



Łączy nas hodowla
Fot. Edward Arseniuk

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 260/261/2011



Łączy nas hodowla. Fot. Edward Arseniuk

RADZIKÓW 2011
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY — RADZIKÓW
05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

Dyrektor: Prof. dr hab. Edward Arseniuk

Komitet Redakcyjny:

Editorial Committee:

HENRYK J. CZEMBOR (Przewodniczący — Editor-in Chief),
DANUTA BOROS, WIESŁAW MĄDRY, WOJCIECH NOWACKI,
STANISŁAWA ROZTROPOWICZ-SZKUBEL, BARBARA ZAGDAŃSKA,
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA (Sekretarz Redakcji — Editorial Secretary)

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Redaktor techniczny i skład komputerowy
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o

KONFERENCJA NAUKOWA

NAUKA DLA HODOWLI I NASIENICTWA ROŚLIN UPRAWNYCH

ZAKOPANE, 7. 02 — 11. 02. 2011

POD HONOROWYM PATRONATEM

WICEPREMIERA RZĄDU RP I MINISTRA GOSPODARKI: **WALDEMARA PAWLAKA**

MINISTRA ROLNICTWA I ROZWOJU WSI: **MARKA SAWICKIEGO**

ORGANIZATOR

**INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN — PAŃSTWOWY
INSTYTUT BADAWCZY W RADZIKOWIE**

ZAKŁAD ROŚLIN ZBOŻOWYCH, KRAKÓW

WSPÓŁORGANIZATOR

KOMITET FIZJOLOGII, GENETYKI I HODOWLI ROŚLIN

WYDZIAŁU NAUK BIOLOGICZNYCH I ROLNICZYCH POLSKIEJ AKADEMII NAUK

KOMITET NAUKOWY KONFERENCJI

PROF. DR HAB. EDWARD ARSENIUK — PRZEWODNICZĄCY

PROF. DR HAB. IWONA BARTKOWIAK-BRODA

PROF. DR HAB. EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA

DR HAB. GRZEGORZ ŻUREK

DR MIROSŁAW NOWAKOWSKI

DR JACEK WAGA

KOMITET ORGANIZACYJNY

DR ANNA STRZEMBICKA — zhstrzem@cyf-kr.edu.pl

DR TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI — zhsmialo@cyf-kr.edu.pl

DR PRZEMYSŁAW SZECÓWKA

ZBIGNIEW GRYMEK

OFICJALNY SPONSOR KONFERENCJI

SYNGETA,

CROP PROTECTION SP. Z O.O.

WARSZAWA UL. POWĄZKOWSKA 44C

SPONSORZY KONFERENCJI

DAR NATURY POLSKA S.A.

KRAKÓW UL. VETULANIEGO 1A

TYSKIE BROWARY KSIĄŻECE

TYCHY UL. MIKOŁOWSKA 5

CEREUS WENA, WITKOWSCY

TORUŃ UL. BIAŁA 19

JACEK WAGA¹**JERZY ZIENTARSKI**¹**MACIEJ SZALENIEC**²**ANDRZEJ SKOCZOWSKI**³¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB² Instytut Katalizy i Fizykochemii Powierzchni im. Jerzego Habera PAN³ Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego PAN

Efektywność wykorzystania kolumn chromatograficznych typu „Poroshell” w badaniach białek gliadynowych metodą RP-HPLC*

Efficiency of Poroshell type chromatographic columns for wheat gliadin separation using RP-HPLC

Wysokosprawna chromatografia cieczowa w odwróconej fazie (RP-HPLC) jest efektywną metodą analizy polimorficznych białek roślin uprawnych, w tym również białek zapasowych zbóż. Możliwość jej powszechnego wykorzystania w hodowli roślin ogranicza jednak znaczny koszt aparatury, wyposażenia i odczynników. W ostatnich latach opracowano nowy rodzaj kolumn chromatograficznych o złożach C18 osadzonych na powierzchniowo porowatej krzemionce (tzw. Fused-Core technology). Główną zaletą tych kolumn jest wysoki wzrost zdolności rozdzielczej (zwiększenie ilości tzw. pól teoretycznych), co daje możliwość znacznego skrócenia czasu, a tym samym obniżenia kosztów analizy. Celem badań było oszacowanie dokładności i efektywności rozdzielania polimorficznych białek gliadynowych metodą RP-HPLC przy użyciu kolumn typu Fused-Core w porównaniu do kolumn C18 o klasycznych parametrach ziaren krzemionki. Materiał roślinny stanowiły linie mieszańcowe pszenicy ozimej różniące się pod względem alleli kontrolujących syntezę gliadyn. Analizowano pary blisko spokrewnionych linii mieszańcowych, z których jedna zawierała null allele natomiast druga stanowiła genotyp kontrolny. Porównywano także rozdziały mieszańców z ich komponentami rodzicielskimi. Punktem odniesienia dla oceny obrazów chromatograficznych kolumny typu Fused-Core — 300SB-C18 Poroshell były rozdziały uzyskane na tradycyjnej kolumnie SB300 Zorbax C18. Wyniki badań potwierdziły, iż analiza chromatograficzna gliadyn na kolumnie Poroshell jest metodą szybką i ekonomiczną. Wysokiej jakości obrazy rozdzielonych białek uzyskiwano już w czasie 8 minut. Jednakże krótki czas rozdziału obniżył ich rozdzielczość, jedną z najważniejszych zalet chromatografii RP-HPLC. Wyniki badań sugerują, iż kolumny typu Fused-Core mogą być przede wszystkim efektywnym narzędziem selekcji masowej natomiast tradycyjne kolumny, pozwalające

* Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2010–2013 jako projekt badawczy Nr N N310 162238

identyfikować subtelne szczegóły obrazu chromatograficznego, mogą okazać się bardziej przydatne w badaniach genetycznych np. w analizie rozszczepienia genów kontrolujących syntezę białek prolaminowych.

Słowa kluczowe: białka gliadynowe pszenicy, RP-HPLC, Poroshell, Zorbax C18

RP-HPLC is an efficient tool for wheat storage proteins separation. Its extensive utilization in plant breeding is limited, however, by heavy expenses of apparatus, equipment and reagents. Recently a new type of chromatographic columns was introduced where stationary phase is based on the superficially porous silica (so called Fused-Core Particles). The main advantage of the Fused-Core stationary phase is a high increase of separation power (theoretical plates) which enables shortening of the separation time (up to few minutes) and consequently the reduction of the analysis costs. The aim of this study was a comparative evaluation of the accuracy and efficacy of the Fused-Core C18 column with a classic C18 column in the separation of wheat gliadins — one of the most complex and polymorphic plant proteins. Closely related winter wheat hybrid lines, differentiated in respect of gliadin controlling alleles, were analysed. Genotypes containing gliadin null alleles and corresponding control lines as well as parental forms and their progenies were compared using Fused-Core Poroshell 300SB-C18 and traditional Zorbax 300SB-C18 columns. The obtained results proved that RP-HPLC separation on the Poroshell column are indeed very fast and economical as the high quality chromatograms were obtained after 8 minutes of separation. However, their resolution was considerably lower as compared to the traditional column. In conclusion, the rapid RP-HPLC appears to be very well suited for mass selection of breeding materials, where large number of genotypes must be evaluated in a very short time period. However in a genetic research, where identification of discrete details of the chromatograms could be important for genotype classification, traditional columns seem to be more useful.

Key words: wheat gliadin proteins, RP-HPLC, Poroshell, Zorbax C18

WSTĘP

Wysokosprawna chromatografia cieczowa w odwróconej fazie (RP-HPLC, ang. Reversed-Phase High-Performance Liquid Chromatography) jest jedną z najbardziej efektywnych metod rozdzielania aminokwasów, peptydów i białek. Wysoka czułość oznaczenia, powtarzalność wyników oraz pełna automatyzacja rozdzielania pod kontrolą komputera to najczęściej wymieniane zalety RP-HPLC (Lookhart i in., 2003). W ostatnich latach podkreśla się także możliwość łączenia aparatury RP-HPLC ze spektrometrem mas, co pozwala realizować badania proteomiczne rozdzielanych frakcji białkowych (Daully i in., 2006).

