,01} /LSD (B) = 0,68			
NIR _{0,05} /LSD (A/B) = 0,72		NIR _{0,01} /LSD (B/A) = 0,96			

Tabela 6

Zawartość witaminy C w korzeniach konsumpcyjnych czterech ekotypów chrzanu (mg na 100 g świeżej masy) w zależności od miejsca uprawy (średnio 2000–2001)
Total contents of vitamin C (mg/ 100 g fresh matter) in main roots of the four ecotypes of horseradish depending on cultivation locality (mean 2000–2001)

Miejsce (A) Locality Ekotyp (B) Ecotype	Mazanec	Lipnik	Tądle	Osjaków	Średnio Mean
Okolice Wielunia The environs of Wieluń	77,65	130,29	93,17	106,96	102,02
Wilanów	98,88	96,03	108,99	138,44	110,58
Średnio Mean	88,26	113,16	101,08	122,70	
NIR _{0,01} /LSD A = 5,05		NIR _{0,01} /LSD B = 9,54			
NIR _{0,05} /LSD (A/B) = 10,10		NIR _{0,05} /LSD (B/A) = 13,49			

Zawartość witaminy C (tab. 6) wahała się od 77,65 (Mazanec oW) do 138,44 mg% (Osjaków W). Średnio dla ekotypów zawartość witaminy C w 100 g świeżej masy korzenia była istotnie wyższa w nowym miejscu uprawy. Analizując, natomiast poszczególne ekotypy pod kątem reakcji każdego z nich na zmianę warunków glebowo-klimatycznych,

należy stwierdzić, że w nowym miejscu uprawy zawartość witaminy C w korzeniach była istotnie wyższa niż w pierwotnym, z wyjątkiem ekotypu Lipnik.

Czynnikiem, który w dużym stopniu decyduje o wartości korzeni chrzanu jest zawartość i skład olejku gorczycznego. Głównym składnikiem tego olejku jest izotiocyanian allilu, który jak podaje literatura stanowi średnio 85, a nawet 90–92% (Mazza, 1984; Velioglu i in., 1998), a drugim związkiem co do ilości według tych samych autorów jest izotiocyanian 2-feniloetylu.

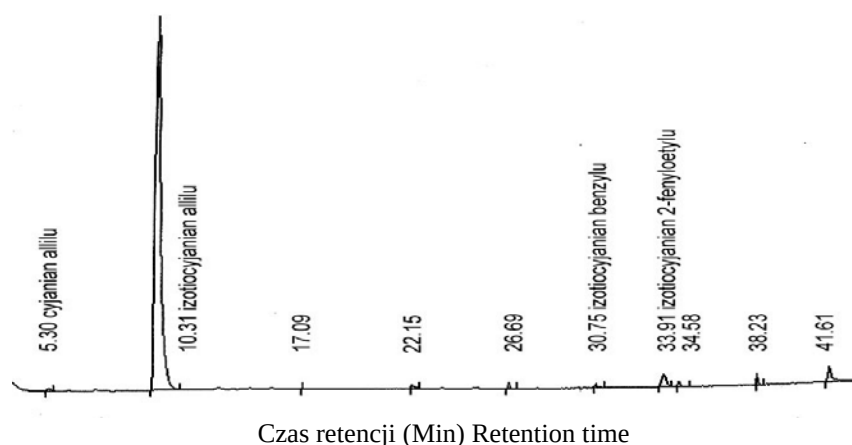
Tabela 7

Zawartość lotnych związków siarkowych (%) w korzeniach konsumpcyjnych kilku ekotypów chrzanu
Content of volatile constituents (%) in main roots of the four ecotypes of horseradish

Ekotyp, miejsce uprawy Ecotype, cultivation locality	Izotiocyanian allilu Allyl - isothiocyanate	Izotiocyanian 2-feniloetylu 2 phenylethyl - isothiocyanate	Izotiocyanian benzylu Benzyl - isothiocyanate	Cyjanian allilu Allyl-cyanate	Niezidentyfikowana reszta Unidentified residues
Mazaniec oW*	63,13	18,42	1,62		16,83
Mazaniec W**	88,37	7,43	0,44		3,76
Lipnik oW	75,39	20,21	0,27		4,13
Lipnik W	87,92	8,98	0,28	0,26	2,56
Tądle oW	73,98	18,72	0,80		6,50
Tądle W	68,67	10,33	1,82	0,44	18,74
Osjaków oW	76,75	9,48	0,89		12,88
Osjaków W	90,37	2,55	0,51		6,57

*oW — Okolice Wielunia; *oW — The environs of Wieluń

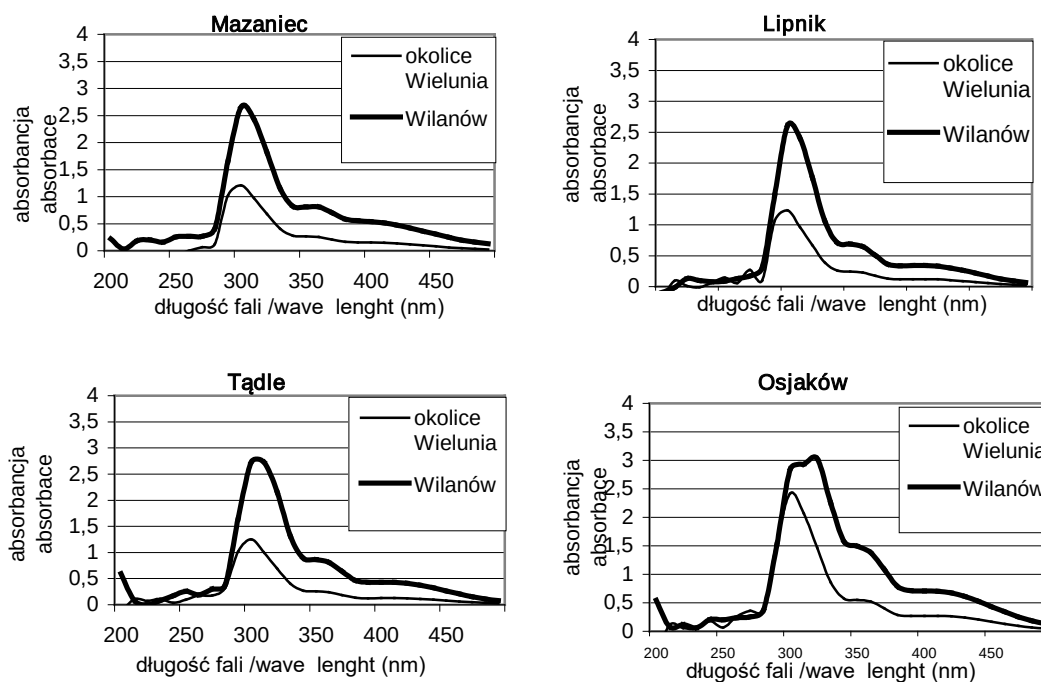
**W — Wilanów



Rys. 1. Chromatogram rozdzielu związków siarkowych zawartych w korzeniach chrzanu
Fig. 1. Gas chromatogram volatile constituents of the main horseradish roots

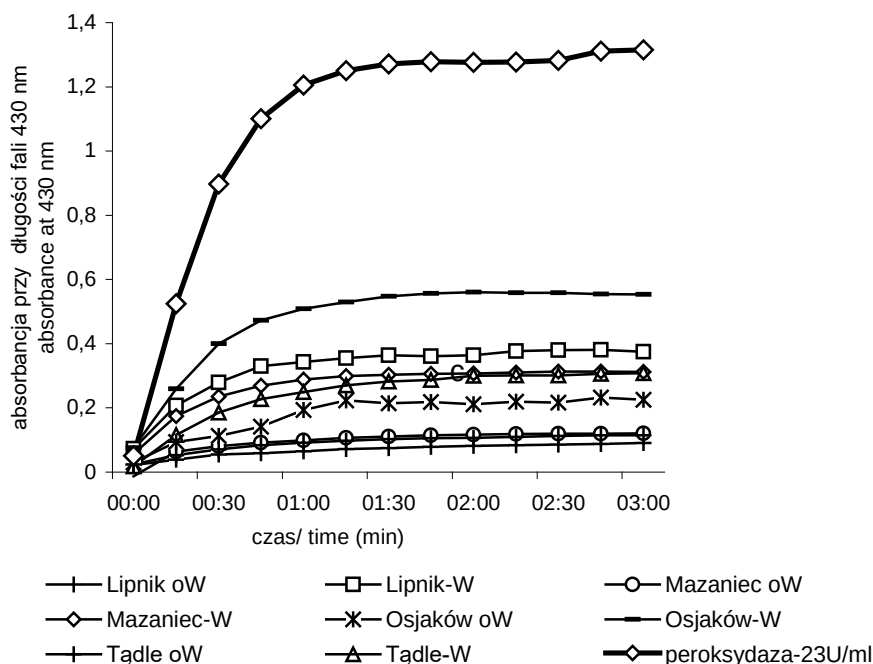
W niniejszej pracy badając zawartość lotnych związków siarki, odpowiedzialnych za ostrość smaku wyodrębniono u badanych ekotypów (tab. 7) 10 związków, z czego zidentyfikowano cztery (rys. 1). Zawartość izotiocyanianu allilu wahała się od 63 do 90%. U wszystkich ekotypów, z wyjątkiem Tądle ilość tego związku była wyższa w nowym

miejscu uprawy. Drugim pod względem zawartości związkiem był podobnie jak w badaniach Mazzy (1984) izotiocyjanian 2-feniloetylu, którego było jednak więcej w korzeniach chrzanu w pierwotnym miejscu uprawy. Zidentyfikowano poza tym izotiocyjanian benzylu, a u dwóch typów uprawianych w Wilanowie również cyjanian allilu.



Rys. 2–5. Aktywność peroksydazy w zależności od miejsca uprawy ekotypu
Fig. 2–5. Activity of horseradish peroxidase depending on cultivation locality

Widmo purpurogaliny powstałej w wyniku reakcji utleniania pirogalolu przez peroksydazę, u każdego z badanych ekotypów było bardzo zbliżone do widma powstałego przy zastosowaniu czystej peroksydazy. U każdego ekotypu stwierdzono wyższą aktywność peroksydazy (rys. 2–5) w korzeniach uzyskanych w nowych warunkach uprawy (W), a najwyższą aktywnością wykazał się typ Osjaków. Reakcja utleniania pirogalolu przez peroksydazę najintensywniej przebiegała u wszystkich ekotypów a przy tym niezależnie od miejsca uprawy, w pierwszych 30 sekundach reakcji. Dotyczy to zarówno czystej peroksydazy jak i zawartej w wodnym wyciągu z korzeni chrzanu.