W pracach nad zróżnicowaniem białek zapasowych zbóż RP-HPLC jest metodą alternatywną do elektroforezy A-PAGE (ang. acid polyacrylamide gel electrophoresis) i SDS-PAGE, technik rozdzielania powszechnie stosowanych w genetyce i hodowli roślin. Chromatografia jest bardziej czuła od elektroforezy, przykładowo, metodą RP-HPLC można rozdzielić kompleks monomerycznych gliadyn pszenicy na około 90 frakcji, a więc niemal trzykrotnie więcej niż metodą A-PAGE. Pozwala to zwiększyć dokładność identyfikacji odmian i rodów oraz precyzję oceny stopnia ich pokrewieństwa na podstawie dystansów genetycznych. Ponadto chromatografia umożliwia ilościowe porównanie zawartości białka w rozdzielanych frakcjach co może mieć istotne znaczenie np. w badaniach zależności między polimorfizmem gliadyn, a cechami technologicznymi odmian i rodów pszenicy.

RP-HPLC jest też uważana za metodą komplementarną w stosunku do A-PAGE, gdyż rozdział cząsteczek w trakcie analizy odbywa się według różnych kryteriów fizykochemicznych. W trakcie elektroforezy białka są rozdzielane zależnie od ich prędkości migracji w żelu, która to cecha jest wypadkową masy cząsteczkowej i ładunku elektrycznego. W metodzie RP-HPLC głównym kryterium rozdziału białek są właściwości hydrofobowe. Oddziaływania hydrofobowe stabilizują strukturę 2.- i 3.-rzędową gliadyn, zwiększają ich podatność do agregacji oraz kształtują właściwości wiskoelastyczne (Lookhart i in., 2003). Gliadyny są silnie zróżnicowane pod względem właściwości hydrofobowych (Popineau i in., 1994). Wolno migrujące w żelu elektroforetycznym frakcje z grupy ω , zawierające znaczne ilości ujemnie naładowanych reszt glutaminy, są słabo hydrofobowe, natomiast frakcje γ o podwyższonej zawartości aminokwasów hydrofobowych: alaniny, waliny, a w szczególności metioniny są silnie hydrofobowe (Wieser, 1991). Konsekwencją jest zróżnicowanie siły wiązania poszczególnych frakcji w grupach α , β , γ , ω -5 i ω -1.2 gliadyn z powierzchnią fazy stacjonarnej kolumny chromatograficznej. W trakcie analizy roztwór eluentu wypłukuje białka selektywnie, w zależności od siły ich związania z kolumną. Słabo hydrofobowe ω -gliadyny wymywane są najwcześniej (ich czas retencji [RT] jest niski) natomiast silnie hydrofobowe γ -gliadyny — najpóźniej (wysoki czas retencji) (Becker i in., 2006). Możliwość powszechnego wykorzystania RP-HPLC w analizie białek zapasowych zbóż ogranicza znaczny koszt jednostkowy oznaczenia, na który składają się koszty aparatury, wyposażenia i odczynników. W ostatnich latach opracowano nowy rodzaj wypełniacza kolumn chromatograficznych w technologii Fused-Core (Kirkland i in., 2000). Istotą technologii Fused-Core jest osadzenie cienkiej porowatej warstwy krzemionki (promień 0,25 μm), w której zachodzi właściwy rozdział, na nieporowatym, sztywnym rdzeniu (średnica 4,5 μm). Dzięki temu zwiększa się pojemność sorpcyjna złoża, a także szybkość dyfuzji biomolekuł do wnętrza (w czasie osadzania białek) i na zewnątrz porów (w czasie wymywania białek) przy jednoczesnym zachowaniu niskich ciśnień przepływu charakterystycznych dla kolumn o klasycznych wypełnieniach (5 μm) (Cabrera, 2004). Przykładem kolumny wykonanej w technologii Fused-Core i przeznaczonej do rozdziału białek jest kolumna o nazwie handlowej „Poroshell SB300” firmy Agilent. Główną zaletą kolumn Poroshell jest możliwość skrócenia czasu analizy, a tym samym obniżenia kosztów i bardziej ekonomicznego wykorzystania aparatury. Większa moc rozdzielcza uzyskana dzięki innowacyjnej budowie złoża nie wymaga również stosowania ultra wysokich ciśnień jak to ma miejsce w przypadku kolumn o złożach sub-mikronowych, co pozwala na stosowanie tradycyjnych chromatografów HPLC. Wyniki badań dowodzą, iż kolumny Poroshell są znakomitą narzędziem analitycznym do rozdziału oraz identyfikacji białek gluteninowych o wysokiej masie cząsteczkowej (HMW GS, ang. high molecular weight glutenin subunits) (Naeem i Sapirstein, 2007). Analiza gliadyn przy użyciu kolumn Poroshell nie była dotychczas przedmiotem szczegółowych opracowań. Gliadyny, w porównaniu z HMW GS, są silniej polimorficzne stąd też uzyskanie dokładnego obrazu ich zróżnicowania stanowi większy problem z punktu widzenia metodyki rozdziału. Badania opisane w niniejszej pracy miały na celu oszacowanie dokładności i efektywności rozdziału

gliadyn przy użyciu metody RP-HPLC z wykorzystaniem kolumny Poroshell w porównaniu z tradycyjnie stosowaną w analizie chromatograficznej tej grupy białek kolumną typu Zorbax C18.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

Materiał roślinny obejmował trzy grupy zróżnicowanych form pszenicy ozimej, były to:

- odmiany uprawne i linie mieszańcowe: Ostka strzelecka, Sukces, Korweta, linia 60A, Jawa, linia Nepal 1. Dwie ostatnie formy zostały użyte do optymalizacji warunków ekstrakcji białek natomiast pozostałe do analizy obrazów RP-HPLC, porównania liczby uzyskanych pików oraz jakości ich wizualizacji;
- pary blisko spokrewnionych linii mieszańcowych: D1N1 vs. D1K1 oraz B1N vs. B1K. Jedna z dwóch linii w obrębie każdej pary zawierała null allele (gen nieaktywny) w *locus Gli D1* (linie D1N1) lub *Gli B1* (linia B1N), natomiast druga stanowiła genotyp kontrolny, w którym wszystkie geny warunkujące syntezę gliadyn były aktywne (linie D1K1, B1K);
- blisko spokrewnione linie mieszańcowe (L20 oraz L30) oraz ich komponenty rodzicielskie (sptv3b i l16b). Linia l16b jest jednym z biotypów rodu CHD 225. Została wytworzona w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR-PIB (ZRZb IHAR-PIB) drogą selekcji pod względem białek gliadynowych z wykorzystaniem elektroforezy A-PAGE. Linia sptv3b została również wytworzona w ZRZb IHAR-PIB i jest mieszańcem uzyskanym z kombinacji Oberkummler Rotkorn (orkisz) x LAD 480 stanowiącym linię czystą pod względem *loci Gli 1* oraz *Gli 2*.