Rys. 6. Widmo purpurogaliny powstałej po utlenieniu pirogalolu przez peroksydazę zawartą w wodnym wyciągu z korzeni chrzanu
Fig. 6. Spectrum of purpurogallin resulting from oxidation of pyrogallol by peroxidase contained in water extract from horseradish roots

WNIOSKI

1. Zmiana warunków glebowo-klimatycznych nie miała wpływu na ok. 90% badanych cech morfologicznych liści.
2. Badane ekotypy chrzanu w różnym stopniu zareagowały wielkością plonu handlowego korzeni konsumpcyjnych na zmianę warunków glebowo-klimatycznych; najbardziej stabilny okazał się ekotyp Lipnik, zaś najbardziej wrażliwe ekotypy Tądle i Osjaków.
3. Istotnie najwyższy plon sadzonek stwierdzono u ekotypu Tądle w obu latach badań i w obydwu miejscach uprawy; jednocześnie tylko u tego ekotypu spośród badanych, miejsce uprawy spowodowało istotną różnicę w wielkości plonu materiału sadzonekowego.
4. Badane ekotypy przeniesione do nowych warunków glebowo-klimatycznych w sposób istotny zareagowały zawartością suchej masy, cukrów ogółem i witaminy C, przy czym wielkość tych zmian była również uwarunkowana ekotypem.
5. Zawartość składnika odpowiedzialnego za ostrość smaku korzeni chrzanu, jakim jest izotiocyjanian allilu była u wszystkich badanych ekotypów (wyjątek Tądle) od 13 do ponad 25% niższa w pierwotnym miejscu uprawy w porównaniu do nowych warunków

- środowiska; natomiast między ekotypami niezależnie od miejsca uprawy różnice dochodziły do ok. 30%.
6. Na zawartość peroksydazy u badanych ekotypów miało wpływ przede wszystkim miejsce uprawy; w nowym środowisku zawartość ta była znacznie wyższa w porównaniu do pierwotnego, zaś najwyższą zawartością tego enzymu pośród badanych ekotypów charakteryzował się Osjaków.
 7. Badając kinetykę reakcji utleniania pirogalolu w obecności peroksydazy chrzanu przy długości fali $\lambda = 430 \text{ nm}$ stwierdzono, że reakcja najintensywniej przebiegała u wszystkich badanych ekotypów i niezależnie od miejsca uprawy, w pierwszych 30 sekundach.

LITERATURA

- Courter J. W., Rhodes A. M. 1979. Historical notes on horseradish. *J. Econ. Bot.* 23: 156 — 164.
- Dąbrowska B. 1970. Badania nad wpływem różnych sposobów uprawy chrzanu na wysokość i jakość plonu. Rozp. dokt. Inst. Prod. Ogrod. SGGW, Warszawa: 146 ss.
- Fritz D., Wiechmann J., Nebel H. 1987. Influence of provenance and harvest date on some quality properties of horse radish (*Armoracia rusticana* Ph. Gaertn. B. Mey. Et Scherb.) for preservation purposes. *Acta Horticulturae* 220: 425 — 431.
- Gilbert J., Nursten H. 1972. Volatile constituents of horseradish roots. *J. Sci. Food Agric.* 23 (4): 527 — 539.
- Howard F. D., Macgillivray J. H., Yamagucki M. 1962. Nutrient composition of fresh California — grown vegetables. *Bull. Calif. Agric. Exp. Stat.*: 788.
- Kączkowski J. 1987. Materiały do ćwiczeń z biochemii. Wydawnictwo SGGW, Warszawa: 133 — 136 pp.
- Moravec J., Kvasnička S. 1963. Možnosti zvyšování produkce a jakosti křenu (Olomouc). *Bull.* 7: 54.
- Mazza G. 1984. Volatiles in distillates of fresh, dehydrated and freeze-dried horseradish. *Can. Inst. Food Sci. Technol. J.* 17 (1): 18 — 23.
- Nebel H., Wiehmann J., Fritz D. 1988. Ertrag verschiedener Meerrettich-Herkünfte. *Gemüse*, 6: 272 — 273.
- Poniedziałek M. 1986. Wpływ biologicznych i agrotechnicznych czynników na zawartość lotnych związków siarki i aktywność peroksydazy w korzeniach chrzanu (*Armoracia rusticana* Gaertn.). *Zesz. Nauk. A.R. Kraków. Rozp. habil.* 106: 60 ss.
- Rendig V. V., Oputa C., McComb E. A. 1976. Effect of sulphur deficiency on non-protein nitrogen, soluble sugars and N/S ratios in young corn plants. *Plant and Soil.* 44: 423 — 437.
- Rhodes A. M., Cuorter J. W., Shurtleff M. C. 1965. Identification of horseradish types. *Trans Illinois State Acad. Sc.* 58, 2: 115 — 122.
- Rhodes A. M., Carmer S.G., Cuorter J. W. 1969. Measurement and classification of genetic variability in Horseradish. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 94: 98 — 102.
- Schuphan W. 1948. Gemüsebau auf ernährungswissenschaftlicher Grundlage. (Hamburg): 8,10, 22, 50, 61, 67, 158, 180, 191, 202.
- Tokarska B. 1980. Otrzymanie i stabilizacja ekstraktów smakowo-zapachowych, zawierających związki siarki. Praca doktor. Inst. Przemysłu Fermentacyjnego: 97 ss.
- Velioglu Y. S., Mazza G., Gao L., Oomah B. D. 1998. Antioxidant activity and total phenolics in selected fruits, vegetable, and grain products. *J. Agric. Food Chem.* 46: 4113 — 4117.

WIESŁAW PILARCZYK**IRENA MUCHA¹**

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

Akademii Rolniczej w Poznaniu

¹ Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka

Porównanie zmienności mierzalnych cech morfologicznych wybranych gatunków traw w badaniach OWT

Comparison of variability of measurable (continuous) characteristics of selected grass species in DUS testing

W pracy porównano zmienność mierzalnych cech morfologicznych stosowanych w badaniach OWT (odrębność, wyrównanie, trwałość) traw. Wykorzystano wyniki doświadczeń z odmianami kostrzewy czerwonej, wiechliny łąkowej i życicy trwałej z lat 1998–2001. Obserwowane cechy dotyczyły źdźbeł, liści flagowych i kwiatostanów. Jako miarę zmienności przyjęto współczynniki zmienności i do ich porównania zastosowano nieparametryczny test S Friedmana. Ogólnie, niezależnie od gatunku, cechy dotyczące źdźbła były istotnie mniej zmienne niż cechy dotyczące liści. Cechy dotyczące kwiatostanu charakteryzowały się pośrednią zmiennością. Stwierdzono również występowanie istotnych różnic między zmiennościami występującymi w poszczególnych latach.

Słowa kluczowe: badania OWT, cechy mierzalne, test Friedmana, wyrównanie, zmienność

Variability of measurable characteristics appearing in DUS (distinctness, uniformity and stability) trials on three species of grass was compared. The data have been derived from the assessments carried out on a number of varieties of Red fescue, Kentucky bluegrass and Perennial ryegrass species from 1998 to 2001. The characteristics concerned the stem, flag leaves and inflorescence of single plants. The variability was measured with the use of coefficient of variability. Nonparametric Friedman's test was used for analysis of the differences. In general (independently of species), the characteristics concerning the stem were significantly less variable than those concerning the leaves. The characteristics concerning the inflorescence were of moderate variability. Significant differences caused by years were also noticed.

Key words: DUS testing, measured characteristics, nonparametric Friedman's test, uniformity, variability

WSTĘP

Zgodnie z Konwencją Międzynarodowego Związku Ochrony Nowych Odmian Roślin (International Union for the Protection of New Varieties of Plants — UPOV) każda nowa odmiana dowolnego gatunku roślin przed jej zarejestrowaniem i dopuszczeniem do obrotu materiałem nasiennym, a także przed udzieleniem ochrony wyłącznego prawa musi przejść cykl badań zwanych badaniami OWT (odrębność, wyrównanie, trwałość). W badaniach tych odmiana musi wykazać, że jest odrębna od wszystkich znanych odmian, że jest odpowiednio wyrównana oraz, że zachowuje swoje właściwości z pokolenia na pokolenie, czyli jest trwała. Konwencja UPOV określa także, że cechy stosowane w badaniach OWT odmian powinny być niezależne od wpływu środowiska doświadczalnego lub podlegające mu w stopniu jak najmniejszym.

Odmiany traw, z racji obcopylności, charakteryzują się stosunkowo dużą zmiennością wewnętrzną, a cechy mierzalne przeważające w ocenie OWT tej grupy roślin są w znacznym stopniu modyfikowane przez środowisko. Stopień wyrównania zarejestrowanych w Polsce krajowych i zagranicznych odmian traw jest zróżnicowany w zależności od gatunku (Mucha, Pilarczyk, 2001). Wyrównanie badanych odmian oceniane jest zatem relatywnie, w porównaniu z wzorcem, który zasadniczo stanowią wszystkie odmiany zarejestrowane wcześniej. Odmiana wpisywana do Rejestru Odmian lub do Księgi Ochrony Wyłącznego Prawa nie może być mniej wyrównana.

W tym opracowaniu podjęto próbę porównania zmienności cech mierzalnych stosowanych w ocenie odrębności wyrównania i trwałości odmian traw na podstawie trzech najliczniejszych odmianowo gatunków: życicy trwałej, kostrzewy czerwonej i wiechliny łąkowej.

MATERIAŁ I METODY

Analizie poddano wyniki doświadczeń prowadzonych w celu stwierdzenia odrębności, wyrównania i trwałości odmian (OWT) w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Słupi Wielkiej w latach 1998–2001. Doświadczenia te prowadzone corocznie, oddzielnie dla każdego gatunku, obejmują wszystkie odmiany zarejestrowane i zgłoszone do rejestru. Każda odmiana reprezentowana jest przez 60 roślin wysianych punktowo i rozlosowanych w sześciu blokach kompletnych. Do analizy przyjęto odmiany, które miały ciągłość w badaniach, występowały w doświadczeniach przez wszystkie cztery lata i dodatkowo uzyskały status rejestrowy.

Uwzględniono wszystkie cechy mierzalne, dla których pomiary wykonywano na pojedynczych roślinach, zgodnie z odpowiednimi metodykami UPOV (TG/4/7 1980, TG/67/4 1980, TG/33/6 1990). W tabeli 1 podano wykaz cech wraz z obowiązującymi skrótami nazw. W pomiarach wartości tych cech stosowane były różne jednostki fizyczne, zatem porównanie takich, mianowanych miar zmienności jak np. wariancja czy odchylenie standardowe było niecelowe. Przyjęto więc jako miary zmienności współczynniki zmienności. Obliczenia wykonano łącznie dla wszystkich odmian w gatunku oraz oddzielnie dla odmian krajowych i zagranicznych. Liczbę odmian uwzględnionych

w analizie podano w tabeli 2. W celu sprawdzenia stopnia zależności wyników od środowiska doświadczalnego, porównano także zmienności występujące w poszczególnych latach badań.

Tabela 1

Wykaz cech mierzonych (+) w poszczególnych gatunkach oraz wykaz skrótów ich nazw
List of observed (+) characteristics and abbreviations of their names for various species

Cecha Trait	Skrót nazwy Abbreviation	Gatunek Species		
		kostrzewa czerwona Red fescue	wiechlina łąkowa Kentucky bluegrass	życica trwała Perennial ryegrass
Długość najdłuższego źdźbła Length of longest stem	DNZ	+	+	+
Długość górnego międzywęźla Length of upper internode	DGM	+	+	-
Długość liścia flagowego Length of flag leaf	DLF	+	+	+
Szerokość liścia flagowego Width of flag leaf	SLF	+	+	+
Długość kwiatostanu Length of inflorescence	DK	+	+	+
Liczba kłosek w kwiatostanie Inflorescence: number of spikelets	LKK	-	-	+

Główna trudność na jaką trafia się przy analizie danych dotyczących współczynników zmienności jest związana z nieznaną ich rozkładu. Wiadomo, że rozkład ten jest bardzo złożony. Czasami, szczególnie gdy badacz dysponuje dużymi próbami, można wykorzystać dość dobrze poznane rozkłady asymptotyczne (Bobrowski, 1986). W tym podejściu możliwe jest testowanie hipotez dotyczących wielkości współczynników zmienności oraz różnic między nimi. Może ono być stosowane, gdy próby na podstawie których obliczono współczynniki zmienności są duże a same współczynniki małe. Szczególnie ten drugi warunek często nie jest spełniony dla analizowanych tu danych doświadczalnych. Inne podejście umożliwiające testowanie hipotez o jednorodności współczynników zmienności zostało zaproponowane przez Benneta (1976), zobacz także Czajka i Kaczmarek (2002). Także w tym podejściu wykorzystuje się asymptotyczny rozkład statystyki testowej.

W tym opracowaniu do porównania współczynników zmienności cech mierzalnych obserwowanych w badaniach OWT zastosowano nieparametryczny test Friedmana (Friedman, 1937, Miller, 1966). Po odrzuceniu hipotezy zerowej porównano także parami zmienność poszczególnych cech oraz lat.

Wartość statystyki S Friedmana dla klasyfikacji dwukierunkowej, bloki razy badany czynnik, obliczano według standardowego wzoru

$$S = \frac{12b}{k(k+1)} \sum_{j=1}^k R_j^2 - 3b(b+1) \quad (1)$$

gdzie b jest liczbą bloków, k jest liczbą poziomów badanego czynnika, a R_j^2 jest sumą rang jakie otrzymał j -ty poziom badanego czynnika, przy czym rangowanie obserwacji

wykonywano niezależnie w każdym bloku. Statystyka ta ma, przy prawdziwości hipotezy o braku różnic między poziomami badanego czynnika i przy $b \rightarrow \infty$ asymptotyczny rozkład χ -kwadrat z $(k-1)$ stopniami swobody. Z rozkładu χ -kwadrat można korzystać już przy liczbie bloków co najmniej 5. Dla mniejszych doświadczeń, można korzystać z tablic opracowanych przez Hollandera i Wolfe (1973).

Po odrzuceniu hipotezy zerowej można porównywać poziomy badanego czynnika parami, obliczając wartość najmniejszej różnicy istotnej:

$$NRI = \sqrt{\frac{bk(k+1)}{12}} q(\alpha, k, \infty) \quad (2)$$

gdzie $q(\alpha, k, \infty)$ jest wartością tablicową studentyzowanego rozstępu odczytaną na poziomie α , dla k średnich i nieskończonej liczby stopni swobody.

Uznajemy, że poziom j -ty oraz l -ty badanego czynnika różni się istotnie na poziomie α , jeśli zachodzi warunek

$$|R_j - R_l| > NRI \quad (3)$$

Zastosowany test jest testem jednoczesnym, zatem zachowany jest ogólny poziom istotności dla wszystkich porównań.

WYNIKI

Przypomnijmy, że wartościami na których wykonywano obliczenia, były współczynniki zmienności. Opisaną powyżej metodę zastosowano w taki sposób, że badanym czynnikiem doświadczalnym były bądź to cechy obserwowane w doświadczeniach OWT, bądź lata badań. W pierwszym przypadku blokami były kombinacje lat z odmianami, a w drugiej sytuacji kombinacje cechy razy odmiany. W celu porównania, czy otrzymane wyniki są takie same dla odmian krajowych i zagranicznych, obliczenia wykonano w trzech wariantach:

- dla wszystkich badanych odmian,
- dla odmian krajowych,
- dla odmian zagranicznych.

I tak w tabeli 2 zestawiono wartości statystyk S Friedmana otrzymane dla różnych badanych gatunków traw oraz rozważanych wariantów. We wszystkich gatunkach zróżnicowanie cech było istotne. Wystąpiły także istotne różnice między porównywanymi latami i wtedy, we wszystkich przypadkach z jednym wyjątkiem, prawdopodobieństwa prawdziwości hipotezy zerowej o braku różnic były mniejsze od 0,001. Wyjątek stanowią dane dla wiechliny łąkowej, przy oddzielnej analizie dla odmian krajowych i zagranicznych, gdyż wtedy nie wystąpiło zróżnicowanie między latami na poziomie istotności $\alpha = 0,01$, a przy odmianach krajowych nawet na poziomie $\alpha = 0,05$.

Najbardziej wyrównane okazały się cechy mierzone na źdźbłach, czyli: długość najdłuższego źdźbła mierzona u odmian wszystkich trzech rozpatrywanych gatunków oraz długość górnego międzywęźla mierzona u odmian kostrzewy czerwonej i wiechliny łąkowej. Najmniej wyrównane były odmiany pod względem cech mierzonych na liście flagowym — długość oraz szerokość liścia flagowego. Ta prawidłowość wystąpiła we

wszystkich trzech gatunkach, a w obrębie gatunków we wszystkich przyjętych wariantach obliczeń. Wydaje się, że w trakcie prac hodowlanych nad odmianą, prowadzonych zarówno w kraju jak i za granicą, selekcja pod kątem długości źdźbła jest łatwiejsza i bardziej dokładna niż pod kątem wielkości liścia. Inną przyczyną jest niewątpliwie fakt, że pomiary na liściu, zwłaszcza pomiar jego szerokości, przy małych wartościach mogą być obciążone większym błędem względnym.

Tabela 2

Wartości statystyki S Friedmana oraz istotności p dla rozpatrywanych gatunków
The values of Friedman S statistics and significance levels p for all species

Gatunek Species	Liczba odmian No. of varieties	Porównanie cech Comparison of traits			Porównanie lat Comparison of years		
		S	st. swob. d. f.	p	S	st. swob. d. f.	p
Kostrzewa czerwona Red fescue							
Odmiany: łącznie – all var.	19	236,92	4	0,000	99,50	3	0,000
Krajowe Domestic	6	75,07	4	0,000	23,49	3	0,000
Zagraniczne Foreign	13	162,97	4	0,000	97,74	3	0,000
Wiechlina łąkowa Kentucky bluegrass							
Odmiany: łącznie – all var.	17	202,67	4	0,000	14,55	3	0,002
Krajowe Domestic	8	91,00	4	0,000	5,67	3	0,130
Zagraniczne Foreign	9	113,18	4	0,000	9,96	3	0,019
Życica trwała Perennial ryegrass							
Odmiany: łącznie – all var.	36	447,73	4	0,000	104,56	3	0,000
Krajowe Domestic	12	149,17	4	0,000	24,50	3	0,000
Zagraniczne Foreign	24	298,96	4	0,000	105,78	3	0,000

Generalnie dla wszystkich rozpatrywanych gatunków, różnice między poziomem wyrównania cech źdźbła a poziomem wyrównania cech liścia były istotne w każdym z trzech wariantów obliczeń; dla wszystkich odmian razem i oddzielnie dla odmian krajowych i zagranicznych. Cecha długość kwiatostanu zajmowała we wszystkich trzech gatunkach pozycję pośrednią. W większości przypadków wykazała istotnie mniejsze zróżnicowanie niż cechy liścia ale istotnie większe niż cechy źdźbła. Cecha dodatkowa dla życicy trwałej — liczba kłosek w kwiatostanie — pod względem wyrównania stanowiła w przypadku odmian krajowych grupę jednorodną z długością kwiatostanu, w przypadku natomiast odmian zagranicznych była to cecha istotnie lepiej wyrównana (tab. 3 i 4).

Układ grup jednorodnych dla wszystkich wariantów był podobny. Można założyć, że niewielkie przesunięcia w grupach wynikały z indywidualnego poziomu wyrównania poszczególnych odmian. Mniej zdecydowany podział cech na grupy jednorodne w przy-

padku krajowych odmian kostrzewy czerwonej był w dużym stopniu spowodowany małą liczebnością odmian w tej grupie.

Tabela 3

Sumy rang oraz istotność różnic między cechami. Kostrzewa czerwona i wiechlina łąkowa
Sums of ranks and significance of differences between characteristics. Red fescue and Kentucky bluegrass

Cecha Trait	Kostrzewa czerwona Red fescue			Wiechlina łąkowa Kentucky bluegrass		
	odmiany krajowe i zagraniczne (19) all varieties	odmiany krajowe (6) domestic varieties	odmiany zagraniczne (13) foreign varieties	odmiany krajowe i zagraniczne (17) all varieties	odmiany krajowe (8) domestic varieties	odmiany zagraniczne (9) foreign varieties
DNZ	104,0 a	30,0 a	74,0 a	114,0 a	55,0 a	59,0 a
DGM	139,0 a	49,0 ab	90,0 a	121,0 a	57,0 a	64,0 a
DK	238,0 b	73,0 bc	165,0 b	200,0 b	99,0 b	101,0 ab
SLF	307,0 c	95,0 cd	212,0 bc	249,0 b	111,0 b	138,0 bc
DLF	352,0 c	113,0 d	239,0 c	336,0 c	158,0 c	178,0 c
NRI						
LSD	63,4	35,6	52,4	60,0	41,1	43,6

Ta sama litera (a lub b, lub c) oznacza brak różnicy istotnej na poziomie $\alpha = 0,01$

The same letter (a or b or c) means the lack of significant difference at $\alpha = 0.01$ level

Tabela 4

Sumy rang oraz istotność różnic między cechami. Życica trwała
Sums of ranks and significance of differences between characteristics. Perennial ryegrass

Cecha Trait	Odmiany krajowe i zagraniczne (36) All varieties	Odmiany krajowe (12) Domestic varieties	Odmiany zagraniczne (24) Foreign varieties
DNZ	170,0 a	59,0 a	111,0 a
LKK	310,0 b	100,0 ab	210,0 b
DK	426,0 c	143,0 b	283,0 c
SLF	599,0 d	197,0 c	402,0 d
DLF	655,0 d	221,0 c	434,0 d
NRI			
LSD	87,3	50,4	71,3

Ta sama litera (a lub b, lub c) oznacza brak różnicy istotnej na poziomie $\alpha = 0,01$

The same letter (a or b or c) means the lack of significant difference at $\alpha = 0.01$ level

Przebieg pogody w latach rozpatrywanego czterolecia miał istotny wpływ na poziom zmienności cech (tab. 5).

Spośród trzech rozpatrywanych gatunków najmniej wrażliwa na zmienne warunki pogody okazała się wiechlina łąkowa, gatunek wolno rozwijający się w roku siewu ale charakteryzujący się dobrą zimotrwałością i odpornością na trudne warunki siedliskowe w odniesieniu do wody. Istotna różnica w poziomie wyrównania odmian tego gatunku została stwierdzona tylko między sezonami wegetacyjnymi 2000 i 2001 oraz 1998 i 2000 dla wariantu obejmującego wszystkie odmiany.

Dla kostrzewy łąkowej najbardziej korzystny okazał się sezon wegetacyjny 1999, zaś najmniej korzystnym był sezon 2000. Rozpatrywane oddzielnie odmiany krajowe i zagra-

niczne stworzyły nieco inne układy. Poziom wyrównania odmian krajowych był podobny w sezonach wegetacyjnych 1998, 1999 i 2001, istotnie gorszy tylko w roku 2000. Natomiast dla odmian zagranicznych podobne wyniki uzyskano w latach 1998, 2000 i 2001, wyraźnie lepszy był tylko rok 1999.