Ekstrakcja gliadyn i analiza chromatograficzna

Celem ustalenia najbardziej optymalnych warunków przygotowania gliadyn do analizy RP-HPLC testowano dwie metody ekstrakcji białek: jednostopniową przy użyciu 50% propanolu lub 70% etanolu oraz dwustopniową, w której białka początkowo ekstrahowano 70% etanolem, a następnie rozpuszczano w mieszaninie acetonitrylu (ACN) i kwasu trójtłorooctowego (TFA). Z uwagi na stwierdzoną (na etapie optymalizacji) wysoką skuteczność metody dwustopniowej w dalszych etapach badań wykorzystywano ją do analizy zróżnicowania gliadyn u wybranych genotypów pszenicy. Białka ekstrahowano z mąki 70% etanolem w stosunku 1:10 (v/w) przez 12 godzin w temperaturze pokojowej mieszając próbówki na rotatorze firmy Grant-Bio, a następnie wirowano przez dwie minuty z prędkością 14000×g. Supernatanty przenoszono do nowych probówek i zagęszczano przez około 60 min. w zagęszczarce firmy Labconco celem odparowania alkoholu. Do zagęszczonych ekstraktów dodawano mieszaninę ACN/TFA w takiej ilości, aby końcowe stężenie roztworów w ekstrakcie do analizy wynosiło: 20% ACN i 0,1% TFA. Przygotowane ekstrakty przechowywano w lodówce, a następnego dnia wirowano przez 2 min. z prędkością 14000×g i wprowadzano do automatycznego podajnika próbek aparatury chromatograficznej. Z uwagi na niejednakową pojemność stosowanych kolumn chromatograficznych na kolumnę Poroshell nastrzykiwano 2 µl próbki, a na kolumnę

Zorbax 10 µl. Próbkę do analizy były termostatowane w 8°C w celu spowolnienia degradacji białek.

Analizę RP-HPLC prowadzono na chromatografie Agilent 1100 wyposażonym w termostatowany autosampler, piec do kolumn HPLC oraz detektor DAD. Wykorzystywano dwie kolumny firmy Agilent dedykowane do separacji białek: Zorbax 300SB-C18 (4,5 × 150 mm, 5µm) i Poroshell 300SB-C18 (2,1 × 75 mm, 5µm). Rozdziały prowadzono w temperaturze 70°C przy prędkości przepływu eluentu 1mL/min. Jako fazę mobilną stosowano mieszaninę acetonitrylu i wody z domieszką 0,1% kwasu trójfluorooctowego. Rozdziały wykonywano w gradiencie 25%–50% ACN/0,1%TFA w czasie 8 i 60 min. odpowiednio dla kolumny Poroshell i Zorbax.

Frakcje białkowe opuszczające kolumnę chromatograficzną były rejestrowane przez detektor UV (DAD) w paśmie ultrafioletu przy długościach fali 210, 254 i 280 nm. Uzyskane obrazy chromatograficzne porównywano pod względem czasów retencji (RT) pików chromatogramu (rozdzielonych frakcji białkowych) oraz wysokości pików wyrażonych jako jednostki absorbancji (mAU).

Elektroforeza A-PAGE

Białka gliadynowe ekstrahowane 70% etanolem z pojedynczych ziarniaków wybranych form pszenicy ozimej rozdzielano metodą elektroforezy na żelu poliakryloamidowym w środowisku kwasnym pH = 3,1 (A-PAGE). W badaniach wykorzystano standardową metodę rozdziału Bushuka i Zillmana dostosowaną do warunków laboratoryjnych ZRZb IHAR-PIB wg modyfikacji opisanej we wcześniejszych pracach (Bushuk i Zillman, 1978; Waga, 2010; Waga i in., 2006).

OMÓWIENIE WYNIKÓW

Optymalizacja rozdziałów RP-HPLC

Rozdział białek gliadynowych na kolumnie typu Poroshell nie był dotychczas przedmiotem szczegółowych opracowań. Z tego względu wykonano podstawowe oznaczenia mające na celu zdefiniowanie optymalnych warunków analizy. Użyto ekstraktów gliadyn odmiany Jawa oraz linii Nepal 1. W pierwszej kolejności określono powtarzalność rozdziałów chromatograficznych wykonując po trzy nastrzyki z trzech niezależnych naważek mąki każdego genotypu. Obrazy chromatograficzne uzyskane w kolejnych powtórzeniach dla jednej odmiany były niemal identyczne co pozwala twierdzić, iż wyniki analizy przy użyciu kolumny Poroshell są wysoce powtarzalne.

Istotnym czynnikiem mającym wpływ na jakość rozdziału RP-HPLC jest rodzaj użytego roztworu ekstrakcyjnego. W badaniach gliadyny ekstrahowano alkoholem etylowym, propanolem oraz mieszaniną roztworów etanolu, TFA i ACN. Rozdziały uzyskane z ekstraktów alkoholowych (etanolu i propanolu) były zdecydowanie różne, a obserwowane różnice miały głównie charakter ilościowy. Porównanie obrazów dowodzi, że ekstrakcja etanolem zwiększa ilość białka przede wszystkim w strefie frakcji o niskiej i średniej hydrofobowości (a więc gliadyn z grupy ω i α). Efekt ten stwierdzono dla obu badanych genotypów pszenicy. Obrazy białek nie wykazywały natomiast znaczących różnic jakościowych. Oba roztwory ekstrakcyjne pozwoliły wyodrębnić jednakową liczbę

frakcji (pików), które miały identyczny kształt i czas retencji. Dodatek mieszaniny TFA/ACN do ekstraktów etanolowych spowodował dalsze zwiększenie wysokości pików (a więc ilości białka w poszczególnych frakcjach) w stosunku do ekstraktów uzyskanych na bazie czystego etanolu i propanolu. Porównanie rozdzielców uzyskanych dla ekstraktów TFA/ACN/etanol z ekstraktami etanolu i propanolu wykazało największe różnice w strefie ω -gliadyn zaś najmniejsze w strefie silnie hydrofobowych frakcji γ gliadyn.

Przechowywanie ekstraktów przez trzy dni w temperaturze 4°C miało także znaczący wpływ na jakość rozdzielu chromatograficznego gliadyn. Zarówno w przypadku odmiany Jawa jak i linii z Nepalu obserwowano znaczący spadek wysokości wszystkich pików, jak też niewielkie zmiany jakościowe. Wśród białek odmiany Jawa stwierdzono powstanie dodatkowego pików o czasie retencji 4,6 min oraz zanik frakcji o czasie retencji 5,9 min. Jeszcze większe zmiany spowodowało przechowywanie ekstraktów linii Nepal 1. Znaczne różnice pojawiły się w strefie frakcji o niskiej hydrofobowości, w przedziale RT = 2,1–2,4 min oraz w przedziale RT = 3,0–3,1 min, natomiast w miejsce dwóch białek o RT = 5,2 i 5,3 min pojawiła się frakcja o RT = 5,3 min.

Porównanie obrazów chromatograficznych wybranych form pszenicy

Obrazy RP-HPLC białek gliadynowych czterech genotypów pszenicy ozimej uzyskane na porównywanych kolumnach chromatograficznych różniły się głównie pod względem liczby pików, która była przeszło dwukrotnie większa w przypadku rozdzielców uzyskanych na kolumnie Zorbax C18 (około 90 pików) niż Poroshell (około 40 pików) (tab. 1). Jednak szczegółowa analiza w trzech przedziałach wysokości pików (niskich, średnich i wysokich) wskazuje, iż stwierdzone różnice ilościowe dotyczą przede wszystkim pików najniższych, których było 3–4 razy więcej dla kolumny Zorbax C18. Liczebność w średnich przedziałach wysokości była tylko nieznacznie większa dla kolumny Zorbax C18, natomiast liczebność pików wysokich (czyli frakcji o największej zawartości białka) była zbliżona dla obu typów kolumn. Uzyskane wyniki pozwalają twierdzić, iż zdolność rozdzielcza kolumny Poroshell w grupie pików wysokich jest porównywalna z tradycyjną kolumną Zorbax C18.