Tabela 5

Sumy rang dla lat oraz istotność różnic między latami
Sums of ranks and significance of differences between years

Rok Year	Odmiany Varieties		
	łącznie all together	krajowe domestic	zagraniczne foreign
kostrzewa czerwona Red fescue			
1999	142,0a	63,0a	79,0a
2001	226,0b	65,0a	161,0b
1998	271,5bc	67,5a	204,0b
2000	310,5c	104,5b	206,0b
	NRI; LSD = 55,4	NRI; LSD = 31,1	NRI; LSD = 45,8
wiechlina łukowa Kentucky bluegrass			
2001	192,0a	88,0a	104,0a
1998	195,0a	97,0a	98,0a
1999	214,0ab	100,0a	114,0a
2000	249,0b	115,0a	134,0a
	NRI; LSD = 52,4	brak różnic istotnych	brak różnic istotnych
życica trwała Perennial ryegrass			
2001	349,0a	144,0ab	205,0a
1999	390,0a	112,0a	278,0b
2000	482,5b	173,0b	309,5b
1998	578,5c	171,0b	407,5c
	NRI; LSD = 76,2	NRI; LSD = 44,0	NRI; LSD = 62,2

Ta sama litera (a lub b, lub c) oznacza brak różnicy istotnej na poziomie $\alpha = 0,01$

The same letter (a or b or c) means the lack of significant difference at $\alpha = 0.01$ level

Dla wyrównania odmian życicy trwałej rozpatrywanych łącznie istotnie korzystniejsze były lata 1999 i 2001, mniej korzystny był rok 2000, a najmniej rok 1998. Zbliżone wyniki uzyskano dla grupy odmian zagranicznych, z tym, że nie stwierdzono wtedy istotnej różnicy między rokiem 1999 i 2000, poziom wyrównania odmian w tych dwóch latach był podobny. Wyniki uzyskane dla grupy odmian krajowych odbiegały nieco od dwu poprzednich wariantów, gdyż różnice w poziomie wyrównania odmian między poszczególnymi latami badań były mniej wyraźne, na co mogła mieć wpływ także mniejsza liczebność odmian w tej grupie.

WNIOSKI

1. Stosowane w badaniach odrębności, wyrównania i trwałości odmian traw cechy mierzalne charakteryzują się zróżnicowaną zmiennością.
2. Zarejestrowane odmiany kostrzewy czerwonej, wiechliny łąkowej i życicy trwałej są zdecydowanie najlepiej wyrównane pod względem długości najdłuższego źdźbła, dwu pierwszych gatunków również pod względem długości górnego międzywęźla a życicy trwałej pod względem liczby kłosek. Odmiany wszystkich trzech gatunków są najgorzej wyrównane po względem długości i szerokości liścia flagowego.
3. Przebieg pogody ma istotny wpływ na poziom wyrównania cech mierzalnych. Dlatego, dla zobiektywizowania ocen, badania odrębności wyrównania i trwałości odmian traw powinny trwać co najmniej trzy sezony wegetacyjne, co pozwala na efektywne zastosowanie zalecanej przez UPOV metody COYU (combined over years uniformity). Integralną częścią tej metody jest bowiem modyfikowanie wariancji poziomem przejawu analizowanych cech w latach badań.

LITERATURA

- Bennet B. M. 1976. On an approximate test for homogeneity of coefficients of variation. In: Contributions to applied statistics (ed. W. I. Ziegler). Birkhäuser Verlag, Basel und Stuttgart: 169 — 171.
- Bobrowski D. 1986. Probabilistyka w zastosowaniach technicznych. Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa.
- Czajka S., Kaczmarek Z. 2003. O testowaniu jednorodności współczynników zmienności. Biul. IHAR 226/227, zesz. 1: 25 — 29.
- Friedman M. 1937. The use of ranks to avoid the assumption of normality implicit in the analysis of variance, J. Amer. Stat. Assoc. 32: 657 — 701.
- Hollander M., Wolfe D. A. 1973. Nonparametric methods in statistics. Willey, New York.
- Miller R. G. 1966. Simultaneous Statistical Inference. McGraw-Hill, New York.
- Mucha I., Pilarczyk W. 2001. Porównanie krajowych i zagranicznych odmian wybranych gatunków traw pod kątem ich wyrównania, Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 474: 169 — 175.
- TG/4/7. 1980. Guidelines for the conduct of test for distinctness, homogeneity and stability — Ryegrass. UPOV Geneva.
- TG/33/6. 1990. Guidelines for the conduct of test for distinctness, homogeneity and stability — Kentucky bluegrass. UPOV Geneva.
- TG/67/4. 1980. Guidelines for the conduct of test for distinctness, homogeneity and stability — Sheep's fescue and Red fescue. UPOV Geneva.

RALF PUDE¹STANISŁAW JEŻOWSKI²¹ Instytut Uprawy Roślin, Uniwersytet w Bonn² Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Ocena wpływu niektórych cech morfo-genetycznych na wzrost i rozwój miskanta (*Miscanthus* ssp.)

Effect of selected morphogenetic traits on the growth and development of *Miscanthus* ssp.

W pracy materiał do badań stanowiły rośliny uzyskane z rizomów korzeniowych pięciu różnego pochodzenia genotypów (klonów) miskanta. Były to cztery triploidalne klony mieszańca *Miscanthus sinensis* × *giganteus* (M19, M04, M01 i M35) oraz jeden klon diploidalny *Miscanthus sinensis* "Goliath". W doświadczeniu polowym oprócz genotypów uwzględniono także czynnik morfologiczny, tj. różne wielkości rizomów, oraz czynnik agrotechniczny związany z różnym terminem sadzenia. Dla oszacowania mrozoodporności analizowanych form miskanta, każde poletko do połowy przykryto słomą. Poletka o powierzchni ośmiu metrów kwadratowych obsadzono rizomami z poszczególnych genotypów w gęstości 3 sztuki na 1 m². Doświadczenie przeprowadzono w 3 powtórzeniach. Na poletkach dokonano oceny wysokości roślin oraz liczby pędów wyjściowych i produkcyjnych na jedną roślinę. Analiza wariancji wykazała, że istnieje istotne zróżnicowanie między badanymi genotypami pod względem wymienionych cech wzrostu i rozwoju roślin miskanta. Na jej podstawie dowiedziono również istotnej współzależności między genotypami a kształtowaniem się wielkości tych cech. Podobnie stwierdzono, że na wielkość badanych cech miała również istotny wpływ interakcja między genotypami a wielkością sadzonych rizomów.

Słowa kluczowe: *Miscanthus* spp., mrozoodporność, wzrost i rozwój, rizomy korzeniowe

The field experiment was performed to evaluate the effect of the size of rhizomes used as the planting material on some selected morphogenetic traits of *Miscanthus* pp. The plant material consisted of four hybrids of *Miscanthus sinensis* × *giganteus* and one clone of *M. sinensis*. The effect of plant genotype on the growth rate and development of plants was evaluated. The studies were supplemented with the observations of frost resistance of different plant genotypes. The significant influence of plant genotype on the growth rate and plant development was shown based on the analysis of variance. A number of both initial and productive sprouts per plant and the average plant height were the most important traits. There was a significant correlation between the genotypes and the size of rhizomes. The interaction genotype × rhizome considerably affected growth and development of the plants. The evaluation of frost resistance showed that propagation of *Miscanthus* spp. with the use of rhizomes could be an appropriate method of planting in the climatic conditions of Poland.

Key words: frost resistance, growth and development, *Miscanthus* spp., rhizome

WSTĘP

Miskant jest gatunkiem trawy olbrzymiej należącym do rodzaju *Miscanthus*. Naturalną ojczyzną występowania tej trawy znanej również pod nazwą trawy, słoniowej lub trawy chińskiej, są głównie tereny Azji (Xi i in., 1996; Jeżowski, 1994). W Europie trawy te, początkowo jako rośliny ozdobne, zostały wprowadzone do uprawy przed około siedemdziesięciu laty. Dopiero w latach osiemdziesiątych ubiegłego stulecia rośliny miskanta zostały również docenione ze względu na swoje walory użytkowe (Deuter i Jeżowski, 1998). Obecnie uznaje się, że jest to jedna z ważniejszych roślin alternatywnych wykorzystywanych jako odnawialny surowiec przemysłowy i energetyczny (Jeżowski, 1994; Pude, 1999). Na zainteresowanie tą rośliną wpływa między innymi to, że charakteryzuje się ona (jako roślina szlaku metabolicznego C4) bardzo dużą wydajnością produkcji biomasy (suchej masy). Jest to roślina wieloletnia, którą można na jednym stanowisku uprawiać od 15–20 lat. Ma małe wymagania co do żyzności gleby, udaje się na glebach lekkich i nie ma dużych wymagań odnośnie nawożenia azotem. Można powiedzieć, że zupełnie dobrze sobie radzi w klimacie europejskim. Jednak mankamentem miskanta jest jego duża wrażliwość na przemarzanie w pierwszym roku po posadzeniu. Bariere w wprowadzaniu upraw miskanta na szeroką skalę jest także to, że są to rośliny charakteryzujące się stopniem sterylności i w zasadzie można je rozmnażać za pomocą kultur tkankowych *in vitro* lub wegetatywnie za pomocą rizomów korzeniowych (Pude, 2000; Münzer 2000). Wykorzystując te dwie metody rozmnażania przy odpowiednio prowadzonej selekcji można w znacznym stopniu obniżyć wrażliwość miskanta na wymarzenie w pierwszym roku po posadzeniu (Pude i Franken, 1999).

W prezentowanej pracy autorzy postawili sobie za cel przeprowadzenie oceny wpływu niektórych cech morfogenetycznych (wielkość rizomów i różne genotypy) miskanta w powiązaniu z agrotechniką jego uprawy (terminy sadzenia, zabezpieczenie przed mrozem) na wzrost i rozwój miskanta (*Miscanthus* spp.) w warunkach polskiego klimatu.

MATERIAŁ I METODY

Warunki glebowo-klimatyczne doświadczenia

Doświadczenie polowe z roślinami miskanta zostało założone we wsi Łęgi koło Połczyna Zdroju (Region Zachodniopomorski). Okolice Łęg są znane z dobrego plonowania zbóż i kukurydzy. Są tu gleby humusowe 3 klasy o poziomie wody gruntowej rozpoczynającym się na głębokości około 2 m. W okresie prowadzenia doświadczenia, tj. od października 1999 roku do października 2000 roku, suma opadów wyniosła 722 mm, natomiast średnia temperatura w tym okresie wyniosła 8,8°C (tab. 1).

Materiał roślinny i główne założenia metodyczne doświadczenia

Materiał roślinny doświadczenia stanowiły rizomy korzeniowe pięciu różnych genotypów (ekotypów różnego pochodzenia). Były to cztery triploidalne genotypy *Miscanthus sinnensis* × *giganteus* oznaczone symbolem-M19, M04, M01 i M35 oraz jeden genotyp diploidalny *Miscanthus sinensis* "Goliath" (MGo). Rizomy wymienionych form

pochodziły z czteroletniej kolekcji Uniwersytetu w Bonn, gdzie zostały dokładnie scharakteryzowane i opisane przez Pude i Frankena (1997).

Tabela 1

Przebieg pogody podczas doświadczenia
Weather conditions during the experiment

Rok Year	Miesiąc Month	Temperatura (°C) Temperature (°C)		Suma opadów (mm) Sum of rainfall (mm)
		min	max	
1999	październik — October	-3,0	17,3	50
	listopad — November	-7,5	14,0	40
	grudzień — December	-8,9	10,5	112
2000	styczeń — January	-17,2	8,5	65
	luty — February	-6,3	15,7	71
	marzec — March	-6,2	16,0	87
	kwiecień — April	-5,9	28,8	20
	maj — May	-1,1	30,7	34
	czerwiec — June	0,3	35,7	73
	lipiec — July	5,6	23,7	69
	sierpień — August	5,4	28,1	52
	wrzesień — September	0,4	22,5	49
	październik — October	3,6	21,6	21
	listopad — November	-1,0	13,4	50
	grudzień — December	-7,6	13,0	43

Natomiast botaniczne sklasyfikowanie tych form dokonane zostało wcześniej przez Deutera i Jeżowskiego (1998). W doświadczeniu oprócz genotypów uwzględniono także czynniki morfologiczne związane z wielkością rizomów korzeniowych używanych do sadzenia. Były to rizomy duże (wielkości pięści — Faustgrosse Rhizome) i małe (wielkości palca — Fingergrosse Rhizome). Sadzenie rizomów odbywało się w dwóch terminach, jesiennym (październik 1999) i wczesnowiosennym (marzec 2000). Dla oszacowania mrozoodporności każde poletko do połowy przykryto słomą. Poletka o powierzchni ośmiu metrów kwadratowych każde obsadzono rizomami w gęstości 3 szt/m². Każde poletko było powtórzone trzy razy. Na poletkach dokonano oceny takich cech wzrostu i rozwoju jak: wysokość roślin, liczba pędów na jedną roślinę zaraz po wyjściu z ziemi, zwanych dalej pędami wyjściowymi (ostro zakończone pędy tuż nad powierzchnią ziemi, niem. Triebspitzen), liczba pędów na jedną roślinę z co najmniej jednym liściem asymilacyjnym, zwanych dalej pędami produktywnymi. Pomiary te wykonano na początku lipca 2000 roku oraz na końcu wegetacji, pod koniec września tego roku. Uzyskane dane zostały opracowane statystycznie w Centrum Obliczeniowym Uniwersytetu w Bonn. Wykonano analizę wariancji, a zróżnicowanie średnich wartości oszacowano za pomocą testu-F i testu Tukeya na poziomie istotności 5%.