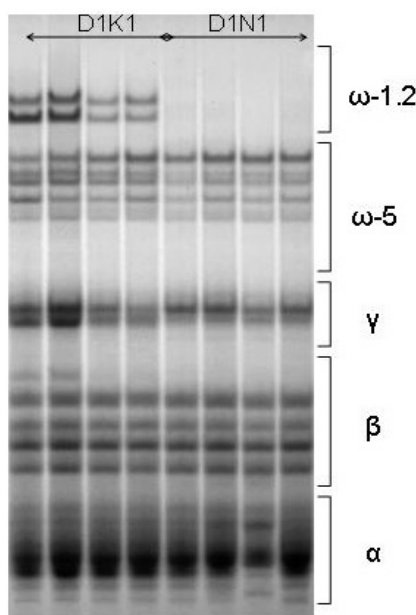
Tabela 1

Liczebność pików białek gliadynowych czterech form pszenicy ozimej rozdzielonych metodą RP-HPLC na kolumnach Zorbax C18 i Poroshell, w trzech zakresach wysokości (niski, średni i wysoki)
Number of RP-HPLC peaks isolated from gliadin extracts from flour of chosen winter wheat genotypes, estimated in three intervals of peak height

Genotypy Genotypes	Poroshell				Zorbax C18			
	< 30 mAU	30-100 mAU	> 100 mAU	łącznie total	< 100 mAU	100-300 mAU	> 300 mAU	łącznie total
Ostka Strzelecka	20	14	8	42	66	16	6	88
Sukces	15	17	7	39	60	20	6	86
Korweta	16	19	9	44	58	22	4	84
60A	14	13	11	38	59	16	9	84

Porównanie efektów fenotypowych null alleli i genów kodujących białka gliadynowe

Obrazy elektroforetyczne A-PAGE linii mieszańcowej zawierającej null allel na chromosomie 1D (D1N1) porównywano z linią kontrolną (D1K1) zawierającą pełny zestaw białek gliadynowych specyficznych dla tego genotypu (rys. 1). Linia typu „null” w porównaniu do linii kontrolnej wykazywała charakterystyczny brak grupy prążków w strefie najwolniej migrujących frakcji ω -1,2.

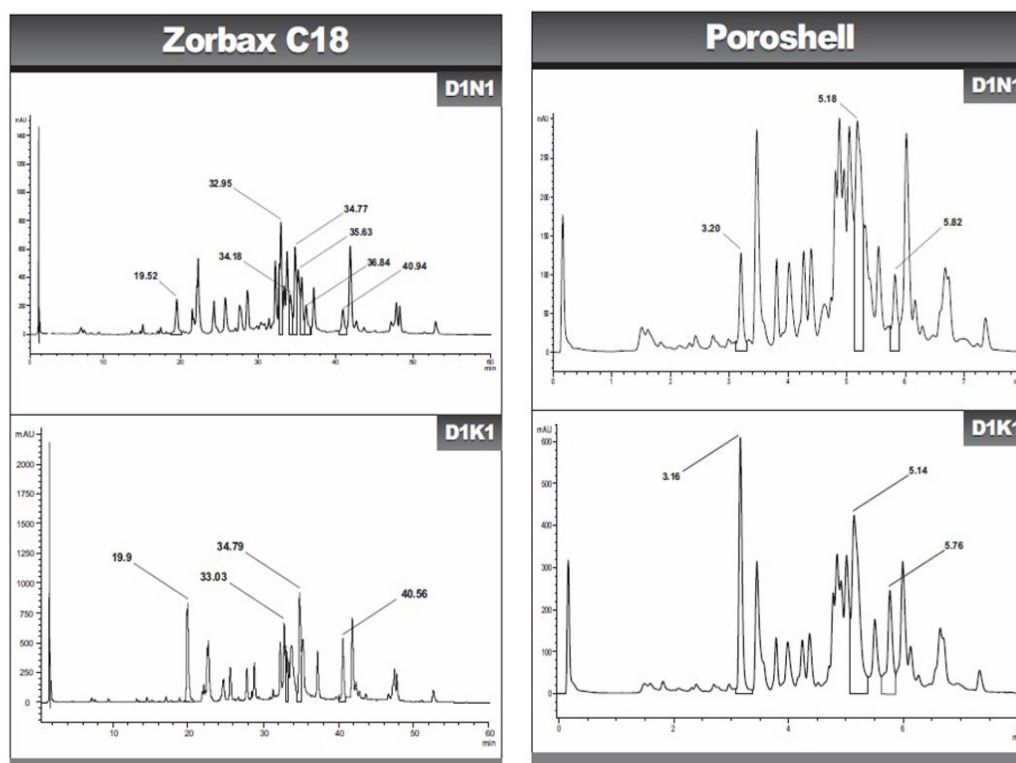


Rys. 1. Obrazy elektroforetyczne A-PAGE białek gliadynowych linii mieszańcowej D1N1 zawierającej null allel na chromosomie 1D z linią kontrolną

Fig. 1. A-PAGE electrophoregrams of gliadin proteins from two hybrid genotypes: D1N1 containing a null allele on the chromosome 1D and the D1K1 control line

Obrazy RP-HPLC linii „null” oraz linii kontrolnej zarówno na kolumnie Zorbax C18, jak i Poroshell wykazywały znaczące różnice jak chodzi o kształt oraz wysokość pików w różnych przedziałach czasów retencji (rys. 2). Obraz linii D1N1 w porównaniu z linią D1K1 uzyskany na kolumnie Zorbax C18 wykazuje znaczne obniżenie (o ponad 70%) wysokości pików o czasie retencji $RT = 19,5$ min. Jego lokalizacja w strefie białek o niskiej hydrofobowości pozwala z dużym prawdopodobieństwem przypuszczać, iż jest to frakcja ω -gliadyn kontrolowana chromosomem 1D. Stwierdzono też znaczącą redukcję wysokości dla pików o $RT = 34,7$ min (ponad 30%) oraz $RT = 40,5$ min (ponad 60%). Jednocześnie na obrazie linii D1N1 obserwowano zwiększenie wysokości pików $RT = 32,9$ min (około 40%) oraz powstanie nowych pików: $RT = 34,1$, $35,6$ i $36,8$, nie obserwowanych w linii D1K1.

Wykorzystanie kolumny Poroshell do rozdzielenia gliadyn linii typu „D1 null” oraz linii kontrolnej pozwoliło w sposób jednoznaczny zidentyfikować charakterystyczny pik ω-gliadyn kontrolowany chromosomem 1D. Jego czas retencji wynosił 3,1 min. Podobnie jak w przypadku kolumny Zorbax C18 stwierdzono silną (o około 80%) redukcję wysokości tego piku w linii D1N1. Znaczną redukcję wysokości (o około 60%) obserwowano też dla pików RT = 5,1 min oraz RT = 5,7 min linii D1K1. Stosując kolumnę Poroshell nie obserwowano natomiast ani zwiększenia wysokości ani też powstania nowych pików w liniach typu „null”.



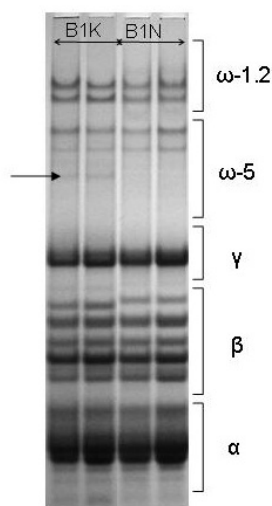
Rys. 2 a. Porównanie obrazów RP-HPLC białek gliadynowych linii mieszańcowej D1N1 (zawierającej null allele na chromosomie 1D) z linią kontrolną D1K1 uzyskanych przy użyciu kolumny Zorbax C18

Fig. 2 a. RP-HPLC of gliadin proteins from two hybrid genotypes: D1N1 containing a null allele on the chromosome 1D and the D1K1 control line obtained using Zorbax C18 chromatographic column

Rys. 2 b. Porównanie obrazów RP-HPLC białek gliadynowych linii mieszańcowej D1N1 (zawierającej null allele na chromosomie 1D) z linią kontrolną D1K1 uzyskanych przy użyciu kolumny Poroshell

Fig. 2 b. RP-HPLC of gliadin proteins from two hybrid genotypes: D1N1 containing a null allele on the chromosome 1D and the D1K1 control line obtained using Poroshell chromatographic column

Na obrazie A-PAGE linii B1N, w której częściowo zablokowane zostały geny w *locus Gli B1*, obserwowano niewielką lecz łatwą do jednoznacznej identyfikacji zmianę fenotypową polegającą na osłabieniu intensywności prążka w strefie ω -5 (rys. 3). Jednak analiza RP-HPLC linii B1N nie wykazała żadnych zmian ani pod względem kombinacji ani też czasów retencji pików w porównaniu z linią kontrolną B1K.