WYNIKI

Wybijanie pędów z gleby

Jednym z najważniejszych kryteriów oceny potencjału plonotwórczego roślin uzyskanych z rizomów korzeniowych jest zdolność tych rizomów do wybijania nowych pędów

z ziemi. W tabeli 2 podano wyniki dotyczące liczby (wyrażonej w procentach) rizomów wybijających nowe pędy w zależności od terminów ich sadzenia (wiosna, jesień), ich wielkości (małe, duże), genotypu miskanta, a także w zależności od zabezpieczenia roślin przed mrozami (z przykryciem słomą lub nie).

Tabela 2

Procent rizomów z zainicjowanymi nowymi pędami
Percentage of sprouting rhizomes

Wielkość rizomów Size of rhizomes	Termin sadzenia Time of planting	Pokrycie słomą Straw covering	Genotypy Genotypes				
			M19	M04	M01	M35	MGo
Duży — big	jesień — Autumn	+	98	92	100	98	98
Duży — big	jesień — Autumn	-	100	100	100	100	94
Duży — big	wiosna — Spring	-	100	100	100	98	92
Mały — small	jesień — Autumn	+	40	37	35	35	30
Mały — small	jesień — Autumn	-	40	40	35	40	20
Mały — small	wiosna — Spring	-	85	35	87	88	88

Z tabeli wynika, że duże rizomy wszystkich analizowanych genotypów miskanta można sadzić jesienią i wczesną wiosną bez straty dla nowo wybijających pędów. Natomiast jeśli materiałem rozmnożeniowym były małe rizomy, to lepiej sadzenie wykonać na wiosnę. Zastosowane w doświadczeniu przykrycie słomą nie miało wpływu na liczbę wybijanych nowych pędów i to bez względu na genotyp, wielkość rizomu i termin sadzenia.

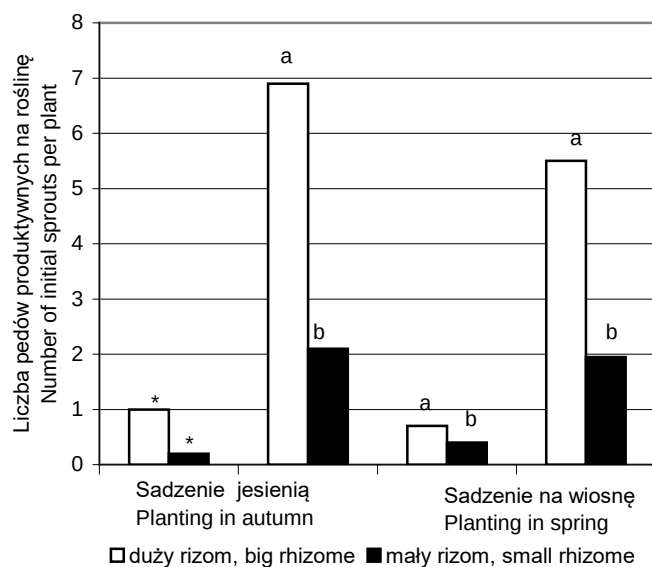
Warunki wzrostu i rozwoju roślin

Użycie słomy do przykrycia przy jesiennym sadzeniu roślin okazało się bez wpływu na warunki wzrostu i rozwoju roślin, dlatego ten czynnik przy dalszej interpretacji wyników pominięto.

Wpływ wielkości rizomów na wzrost i rozwój miskanta

Na podstawie rysunku 1 widać, że liczba pędów wyjściowych na roślinę była większa u roślin uzyskanych z dużych rizomów. W zasadzie termin sadzenia nie miał tu większego wpływu, gdyż zróżnicowanie między roślinami zgrupowanymi w zależności od wielkości sadzonego rizomu pod względem liczby pędów wyjściowych było istotne w obydwu terminach sadzenia. Natomiast obserwacje przeprowadzone pod koniec wegetacji wykazały, że przy sadzeniu jesiennym (poprzedniego roku) wystąpiła również istotna współzależność między genotypami a wielkością rizomów w odniesieniu do liczby nowych pędów (tab. 3).

Podobne relacje wystąpiły przy badaniu wpływu wielkości rizomów na liczbę pędów produktywnych z rośliny, co zostało zaprezentowane na rysunku 2. W tym wypadku również rizomy duże we wszystkich terminach dawały rośliny o zwiększonej liczbie pędów produktywnych. Także przy sadzeniu jesiennym, ale na podstawie obserwacji lipcowych ujawniła się istotna współzależność między genotypami a wielkością rizomów w odniesieniu do liczby pędów produkcyjnych (tab. 3).



Rys. 1. Wpływ wielkości rizomu na liczbę pędów wyjściowych na roślinę
Fig. 1. Influence of the rhizome size on a number of the initial sprouts per plant

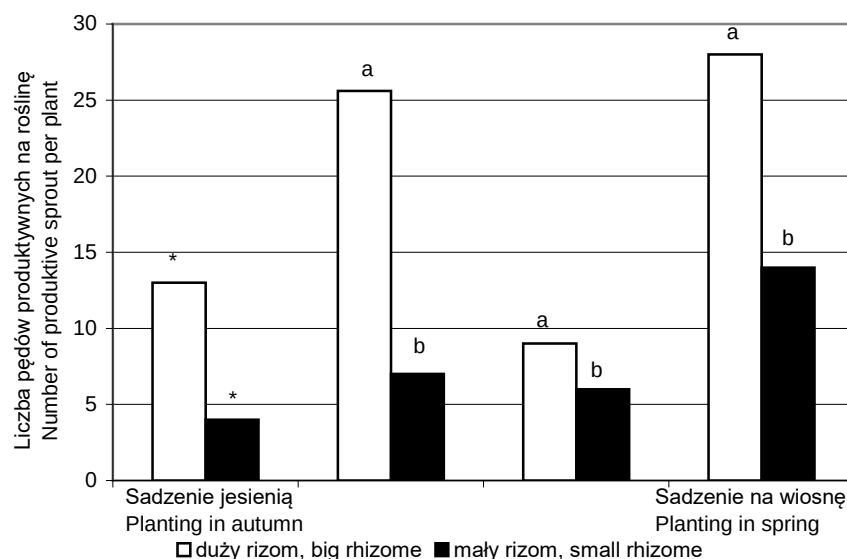
Tabela 3

Wpływ genotypu i wielkości rizomu na wzrost i rozwój roślin miskanta
Influence of genotypes and the size of rhizomes on the growth and development of *Miscanthus* plants

Rizom Rhizom	Genotyp Genotype	Sadzenie jesienne Planting in autumn			Sadzenie wiosenne Planting in spring	
		liczba pędów wyjściowych number of initial sprouts	liczba pędów produkcyjnych number of productive sprouts	wysokość roślin height of plants	liczba pędów wyjściowych number of initial sprouts	wysokość roślin height of plants
Duży — big	M19	10,3 a	12,1 abc	53,3 a	7,3 ab	103,5 bcde
Duży — big	M04	5,0 bcd	7,1 bcd	29,6 c	4,4 bc	97,8 de
Duży — big	M01	6,9 abc	8,6 bcd	36,1 bcd	3,8 bc	109,3 abcd
Duży — big	M35	9,4 ab	12,5 ab	43,0 ab	9,5 a	121,5 abc
Duży — big	MGo	3,0 cd	19,4 a	43,4 ab	2,3 c	101,0 cde
Mały — small	M19	0,9 d	2,1 d	29,9 c	1,8 c	109,3 abcd
Mały — small	M04	1,8 d	2,9 d	25,4 cd	1,0 c	124,5 ab
Mały — small	M01	3,3 cd	2,3 d	30,6 c	3,3 bc	113,0 abcd
Mały — small	M35	3,4 cd	2,3 d	26,1 cd	2,5 bc	130,3 a
Mały — small	MGo	1,1	3,1 d	15,3 d	1,3 c	83,5 e

Wpływ wielkości rizomów na wzrost roślin przedstawiono na rysunku 3. Widać na jego podstawie, że przy jesiennym sadzeniu rośliny z dużych rizomów tak w lipcu jak i we wrześniu były zdecydowanie wyższe aniżeli rośliny uzyskane z małych rizomów. Należy również zwrócić uwagę, że w lipcu wystąpiła także istotna współzależność między genotypami a wielkością rizomów w odniesieniu do wysokości roślin (tab. 3). Natomiast

zróżnicowanie wysokości roślin uzyskanych z sadzenia wiosennego niezależnie od wielkości rizomów użytych do sadzenia było zupełnie niewidoczne.



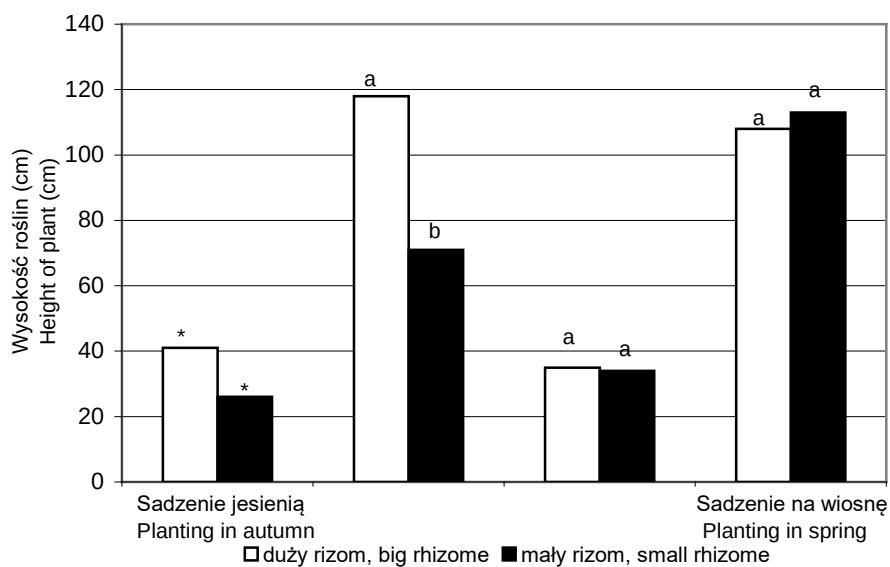
Rys. 2. Wpływ wielkości rizomu na liczbę pędów produktywnych/roślinę
Fig. 2. Influence of the rhizome size on a number of the productive sprouts per plant

Wpływ genotypu na wzrost i rozwój miskanta

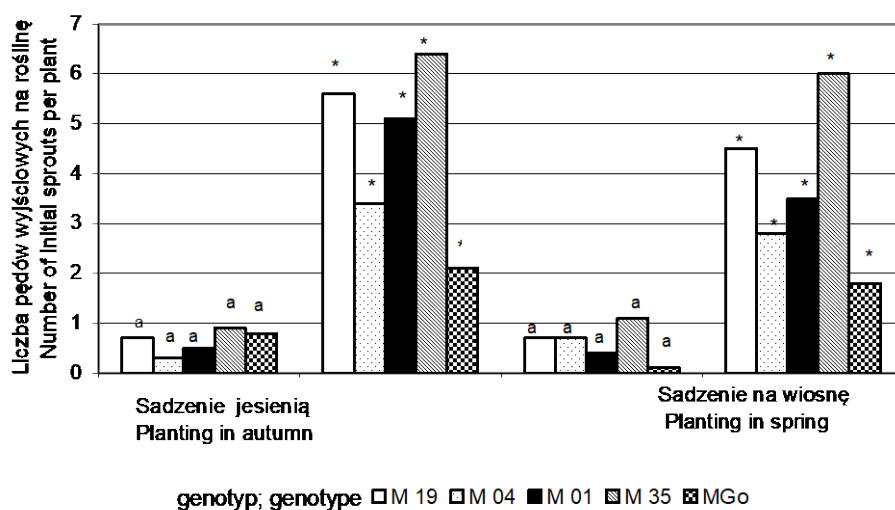
Na rysunku 4 przedstawiono wpływ genotypu na liczbę pędów wyjściowych na roślinę. Okazało się, że zróżnicowanie badanych genotypów pogrupowanych niezależnie od wielkości rizomu, z którego wyrosły rośliny w odniesieniu do liczby pędów wyjściowych w okresie lipca przy obydwóch terminach sadzenia było niewidoczne. Natomiast wpływ genotypu na liczbę pędów wyjściowych we wrześniu przy obydwu terminach sadzenia okazał się istotny.

Wyniki badań zamieszczone na rysunku 5 wykazały istotny wpływ genotypu na liczbę pędów produkcyjnych uzyskanych w lipcu z nasadzeń jesiennych. Natomiast już we wrześniu zróżnicowanie pod względem tej cechy badanych genotypów stało się nieistotne, podobnie jak u roślin uzyskanych z sadzenia wiosennego.

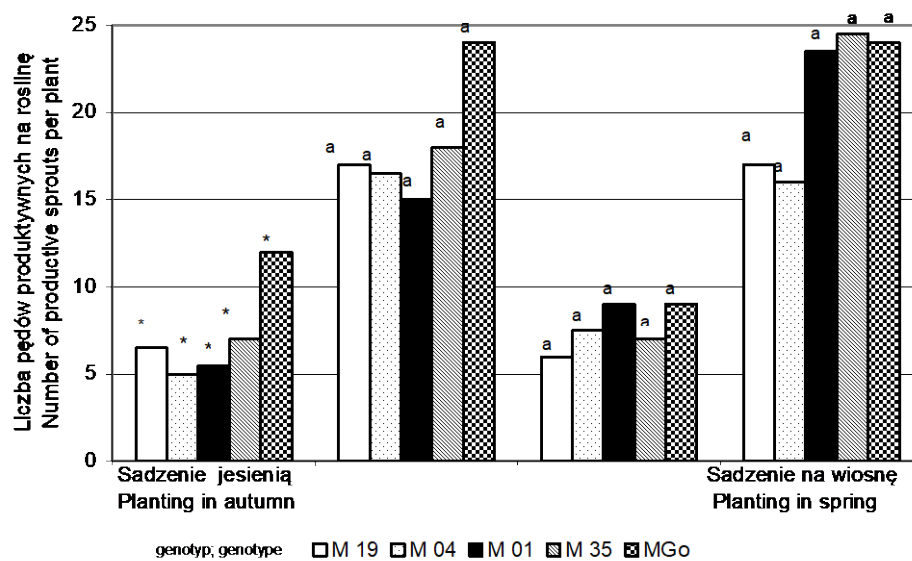
Wpływ genotypu na wzrost roślin miskanta zaprezentowano na rysunku 6. Na jego podstawie widać, że w lipcu, po wiosennym sadzeniu rizomów, badane genotypy nie różniły się wysokością.



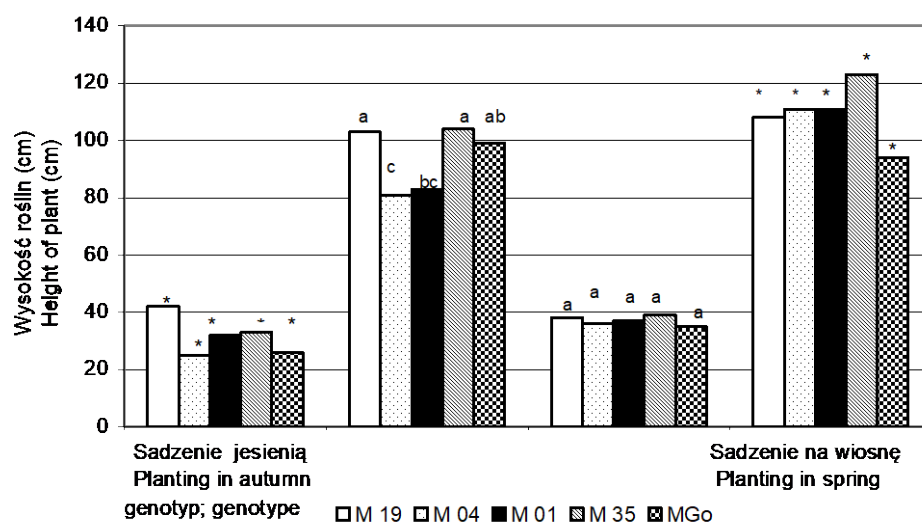
Rys. 3. Wpływ wielkości ryzomu na wysokość roślin
Fig. 3. Influence of the rhizome size on plant height



Rys. 4. Wpływ genotypu na liczbę pędów wyjściowych na roślinę
Fig. 4. Influence of genotype on a number of the initial sprouts per plant



Rys. 5. Wpływ genotypu na liczbę pędów produktywnych na roślinę
Fig. 5. Influence of genotype on a number of the productive sprouts per plant



Rys. 6. Wpływ genotypu na wysokość roślin
Fig. 6. Influence of genotype on plant height

Natomiast we wrześniu z wiosennego sadzenia i w lipcu z sadzenia jesiennego zaobserwowano istotny wpływ genotypu na kształtowanie się wysokości roślin miskanta. Również we wrześniu z jesiennego sadzenia uzyskano częściowe zróżnicowanie genotypów pod względem wysokości roślin. Istotnie najwyższą wysokością roślin odznaczały się tutaj genotypy M19 i M35, natomiast najniższą wysokością charakteryzował się genotyp M04.

Współdziałanie między wielkością rizomów a genotypem

W zasadzie, współdziałanie między wielkością rizomów a genotypem zostało już po części zaznaczone na wyżej omawianych rysunkach (rys. 1–6). Nie mniej jednak dokładne zrozumienie całego mechanizmu wzajemnych relacji i powiązań w układzie genotypy, wielkość rizomów i terminy ich sadzenia a parametry rozwoju i wzrostu analizowanych roślin takie jak: liczba pędów wyjściowych na 1 roślinę, liczba pędów produkcyjnych na 1 roślinę oraz wysokość roślin, może być możliwe po dokładnym prześledzeniu tabeli 3, w której wyniki tych badań zostały przedstawione. Okazało się, że zasadniczo przy jesiennym sadzeniu małych rizomów stwierdzić można tylko nieznaczne zróżnicowanie badanych genotypów pod względem analizowanych parametrów wzrostu i rozwoju roślin. Również rośliny uzyskane z dużych rizomów genotypu M04 i MGo z tego samego terminu sadzenia odznaczały się niskimi wartościami liczby pędów wyjściowych. Jeśli idzie o następną cechę związaną ze wzrostem i rozwojem miskanta, tj. liczbę pędów produkcyjnych, okazało się, że największą wartość tej cechy odnotowano dla roślin genotypu MGo otrzymanych z jesiennego sadzenia dużych rizomów. Natomiast z małych rizomów przy sadzeniu jesiennym wartość tej cechy była dużo niższa i wszystkich genotypy pod tym względem zachowywały się niemalże jednakowo. W odniesieniu do wysokości roślin stwierdzono, że największą wartość tej cechy przy sadzeniu jesiennym z dużych rizomów charakteryzował się genotyp M19 a najmniejszą genotyp M04. Małe rizomy powodowały tutaj generalnie zmniejszenie wysokości roślin wszystkich analizowanych genotypów, przy czym najniższym genotypem okazał się genotyp MGo. Analizując wyniki tych badań dla wiosennego terminu sadzenia stwierdzić można, że liczba pędów wyjściowych była cechą, która w podobny sposób jak przy sadzeniu jesiennym różnicowała badane genotypy. Jednak w odniesieniu do wysokości roślin najwyższe wartości tej cechy odnotować można dla genotypu M04 i MGo, a najniższe wartości dla genotypu M01 i M35 przy sadzeniu z dużych rizomów. Natomiast sadzenie małych rizomów dało najwyższe rośliny u genotypów M04 i M35, a najniższe u genotypu MGo.

DYSKUSJA

Przed wprowadzeniem miskanta do nasadzeń w Polsce należy pamiętać o jego dużej wrażliwości na przemarzanie, głównie w pierwszym roku po posadzeniu. Najbardziej narażone są na wymarzenie w tym czasie plantacje z roślin uzyskanych za pomocą kultur *in vitro* (El Bassam, 1997; Jeżowski, 1999; Pude, 1997). Można jednak temu w bardzo dużym stopniu zaradzić wprowadzając nasadzenia roślin z rizomów korzeniowych specjalnie wyselekcjonowanych pod tym kątem genotypów (klonów) miskanta (Pude,

1997; Münzer, 2000). W prezentowanej pracy autorzy w pierwszym dużym doświadczeniu polowym w Polsce zaprezentowali ideę wykorzystania rizomów korzeniowych do zakładania plantacji miskanta. W pracy skoncentrowano się na badaniach oceny morfo-genetycznej (różne wielkości rizomów i różne genotypy) na wzrost i rozwój miskanta (liczba pędów wyjściowych i produktywnych oraz wysokość roślin). Uwzględniono tutaj również pewne elementy agrotechniki stosując dwa terminy sadzenia roślin (rizomów), tj. jesienny i wczesnowiosenny. Ważnym elementem tych badań była ocena wytrzymałości na przemarzanie analizowanych form miskanta. Okazało się, że zabezpieczenie roślin przykrywając je słomą, mimo że w styczniu 2000 roku, tj. w okresie następującym po ich nasadzeniu, odnotowano minimalne temperatury sięgające nawet do -17°C nie miało istotnego wpływu na przetrwanie tych roślin. Również wielkość rizomów jakie wzięto do nasadzeń niezależnie od badanego genotypu nie miała tu także znaczenia. W pracy odnotowano natomiast duży wpływ wielkości rizomów na kształtowanie się badanych cech wzrostu i rozwoju roślin miskanta, takich jak: liczba pędów wyjściowych i produkcyjnych a także na wysokość roślin. Okazało się tu, że duże rizomy (wielkości pięści) w stosunku do małych rizomów (wielkości palca) wyraźnie zwiększały wartość tych cech. Termin sadzenia natomiast miał w tym względzie wpływ niewielki. Jednak badania wpływu genotypu na te cechy wykazały, że genotypy miskanta takie jak: M19, M04, M01 i M35 niewiele różniły się od siebie pod tym względem. Może brać się to stąd, że genotypy te w sensie genetycznym są jednorodne, gdyż, wywodzą się od triploidalnego mieszańca *Miscanthus* $\times$ *giganteus* (Deuter i Jeżowski, 1998). Formy te były jednak lepsze odnośnie analizowanych cech od formy *Miscanthus* "Goliat", która w sensie genetycznym jest diploidem. Głównym atutem tej formy jest jednak przede wszystkim jej bardzo duża odporność na mróz i z tego względu jest brana pod uwagę (mimo, że gorzej plonuje 16–18 t.s. masy na 1ha) przy doborze roślin na plantacje w Europie (Hotz i Kuhn, 1994). W badaniach naszych zostało to także dowiedzione, przy czym analizowane genotypy należące do mieszańców *Miscanthus* $\times$ *giganteus* również bardzo dobrze przetrwały. Stwarza to dodatkową nadzieję, że założone plantacje z tymi formami znanymi z bardzo wysokiego plonowania nawet w granicach 30-50 ton suchej masy na 1ha (El Bassam, 1997; Jeżowski, 1994, 2001; Pude i Franken, 1999; Pude, 1999 i 2000) będą dobrze znosiły warunki klimatu Polski.