Rys. 3. Obrazy elektroforetyczne A-PAGE białek gliadynowych linii mieszańcowej B1N zawierającej null allele na chromosomie 1B z linią kontrolną

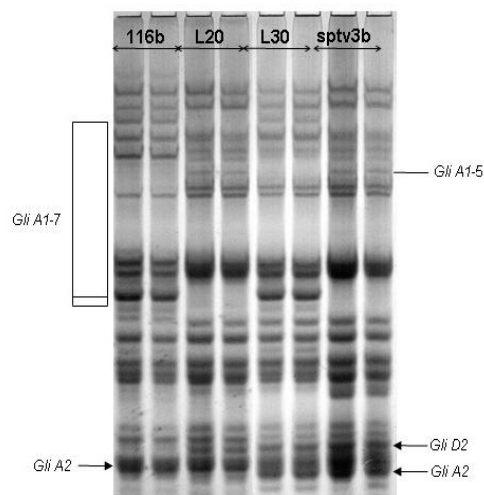
Fig. 3. A-PAGE electrophoregrams of gliadins from two hybrid genotypes: B1N containing a null allele on the chromosome 1B and the B1K control line

Porównanie linii mieszańcowych i form rodzicielskich

Analiza składu białek zapasowych w formach rodzicielskich oraz ich liniach mieszańcowych jest jednym z ważniejszych zastosowań metod elektroforetycznych i chromatograficznych w genetyce i hodowli zbóż. Dwa blisko spokrewnione mieszańce — L20 i L30 - uzyskane z krzyżowania linii sptv3b i 116b różnią się trzema blokami gliadyn kontrolowanych chromosomami 1A, 6A i 6D (rys. 4). Na rozdzielach kolumn Zorbax C18 i Poroshell zidentyfikowano odpowiednio 31 oraz 17 pików linii rodzicielskich, których obecność stwierdzono także u jednego lub obu genotypów mieszańcowych (tab. 2 i 3). Ich czasy retencji pozwalają określić, które z wybranych pików są wspólne, a które specyficzne dla poszczególnych mieszańców oraz pozwalają wnioskować, który z rodziców był donorem określonej frakcji białkowej mieszańca. Biorąc pod uwagę wymienione kryteria oceny piki chromatograficzne czterech analizowanych genotypów podzielono na dziewięć klas:

- A — piki wspólne dla obu mieszańców, pochodzące od obu rodziców,
- A1 — piki wspólne dla obu mieszańców, pochodzące od sptv3b,
- A2 — piki wspólne dla obu mieszańców, pochodzące od 116b,

- B1 — piki specyficzne dla L20 pochodzące od sptv3b,
- B2 — piki specyficzne dla L20 pochodzące od 116b,
- B3 — piki specyficzne dla L20 pochodzące od obu rodziców,
- C1 — piki specyficzne dla L30 pochodzące od sptv3b,
- C2 — piki specyficzne dla L30 pochodzące od 116b,
- C3 — piki specyficzne dla L30 pochodzące od obu rodziców.



Rys. 4. Obrazy elektroforetyczne A-PAGE komponentów rodzicielskich (sptv 3b i 116b) oraz ich potomstwa F₆ (linie L20 i L30). Prążki różnicujące formy rodzicielskie oraz chromosomy kontrolujące ich syntezę zaznaczono z lewej i prawej strony obrazu

Fig. 4. A-PAGE electrophoregrams of gliadin proteins from parental forms (sptv3b and 116b) and their progeny (lines L20 and L30). Protein bands differentiated parental genotypes and chromosomes controlling their synthesis are marked on the left and right hand side of the electrophoregrams

Tabela 2

Charakterystyka wybranych pików obserwowanych u form rodzicielskich (sptv 3b i 116b) oraz linii mieszańcowych (L20 i L30) na podstawie czasów retencji (kolumna Zorbax C18)
Retention times of chosen RP-HPLC gliadin peaks observed in parental (sptv3b and 116b) and hybrid (L20 and L30) winter wheat genotypes (Zorbax C18 column)

Lp. No	sptv 3b	L20	L30	116B	Klasy pików Classes of peaks
	Czasy retencji (min) — Retention times				
1	2	3	4	5	6
1	20,1	20,1	20,1	20,2	A
2	22,8	22,9	22,7	22,8	A
3	24,4	24,5	24,5	24,6	A
4	25,7	25,9	25,9	25,9	A
5	27,9	28,0	27,9		A1
6	28,9	29,0	28,9	28,0	A
7	32,5		32,4		C1
8		32,4		32,5	B2
9	32,9		32,9		C1

c. d. Tabela 2

1	2	3	4	5	6
10		33,0		33,1	B2
11	33,2		33,1		C1
12	33,9		33,9		C1
13		34,0		34,1	B2
14	35,0		34,1		C1
15		34,4		34,4	B2
16		35,0		35,0	B2
17	35,4		35,4		C1
18		35,4		35,4	B2
19		35,8		35,9	B2
20		36,2		36,3	B2
21	37,3	37,4	37,3	37,4	A
22	40,6	40,7	40,6		A1
23	41,1	41,1	41,0		A1
24	42,0	42,0	42,0		A1
25	42,4	42,4	42,3		A1
26	46,8	46,6			B1
27	47,5	47,5			B1
28	47,9	47,8			B1
29			50,3	50,5	C2
30			52,6	52,6	C2
31	52,8	52,6		52,6	B3

Tabela 3

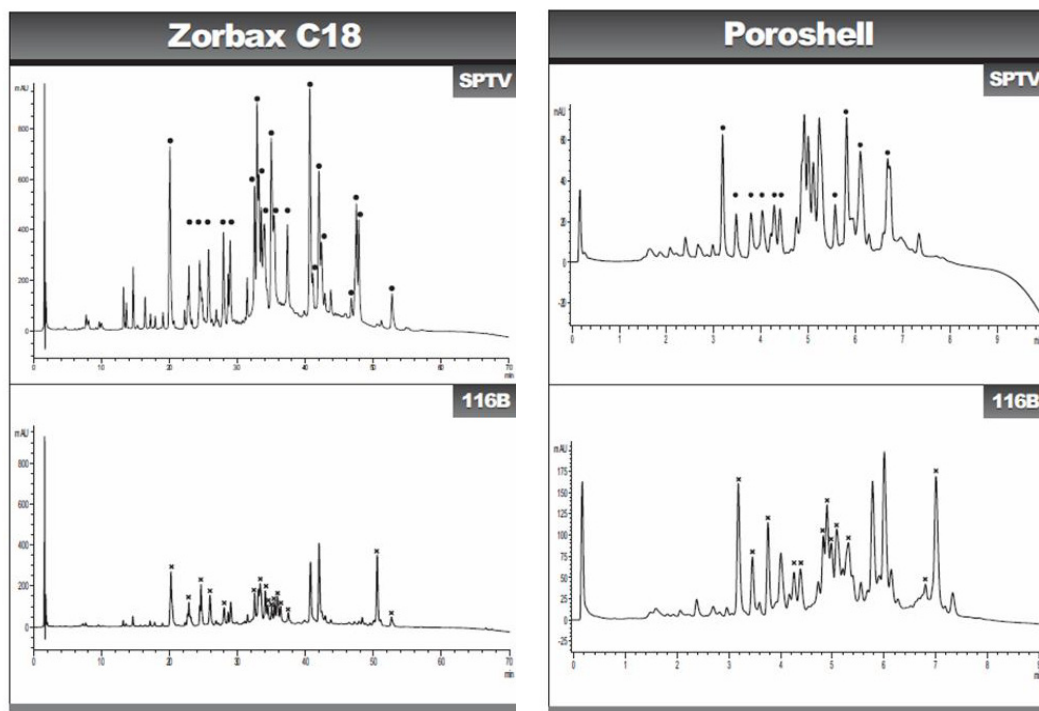
Charakterystyka wybranych pików chromatograficznych gliadyn obserwowanych u form rodzicielskich (sptv 3b i 116b) oraz linii mieszańcowych (L20 i L30) pszenicy ozimej na podstawie czasów retencji (kolumna Poroshell)
Retention times of chosen RP-HPLC gliadin peaks observed in parental (sptv3b and 116b) and hybrid (L20 and L30) winter wheat genotypes (Poroshell column)

Lp. No	sptv 3b	L20	L30	116B	Klasy pików Classes of peaks
1	2	3	4	5	6
1	3,2	3,1	3,1	3,2	A
2	3,5	3,4	3,4	3,5	A
3	3,8	3,7	3,7	3,8	A
4	4,0	4,0	4,0		A1
5	4,3	4,2	4,2	4,3	A
6	4,4	4,4	4,4	4,4	A
7		4,8	4,8	4,8	A2
8		4,9	4,8	4,9	A2
9		4,9	4,9	5,0	A2
10		5,0	5,0	5,1	A2
11		5,3	5,1	5,3	A2
12	5,6	5,5	5,5		A1
13	5,8	5,7	5,7		A1
14	6,1	6,0	6,0		A1
15	6,7	6,6			B1
16			6,8	6,8	C2
17			6,9	7,0	C2

Spośród 31 pików wybranych dla kolumny Zorbax C18 jednaście (35%) było wspólnych, zaś 20 (65%) specyficznych dla poszczególnych mieszańców (tab. 2). W grupie pików

wspólnych sześć pochodziło od obu rodziców natomiast pięć od sptv3b. Spośród dwunastu pików specyficznych dla linii L20 trzy pochodziły od sptv 3b, osiem od 116b, a jeden od obu rodziców natomiast spośród pików specyficznych dla linii L30 sześć pochodziło od sptv 3b, a dwa od 116b.

Spośród 17 pików wybranych dla kolumny Poroshell czternaście (82%) było wspólnych dla obu mieszańców natomiast trzy (18%) były specyficzne dla poszczególnych mieszańców (tab. 3). W grupie pików wspólnych pięć pochodziło od obu rodziców, cztery od sptv3b, a pięć od 116b. Jeden pik specyficzny dla linii L20 pochodził od sptv3b natomiast dwa pik specyficzne dla L30 pochodziły od 116b.



Rys. 5 a. Obrazy RP-HPLC komponentów rodzicielskich sptv 3b i 116b uzyskane przy użyciu kolumny Zorbax C18. Czarnymi kółkami zaznaczono piki charakterystyczne dla linii sptv3b natomiast krzyżykami – piki linii 116b

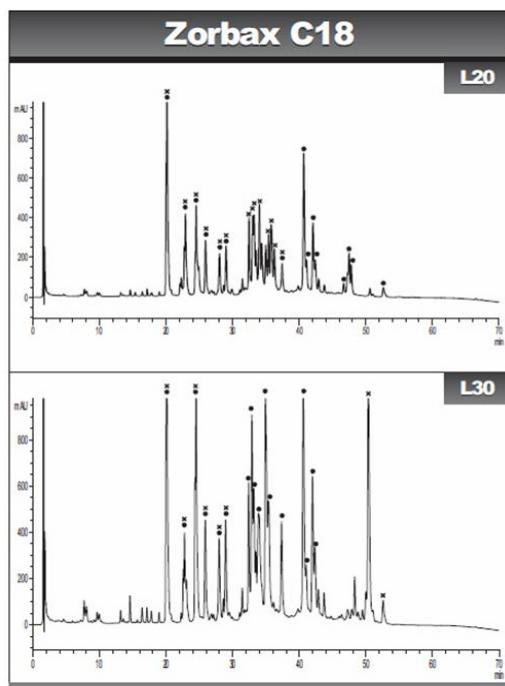
Fig. 5 a. RP-HPLC of gliadin proteins from parental forms (sptv3b and 116b) and their progeny (lines L20 and L30) obtained using Zorbax C18 chromatographic column. Peaks characteristic for sptv3b and 116b are indicated with black circles and crossbars respectively

Rys. 5 b. Obrazy RP-HPLC komponentów rodzicielskich sptv 3b i 116b uzyskane przy użyciu kolumny Poroshell. Czarnymi kółkami zaznaczono piki charakterystyczne dla linii sptv3b natomiast krzyżykami – piki linii 116b

Fig. 5 b. RP-HPLC of gliadin proteins from parental forms (sptv3b and 116b) and their progeny (lines L20 and L30) obtained using Poroshell chromatographic column. Peaks characteristic for sptv3b and 116b are indicated with black circles and crossbars respectively

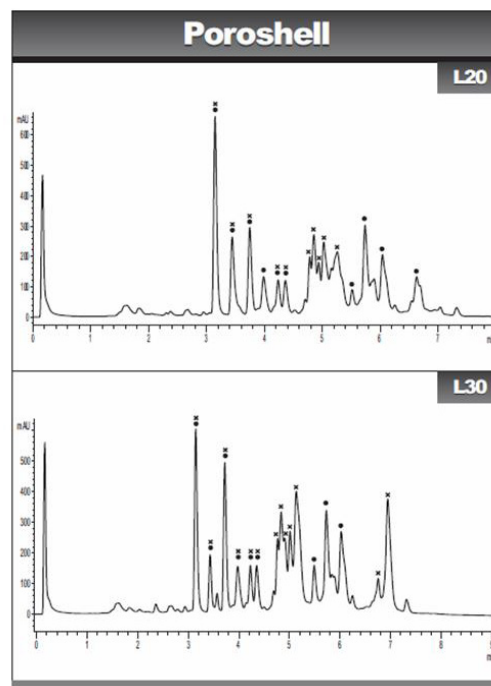
Wybrane piki form rodzicielskich oraz linii mieszańcowych zilustrowano na rysunkach 5a i 5b.

Opisane wyniki przemawiają za większą dokładnością analizy mieszańców przy użyciu kolumny Zorbax C18 niż Poroshell. Dowodzi tego większy odsetek pików specyficznych, a mniejszy pików wspólnych obserwowanych na obrazach linii mieszańcowych uzyskanych z kolumny Zorbax C18.