WNIOSKI

1. Stwierdza się wpływ interakcji między wielkością sadzonych rizomów a genotypem (interakcja genotyp $\times$ rizom) na kształtowanie się analizowanych cech wzrostu i rozwoju miskanta.
2. Stwierdza się istotny wpływ genotypu na kształtowanie się badanych cech wzrostu i rozwoju miskanta.
3. Duże rizomy sadzone na jesieni i na wiosnę prowadzą do lepszego wzrostu i rozwoju a tym samym do wyższego plonowania.
4. Małe rizomy sadzone w terminie wiosennym mogą być również zupełnie dobrym materiałem rozmnożeniowym miskanta.

LITERATURA

- El Bassam N. 1993. Möglichkeiten und Grenzen der Bereitstellung von Energie aus Biomasse. Landbauforschung Volkenrode 43: 101 — 111.
- Deuter M., Jeżowski S. 1998. Szanse i problemy hodowli traw z rodzaju *Miscanthus* jako roślin alternatywnych. Nr. 2: 45 — 48.
- Hotz A., Kuhn W. 1994. Erkenntnisse aus sechsjähriger Forschungstätigkeit mit *Miscanthus*. Tagungsband Zeit. 2: 49 — 60.
- Jeżowski S. 1994. *Miscanthus sinensis* "Giganteus" — trawa o przeznaczeniu przemysłowym i energetycznym. Genet. Pol. 35A: 383 — 387.
- Jeżowski S. 1999. Miskant chiński (*Miscanthus sinensis* (Thunb.) Anderson) — źródło odnawialnych i ekologicznych surowców dla Polski. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 468: 159 — 166.
- Jeżowski S. 2001. Rośliny energetyczne — ogólna charakterystyka, uwarunkowanie fizjologiczne i znaczenie w produkcji ekobiopaliwa. Post. Nauk Rol. 2: 19 — 26.
- Münzer W. 2000. Rhizompflanzen eine Alternative? Tagung am 23–24. Februar 2000 in Bonn. Beiträge zu Agrarwissenschaften Bd. 14: 15 — 19.
- Pude R. 1997. Die Winterfestigkeit von *Miscanthus* in der Etablierungsphase.-Diss. Bonn. Beiträge zu Agrarwissenschaften Bd. 19., Verl. M. Wehle, Witterschlick/Bonn.
- Pude R. 1999. Aktuelles, Anbau, Ertrag Verwertung, Märkte und Ansprechpartner bezüglich *Miscanthus*. Internet [www. Miscanthus.de](http://www.Miscanthus.de).
- Pude R. 2000. *Miscanthus*-vom Anbau bis zur Verwertung. Tagung am 23–24. Februar 2000 in Bonn. Kurzfassungen der Vorträge: 111.
- Pude R. 2000. Uprawa i plony *Miscanthusa* w Europie. Polsko-Niemiecka konferencja na temat wykorzystania *Miscanthusa*. 27-29 września 2000 roku w Polczynie Zdroju. Materiały konferencyjne: 91 — 95.
- Pude R., Franken H. 1997. Genotypenselektion von *Miscanthus* x *giganteus* hinsichtlich Auswinterung.-Schlussbericht über das Forschungsvorhaben 94NR105-F, Technische Informationsbibliothek (TIB), Hannover.
- Pude R., Franken H. 1999. *Miscanthus*-Erfolgreiche Verarbeitung-Energie Pflanzen Arbeitspapier.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Jan Kaczmarek	Wspomnienie o Profesorze Władysławie Loncu	5
Wiesław Mądry	Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część I. Podstawy teoretyczne Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses of stability and adaptation of genotypes Part I. Theoretical considerations	7
Wiesław Mądry	Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część II. Przykład dla pszenicy jarej Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses of stability and adaptation of genotypes Part II. An example for spring wheat	15
Stanisław Czajka	O testowaniu jednorodności współczynników zmienności	25
Zygmunt Kaczmarek	On testing the homogeneity of coefficients of variation	
Wiesław Mądry	Zastosowanie sekwencyjnej analizy plonu w badaniach nad	31
Marcin Kozak	uwarunkowaniem zmienności plonu owoców porzeczki czarnej (<i>Ribes</i>	
Stanisław Pluta	<i>nigrum</i> L.) na roślinie przez cechy plonotwórcze	
Edward Żurawicz	The use of sequential yield component analysis (SYCA) in studies on determination of fruit yield variability in blackcurrant (<i>Ribes nigrum</i> L.)	
Jan Bocianowski	Porównanie dwóch metod estymacji efektu addytywnego działania	41
Paweł Krajewski	genów na podstawie linii podwojonych haploidów jęczmienia Comparison of two methods of estimation of additive gene action effect on the basis of doubled haploid lines in barley	
Zygmunt Kaczmarek	Wielowymiarowe podejście do oceny redukcji cech struktury plonu	49
Tomasz Warzecha	nagich i oplewionych linii DH jęczmienia inokulowanych <i>Fusarium</i>	
Tadeusz Adamski	<i>culmorum</i>	
Maria Surma	Multivariate approach to estimation of reduction of yield components in hulless and hulled DH lines of barley inoculated with <i>Fusarium culmorum</i>	
Romuald Kosina	Numeryczna klasyfikacja genetycznych parametrów cech zarodka oraz tetraploidalnych taksonów pszenicy opisanych tymi parametrami Clustering of genetic parameters of embryo characters and taxa of tetraploid wheat	59
Helena Kubicka	Zastosowanie techniki AFLP w połączeniu z BSA do identyfikacji	71
Renata Lewandowska	markerów sprzężonych z cechą karłowatości u żyta The use of the AFLP technique in combination with BSA for identification of markers linked with dwarfness in rye	

Anetta Kuczyńska Jan Bocianowski Piotr Masojć Maria Surma Tadeusz Adamski	Zastosowanie markerów RAPD do określenia podobieństwa genetycznego odmian jęczmienia ozimego (<i>Hordeum vulgare</i> L.) Genetic similarity among cultivars of winter barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD)	81
Petr Martinek Ludmila Ohnoutková Tomáš Vyhnánek Jan Bednář	Characteristics of wheat-barley hybrids (x <i>Tritordeum</i> Ascherson et Graebner) under Central-European climatic conditions Charakterystyka mieszańców pszenicy z jęczmieniem (x <i>Tritordeum</i> Ascherson et Graebner) w warunkach klimatycznych Europy Środkowej	87
Tadeusz Drzazga Paweł Krajewski	Charakterystyka roli środowisk w seriach doświadczeń przedwstępnych z pszenicą ozimą w latach 1999–2001 Characteristic of experimental locations in the series of pre-registration trials with winter wheat in 1999–2001	97
Dariusz Zalewski Rafał Kuriata	Analiza dziedziczenia cech ilościowych pszenicy ozimej Diallel analysis of quantitative traits of winter wheat	103
Ryszard Weber Dariusz Zalewski Ludwik Kotowicz	Stabilność plonowania odmian pszenicy ozimej na Dolnym Śląsku Stability of winter wheat yields in Lower Silesia	115
Stanisław Jedyński	Analiza dialleliczna cech ilościowych mieszańców F ₁ pszenicy jarej Diallel cross analysis of several quantitative characters in spring wheat	127
Magdalena Gut Stanisław Węgrzyn	Genetyczne uwarunkowania mrozoodporności pszenicy i jej współdziałanie z wybranymi cechami użytkowymi Genetic determination of frost resistance and its relationships with other agronomic traits in winter wheat	135
Stanisław Jedyński Jan Kaczmarek Ryszard Weber Dariusz Zalewski	Plonowanie odmian pszenicy jarej w warunkach Dolnego Śląska Yields of spring wheat cultivars in Lower Silesia	141
Hanna Szajsner	Zmienność cech ilościowych u pszenic pod wpływem biostymulacji laserowej Changes of quantitative characters in wheat influenced by laser biostimulation	149
Danuta Drozd Hanna Szajsner	Porównanie reakcji nasion różnych odmian pszenicy i pszenżyta na promieniowanie laserowe Response of seeds of different wheat and triticale cultivars to laser radiation	155
Elżbieta Małuszyńska Zbigniew Laudański	Wpływ wybranych czynników i cech geometrycznych ziarniaków na porastanie pszenżyta ozimego The effect of some factors and kernel geometric features on sprouting of triticale	161
Wanda Kociuba	Ocena średnich i stabilności cech plonotwórczych w kolekcji genotypów pszenżyta ozimego (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) Estimation of average values and stability parameters for yielding features in collection of winter triticale (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) genotypes	167

Danuta Drozd Hanna Szajnsner Krzysztof Bielecki	Wpływ światła lasera na aktywność α -amylazy w ziarniakach różnych genotypów pszenżyta Influence of laser radiation on α -amylase activity in grain of different triticale genotypes	177
Danuta Rzepka-Plevneš Miłosz Smolik Marcelina Krupa	Zmienność elektroforetyczna białek zapasowych różnych odmian pszenżyta (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) Electrophoretic variability of storage proteins in different triticale (X <i>Triticosecale</i> Wittmack) cultivars	181
Helena Grzesik Stanisław Węgrzyn	Odziedziczalność elementów struktury plonu pszenżyta ozimego Heritability of some winter triticale yield components	191
Jerzy Drzewiecki Elżbieta Małuszyńska	Ocena trwałości cech pszenżyta metodą analizy elektroforetycznej białek nasion Evaluation of stability of triticale traits using electrophoretical analysis of seed proteins	197
Maria Moś Tomasz Wójtowicz	Porównanie wskaźników wigoru ziarniaków pszenżyta jarego z uszkodzeniami porostowymi Comparison of vigour indices of spring triticale seeds with sprouting damage	209
Stanisław Węgrzyn Andrzej Bichoński	Ocena przydatności form jęczmienia jarego jako komponentów rodzicielskich w hodowli Estimation of usefulness of spring barley forms as parental components in breeding	217
Helena Grzesik Magdalena Gut Stanisław Węgrzyn Andrzej Cygankiewicz	Genetyczne uwarunkowania niektórych cech pszenżyta ozimego Heritability of some traits of winter triticale	227
Henryk Bujak Jan Kaczmarek Barbara Chrzanowska-Drożdż Marek Liszewski	Interakcja genotypowo-środowiskowa plonowania jęczmienia ozimego na Dolnym Śląsku Genotype-environment interaction for yield of winter barley in Lower Silesia	233
Wojciech Rybiński Tadeusz Adamski Maria Surma	Zmienność dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia jarego pod względem cech struktury plonu The variability of two- and six- rowed DH lines of spring barley for yield structure parameters	243
Stanisław Jeżowski Paweł Krajewski Maria Surma Tadeusz Adamski	Wpływ środowiska na efekty działania genów warunkujących odporność linii DH jęczmienia na wyleganie The influence of environment on effects of genes controlling lodging resistance of barley DH lines	251
Wojciech Rybiński	Analiza cech ilościowych u mutantów jęczmienia jarego uzyskanych przy wykorzystaniu metody <i>H. bulbosum</i> The analysis of quantitative traits for spring barley mutants obtained with use of the <i>Hordeum bulbosum</i> method	259
Elżbieta Adamska Wojciech Rybiński	Ocena reakcji odmian jęczmienia jarego na działanie chemomutagenu i światła lasera na podstawie wybranych cech ilościowych The reaction of spring barley varieties to chemomutagen and laser light for some quantitative	269