Rys. 6 a. Obrazy RP-HPLC linii mieszańcowych L20 i L30 (pokolenie F6) z kombinacji sptv3b x 116b uzyskanych przy użyciu kolumny Zorbax C18. Czarnymi kółkami zaznaczono piki charakterystyczne dla linii sptv3b natomiast krzyżykami – piki linii 116b

Fig. 6 a. RP-HPLC of gliadin proteins from hybrid genotypes L20 and L30 (F6 generation) from the cross combination sptv3b x 116b obtained obtained using Zorbax C18 chromatographic column. Peaks characteristic for sptv3b and 116b are indicated with black circles and crossbars respectively



Rys. 6 b. Obrazy RP-HPLC linii mieszańcowych L20 i L30 (pokolenie F6) z kombinacji sptv3b x 116b uzyskanych przy użyciu kolumny Poroshell. Czarnymi kółkami zaznaczono piki charakterystyczne dla linii sptv3b natomiast krzyżykami – piki linii 116b

Fig. 6 b. RP-HPLC of gliadin proteins from hybrid genotypes L20 and L30 (F6 generation) from the cross combination sptv3b x 116b obtained obtained using Poroshell chromatographic column. Peaks characteristic for sptv3b and 116b are indicated with black circles and crossbars respectively

DYSKUSJA

Przedstawione badania miały na celu określenie efektywności i przydatności wykorzystania kolumny chromatograficznej typu Fused-Core Poroshell C18, w analizie białek gliadynowych pszenicy. Punktem odniesienia dla oceny obrazów chromatograficznych kolumny Poroshell były rozdziały uzyskane na tradycyjnej kolumnie Zorbax C18, często używanej przez autorów prac nad zróżnicowaniem białek zapasowych zbóż badanych metodą RP-HPLC. Materiał roślinny stanowiły odmiany i linie mieszańcowe pszenicy ozimej różniące się pod względem alleli kontrolujących syntezę gliadyn. Uzyskane wyniki dowodzą, iż analiza gliadyn na kolumnie Poroshell jest przede wszystkim metodą szybką i ekonomiczną. Wysokiej jakości obrazy rozdzielonych białek uzyskano w czasie 8 minut. W porównaniu z rozdziałami na kolumnach tradycyjnych (takich, jak np. Zorbax C18) jest to czas niemal ośmiokrotnie krótszy (Bietz, 2002). W tak krótkim czasie białka gliadynowe rozdzielono na około 40 frakcji co stanowi liczbę porównywalną z liczbą prążków elektroforezy A-PAGE. Jednocześnie jest to liczba o połowę mniejsza w porównaniu z liczbą pików uzyskanych na kolumnie wypełnionej tradycyjnym nośnikiem (Bietz, 1983). Krótki czas rozdziału został więc osiągnięty kosztem obniżenia rozdzielczości, która stanowi jedną z najważniejszych zalet klasycznej chromatografii RP-HPLC. Jednak szczegółowa analiza liczebności pików w grupach zróżnicowanych pod względem wysokości (parametru powiązanego z zawartością białka w rozdzielonych frakcjach) wykazała, iż największe różnice pojawiały się wśród pików niskich, natomiast zróżnicowanie liczebności pików wysokich dla obu kolumn było niewielkie. Nasuwa się wniosek, iż zdolność rozdzielcza kolumny Poroshell w grupie frakcji odgrywających prawdopodobnie istotną rolę z punktu widzenia funkcji gliadyn, jest porównywalna z kolumną Zorbax C18.

Gdy jednak celem badań chromatograficznych jest ocena czystości genetycznej, stopnia wyrównania materiału, identyfikacja odmian i rodów czy też analiza rozszczepienia genów wysoka rozdzielczość obrazu RP-HPLC może mieć decydujące znaczenie dla poprawnej klasyfikacji genotypu. W takich przypadkach zastosowanie kolumn tradycyjnych wydaje się bardziej uzasadnione. Dowodzą tego wyniki analizy blisko spokrewnionych linii zawierających null allele genów białek gliadynowych. W linii D1N1 został zablokowany *locus* na chromosomie 1D. Charakterystycznym efektem genotypowym tej mutacji było drastyczne obniżenie wysokości charakterystycznego piku o $RT = 19,59$ min. (kolumna Zorbax C18) i $RT = 3,16$ min. (kolumna Poroshell). Porównanie RP-HPLC z A-PAGE pozwala stwierdzić, iż oba piki odpowiadają jednej z frakcji gliadyn ω -1.2 kontrolowanych chromosomem 1D. Rozdziały dowodzą, iż oba typy kolumn chromatograficznych pozwalają obserwować silny efekt zmniejszenia zawartości białka w grupie gliadyn ω -1.2. Teoretycznie efekt obniżenia wysokości określonych pików może być jednak powiązany ze zwiększeniem wysokości lub powstaniem nowych pików, nie obserwowanych w liniach kontrolnych. Jak wynika z badań innych autorów genotyp pszenicy, w którym *locus* kontrolujący syntezę gliadyn ulega zablokowaniu, wykazuje nadekspresję pozostałych *loci* białek glutenowych (gliadyn i HMW GS) lub nie-glutenowych (albumin i globulin) (Wieser i in., 2006). Ich zwiększona aktywność stanowi naturalną reakcję organizmu

rośliny, który dąży do utrzymania zawartości białka na właściwym dla danego genotypu poziomie. Utrata jednej frakcji białkowej jest rekompensowana wzmocnieniem ekspresji genów kontrolujących syntezę pozostałych frakcji (Alvarez i in., 2000). Istotne różnice między porównywanymi kolumnami chromatograficznymi polegały na tym, iż nadekspresja została jednoznacznie stwierdzona na obrazach kolumny Zorbax C18, natomiast efektów takich nie obserwowano w przypadku rozdzielców kolumny Poroshell.

Za większą przydatnością kolumn tradycyjnych w badaniach genetycznych przemawiają także wyniki analizy blisko spokrewnionych linii mieszańcowych (L20 i L30) oraz ich form rodzicielskich (sptv3b i 116b). Wysoki udział pików wspólnych, obserwowanych u obu form mieszańcowych dla kolumny Poroshell świadczy o nakładaniu białek pochodzących od obu rodziców, co można interpretować jako efekt słabszej zdolności rozdzielczej. Procent pików wspólnych na obrazach kolumny Poroshell był przeszło dwukrotnie większy (82%) niż w przypadku kolumny Zorbax C18 (35%) dla której, z kolei, obserwowano więcej pików specyficznych (65% vs. 18%).

WNIOSKI

1. Kolumny typu Poroshell mogą być efektywnie wykorzystywane w selekcji znacznych ilości materiałów hodowlanych, co w przypadku kolumn tradycyjnych, np. typu Zorbax C18, ograniczają przede wszystkim długi czas rozdzielania, wyższy koszt eksploatacji aparatury i jej wyposażenia oraz większe zużycie odczynników (głównie ACN). Możliwość analizy ponad dwustu prób na dobę, jaką daje kolumna Poroshell, pozwala na wykonanie selekcji masowej w dowolnym pokoleniu mieszańcowym i na każdym etapie procesu hodowlanego.
2. Rozdzielacze uzyskane na kolumnie tradycyjnej typu Zorbax C18 umożliwiają identyfikację ważnych szczegółów obrazu chromatograficznego mających istotne znaczenie np. w analizie rozszczepienia genów kontrolujących syntezę analizowanych białek.
3. Przedstawione wyniki dowodzą, iż wybór rodzaju kolumny chromatograficznej do analizy białek gliadynowych metodą RP-HPLC zależy od przyjętego kierunku badań. Oba typy porównywanych kolumn wzajemnie się uzupełniają co może przyczynić się do zwiększenia zakresu wykorzystania RP-HPLC w genetyce i hodowli roślin zbożowych.

LITERATURA

- Alvarez M. L., Guelman S., Halford N. G., Lustig S., Reggiardo M. I., Ryabushkina N., Shewry P., Stein J., Vallejos R. H. 2000. Silencing of HMW glutenins in transgenic wheat expressing extra HMW subunits. *Theor. Appl. Genet.* 100: 319 — 327.
- Bietz J. A. 1983. Separation of cereal proteins by reversed - phase high - performance liquid chromatography. *J. Chromatogr.* 255: 219.
- Bietz J. A. 2002. HPLC of cereal endosperm storage proteins. In: Gooding K. M. and Regnier F. E. (Eds.), *HPLC of Biological Macromolecules*, 2nd ed., revised and expanded. Marcel Dekker, Inc., New York: 547 — 587.