Maria Surma Tadeusz Adamski Zygmunt Kaczmarek Stanisław Czajka	Zmienność cech ilościowych w populacjach linii DH i SSD jęczmienia Variability of quantitative traits in barley DH and SSD populations	277
Tomasz Warzecha Tadeusz Adamski Zygmunt Kaczmarek Maria Surma	Ocena efektów działania genów kontrolujących podatność oplewionych i nieoplewionych linii DH jęczmienia na fuzariozę kłosa Gene effects on susceptibility of naked and hulled barley doubled haploids to <i>Fusarium culmorum</i> head blight	285
Miłosz Smolik Danuta Rzepka-Plevneš	Ocena zmienności genetycznej linii wsobnych i mieszańcowości żyta metodą SDS-PAGE Evaluation of genetic variation of inbred lines and a degree of hybridity of rye by SDS-PAGE method	309
Henryk Bujak Lechosław Grochowski Jan Kaczmarek	Analiza genetyczno-hodowlana wybranych cech struktury plonu mieszańców żyta ozimego Genetic-breeding analysis of some yield structure traits of winter rye hybrids	319
Małgorzata Zawada Helena Kubicka Alicja Komar	Wzrost siewek wybranych odmian żyta ozimego (<i>Secale cereale</i> L.) po traktowaniu jonami glinu The growth of seedlings of some varieties of winter rye (<i>Secale cereale</i> L.) after aluminium treatment	325
Dorota Dec Helena Kubicka Marlena Koprowicz	Wpływ zasolenia na kiełkowanie i wzrost siewek linii wsobnych żyta ozimego. Komunikat The influence of salinity on germination and growth of seedlings of winter rye inbred lines. Short communication	333
Renata Galek	Analiza zmienności cech struktury plonu w kolekcji żyta jarego Analysis of variation of yield structure traits in spring rye collection	339
Tadeusz Śmiałowski Stanisław Węgrzyn Zygmunt Nita Krystyna Werwińska	Dziedziczenie cech warunkujących plonowanie owsa jarego (<i>Avena sativa</i> L.) Inheritance of traits determining grain yield in spring oat (<i>Avena sativa</i> L.)	345
Władysław Kadłubiec Rafał Kuriata Jadwiga Horobiowska Cecylia Karwowska Zbigniew Kurczyk	Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy Część I. Wykorzystanie testerów o ziarnie zębokształtnym do oceny linii matecznych Estimation of combining ability of inbred lines of maize Part I. Use of dent lines as testers of maternal lines	353
Władysław Kadłubiec Rafał Kuriata Jadwiga Horobiowska Cecylia Karwowska Zbigniew Kurczyk	Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy Część II. Wykorzystanie testerów o ziarnie szklistym do oceny linii matecznych Estimation of combining ability of inbred lines of maize Part II. Use of flint lines as testers of maternal lines	359
Henryk Cygert Zygmunt Królikowski Jan Kaczmarek Józef Adamczyk	Ocena współdziałania genotypowo-środowiskowego dla plonu ziarna mieszańców kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) The effects of genotype-environment interaction on grain yield of maize (<i>Zea mays</i> L.) hybrids	365
Henryk Cygert Józef Adamczyk Zygmunt Królikowski Jan Kaczmarek	Wartość gospodarcza wybranych mieszańców kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 1999–2000 Agronomic value of selected maize hybrids (<i>Zea mays</i> L.) tested in preliminary trials in 1999–2000	377

Elżbieta Adamska Teresa Cegielska-Taras Laurencja Szała Krystyna Czernik- Kołodziej	Analiza genetyczna zawartości kwasów tłuszczowych w liniach DH rzepaku ozimego The genetic analysis of oilseed rape fatty acids composition on the basis of field experiments with doubled haploid	387
Jan Kaczmarek Andrzej Kotecki Ludwik Kotowicz Ryszard Weber	Interakcja genotypowo-środowiskowa plonowania odmian rzepaku ozimego w doświadczeniach PDO Genotype-environment interaction in yield of winter rape in post registration variety trials	395
Teresa Piętka Krystyna Krótka Jan Krzymański	Ogólna zdolność kombinacyjna i odziedziczalność zawartości glukozynolanów rzepaku ozimego General combining ability and heritability of glucosinolate content of winter oilseed rape (<i>Brassica napus</i> L.) seeds	405
Maria Ogrodowczyk Alina Liersch Iwona Bartkowiak-Broda	Badanie zależności plonu nasion od cech biometrycznych u odmian mieszańcowych i populacyjnych rzepaku ozimego. Komunikat Relationship between yield and biometric characters of hybrid and open pollinated varieties of winter oilseed rape. Short communication	415
Aneta Stawiana-Kosiorek Janusz Gołaszewski Dariusz Załuski	Konkurencyjność roślin w doświadczeniach hodowlanych z grochem siewnym (<i>Pisum sativum</i> L.) Część I. Oddziaływania brzegowe Plant competition in plant breeding trials with pea (<i>Pisum sativum</i> L.) Part I. Border interference	425
Aneta Stawiana-Kosiorek Janusz Gołaszewski Dariusz Załuski	Konkurencyjność roślin w doświadczeniach hodowlanych z grochem siewnym (<i>Pisum sativum</i> L.) Część II. Oddziaływania sąsiedzkie Plant competition in plant breeding trials with pea (<i>Pisum sativum</i> L.) Part II. Neighbour interference	441
Lech Boros	Ocena zdolności kombinacyjnej kilku cech użytkowych grochu siewnego (<i>Pisum sativum</i> L.) Combining ability of some agronomically important traits in pea (<i>Pisum sativum</i> L.)	457
Krystyna Kolasińska Barbara Wiewióra	Związek pomiędzy wartością siewną a składem chemicznym dojrzewających nasion grochu (<i>Pisum sativum</i> L. ssp. <i>sativum</i>). Część I. Zmiany zdolności kiełkowania, zdrowotności i zawartości oligosacharydów w czasie rozwoju i dojrzewania nasion grochu Relationships between seed sowing value and chemical content of maturing pea seeds (<i>Pisum sativum</i> L. ssp. <i>sativum</i>). Part I. Changes of germination ability seed health and content of oligosaccharides during development and maturation of pea seeds	463
Krystyna Kolasińska	Związek pomiędzy wartością siewną a składem chemicznym dojrzewających nasion grochu (<i>Pisum sativum</i> L. ssp. <i>sativum</i>) Część II. Zmiany wigoru, zawartości białka i skrobi w czasie rozwoju i dojrzewania nasion grochu Relationships between seed sowing value and chemical content of maturing pea seeds (<i>Pisum sativum</i> L. ssp. <i>sativum</i>) Part II. Changes of seed vigour and protein and starch content during development and maturation of pea seeds	473

Lech Boros	Ocena współzależności wybranych cech ilościowych determinujących plon nasion u grochu siewnego (<i>Pisum sativum</i> L.), fasoli karłowej (<i>Ph. vulgaris</i> L.) i soi (<i>Glycine max</i> L. Merrill.) Evaluation of interrelations among some quantitative traits related to seed yield in pea (<i>Pisum sativum</i> L.) dry bean (<i>Ph. vulgaris</i> L.) and soybean (<i>Glycine max</i> L. Merrill.)	481
Stanisław Stawiński Wojciech Rybiński Jan Bocianowski	Ocena cech ilościowych trzech gatunków łubinu po działaniu chemomutagenów The estimation of quantitative traits of three lupine species after using chemomutagens	487
Ewa Sawicka-Sienkiewicz Renata Galek	Elementy struktury plonu nasion i niektóre cechy morfologiczne mutantów łubinu andyjskiego (<i>L. mutabilis</i> Sweet) w 2001 roku. Komunikat Elements of seed yield structure and selected morphological characters of mutants of Andean lupin (<i>L. mutabilis</i> Sweet) in the year 2001. Short communication	497
Jerzy Nawracała Tadeusz Łuczkiwicz	Analiza zmienności cech struktury plonu u roślin pokolenia F ₂ krzyżówek diallelicznych soi (<i>Glycine max</i> L. Merrill.) Analysis of variability of yield component traits in F ₂ generation of soybean (<i>Glycine max</i> L. Merrill.) diallel crosses	503
Jadwiga Milewska	Odporność linii wsobnych bobiku na suszę w hodowli odmian syntetycznych Resistance of field bean inbred lines to drought in breeding of synthetic cultivars	511
Zofia Bulińska-Radomska Jerzy Macewicz	Charakterystyka pul genowych i genotypowych populacji naturalnych i odmian hodowlanych koniczyny czerwonej (<i>Trifolium pratense</i> L.) i koniczyny białej (<i>Trifolium repens</i> L.) Characterization of gene and genotype pools of natural populations and cultivars of red (<i>Trifolium pratense</i> L.) and white clovers (<i>Trifolium repens</i> L.)	519
Halina Góral Jadwiga Przydatek Ludwik Spiss	Selekcja koniczyny czerwonej (<i>Trifolium pratense</i> L.) uwzględniająca długość i liczbę główek Selection of red clover (<i>Trifolium pratense</i> L.) with regard to length and number of flower heads	525
Leszek Styszko Tomasz Modzelewski Juliusz Kamasa Adam Majewski	Relacje pomiędzy typem konsumpcyjnym (kulinarnym) a cechami morfologii bulw ziemniaka The relationship between a type of cooking quality (culinary) and morphological features of potato tubers	533
Antoni Bombik Czesław Stankiewicz Józef Starczewski	Interakcja genotypowo-środowiskowa w ocenie wybranych cech jakości ziemniaka Genotype-environment interaction in the evaluation of selected potato quality characteristics	539
Leszek Domański Maria Domańska	Wartość kombinacyjna niektórych odmian ziemniaka dla wybranych cech przydatności konsumpcyjnej Combining ability of several cultivars of potato for chosen characters of consumer quality	547

Spis treści — Content

Alicja Majewska Barbara Dąbrowska Zenon Węglarz	Plonowanie oraz zawartość składników odżywczych i związków biologicznie czynnych w kilku ekotypach chrzanu (<i>Armoracia rusticana</i> Gaertn.) w zależności od miejsca uprawy Yielding and content of nutrients and biologically active compounds in a few ecotypes of horseradish (<i>Armoracia rusticana</i> Gaertn.) depending on place of cultivation	553
Wiesław Pilarczyk Irena Mucha	Porównanie zmienności mierzalnych cech morfologicznych wybranych gatunków traw w badaniach OWT Comparison of variability of measurable (continuous) characteristics of selected grass species in DUS testing	565
Ralf Pude Stanisław Jeżowski	Ocena wpływu niektórych cech morfogenetycznych na wzrost i rozwój miskanta (<i>Miscanthus</i> ssp.) Effect of selected morphogenetic traits on the growth and development of <i>Miscanthus</i> ssp.	573