- Becker D., Folck A., Knies P., Lörz H., Wieser H. 2006. Silencing the α - gliadins in hexaploid bread wheat. In: Lookhart G.L., Ng P. K.W. (Eds.), *Gluten Proteins*. AACC, St Paul, MN: 86 — 89.
- Bushuk W., Zillman R. R. 1978. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature. *Can J. Plant Sci.* 58: 505 — 515.
- Cabrera K. 2004. Applications of silica - based monolithic HPLC columns. *Journal of Separation Science*. 27: 843 — 852.
- Dauly C., Perlman D. H., Costello C. E., McComb M. E. 2006. Protein separation and characterization by up-RP-HPLC followed by intact MALDI-TOF mass spectrometry and peptide mass mapping analyses. *J. Proteome Res.* 5 (7): 1688 — 1700.
- Kirkland J. J., Truszkowski F. A., Dilks Jr C. H., Engel G. S. 2000. Superficially porous silica microspheres for fast high -performance liquid chromatography of macromolecules. *Journal of Chromatography. A* 890: 3 — 13.
- Lookhart G.L., Bean S.R., Bietz J.A. 2003. HPLC of gluten monomeric proteins. In: Shewry P. R., Lookhart G. L. (Eds.). *Wheat Gluten Protein Analysis*. American Association of Cereal Chemists, St. Paul, MN, USA: 91 — 111.
- Naeem H. A., Sapirstein H. D. 2007. Ultra-fast separation of wheat glutenin subunits by reversed - phase HPLC using a superficially porous silica - based column. *J. Cereal Sci.* 47: 157 — 168.
- Popineau Y., Cornec M., Lefebvre J., Marchylo B. 1994. Evaluation of hydrophobicity of wheat proteins and peptides by HIC and RP-HPLC. *J. Cereal Sci.* 19: 231.
- Waga J. 2010. Charakterystyka oraz dziedziczenie białek gliadynowych pszenicy ozimej pochodzących z Nepalu. *Biul. IHAR* 256: 15 — 29.
- Waga J., Zientarski J., Obtułowicz K., Bilo B. 2006. Flour quality and binding of immunoglobulin E by gliadin proteins of two winter wheat genotypes. *Pol. J. Food Nutr. Sci.* 15/56: 305 — 310.
- Wieser H. 1991. Chemistry of gliadins. *European Journal of Gastroenterology & Hepatology* Vol.3 No. 2: 102 — 107.
- Wieser H. Kohler P., Folck A., Becker D. 2006. Characterization of wheat with strongly reduced α -gliadin content. In: Lookhart G. L., Ng P.K.W. (Eds.), *Gluten Proteins*. AACC, St Paul, MN: 13 — 16.

JÓZEF PILCHInstytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB
Zakład Roślin Zbożowych, Kraków

Introgresje genów z gatunków spokrewnionych taksonomicznie w ulepszeniach pszenicy *Triticum aestivum* L. i innych roślin uprawnych*

Introgressions of genes from taxonomically related species in improvement of wheat *Triticum aestivum* L. and other cultivated plants

Praca przedstawia dotychczasowy stan osiągnięć w wykorzystaniu gatunków dzikich spokrewnionych taksonomicznie w hodowli najważniejszych roślin uprawnych na świecie z wykorzystaniem hybrydyzacji generatywnej międzygatunkowej i międzyrodzajowej ze szczególnym wyróżnieniem roślin zbożowych. Uwzględnia zmienność genową gatunków, stosowane techniki w wytwarzaniu mieszańców pomostowych F_1 , identyfikowania mieszańców, stabilności, transferowania genów, jak i efekty końcowe tych prac. Przedstawia dotychczasowy postęp jaki został uzyskany w ulepszeniach roślin uprawnych poprzez introgresje genów z gatunków dzikich/spokrewnionych w zakresie stresów biotycznych i abiotycznych, poziomu plonowania i jego jakości, wykorzystaniu heterozji w produkcji roślinnej. Wskazuje dalsze działania w nowoczesnej hodowli nowych odmian. W pracy posługiwano się oryginalną nomenklaturą taksonomiczną gatunków roślin, genów, patogenów występującą w pracach autorskich.

Słowa kluczowe: bioróżnorodność, gatunki dzikie, introgresje, krzyżowania oddalone, obce geny, ulepszanie, *Poaceae* (*Triticeae*)

The paper presents achievements in use of wild/related species in breeding of plants with application of generative interspecific and intergeneric hybridization, particularly focused on cereals. Biodiversity of species, methodology of production of F_1 — bridge hybrids and identification of the hybrids, their stability, transfer of the genes and the end-effects are presented. The recent progress is outlined in improvement of cultivated plants with the use of introgressions of alien genes influencing response to biotic and abiotic stress, yield level and its quality, use of heterosis in plant production. Further directions in modern breeding of new cultivars are postulated. Original taxonomic nomenclature, applied in the original publications, has been used for the plant species, genes, diseases and pathogens.

Key words: alien genes, biodiversity, improvement, introgression, *Poaceae* (*Triticeae*), wide crosses, wild/related species

* Prace realizowano w ramach Programu Wieloletniego IHAR-PIB Nr 2.1. zad.3-2-00-0-01

WSTEP

Od dawna gatunki dzikie/spokrewnione taksonomicznie stanowiły niezaprzeczną korzyść dla odmian uprawianych przez człowieka modernizując rolnictwo i stanowiąc potencjalne źródło nowych genów. Ich wykorzystanie w hodowli roślin zaznacza się już w latach 1940–1950 z nasileniem w okresie 1970–1980 (Plucknett i in., 1987). Istotne wykorzystanie dla hodowli nastąpiło po 1980 roku, kiedy udoskonalono techniki krzyżowania, kultury tkankowe, podwajanie liczby chromosomów, mapowanie genów i techniki molekularne. Tunksley i McCouch (1997) wykazali dużą rolę mapowania genomów w wykorzystaniu genetycznej bioróżnorodności gatunków dzikich i rolę obcej zmienności w odkrywaniu nowych genów i ich użyciu. Introgresje obcych genów wykorzystano w 19 gatunkach stanowiących podstawowe składniki pożywienia w światowym żywieniu, jak: pszenica, ryż, kukurydza, jęczmień, sorgo, proso, kasawa, ziemniak, groch włoski, wspięga chińska, soczewica, soja, bób, niktla indyjska, banan, orzeszki ziemne, pomidor, słonecznik, sałata. Podstawą tego wyboru była znajomość genomu i łatwość w identyfikowaniu uzyskanych ulepszeń. W tym celu powstały programy badawcze o międzynarodowym zasięgu, takie jak United Nations Environment Programme / Global Environment Facility (UNEP/GEF) (USA), Bioversity International / International Plant Genetics Resources Institute (Włochy), “In-situ Conservation of Crop Wild Relatives-Enhanced Information Management and Field Application” (Kanada), International Board for Plant Genetics Resources (Włochy).

Praca przedstawia dotychczasowy stan osiągnięć w wykorzystaniu gatunków dzikich/spokrewnionych taksonomicznie w hodowli najważniejszych roślin uprawnych ze szczególnym wyróżnieniem roślin zbożowych.

1. ZMIENNOŚĆ GENETYCZNA GATUNKÓW *POACEAE* I TRANSFER GENÓW

Rodzina *Poaceae* (*Triticeae*) obejmuje ponad 300 zróżnicowanych pod względem taksonomicznym i chromosomowym gatunków (Dewey, 1984). Analiza molekularna samych tylko gatunków *Triticum* L. i *Aegilops* L. wykazała ogromne zróżnicowanie loci AFLP (ang. amplified fragment length polymorphism) pomiędzy gatunkami wskazujące na ich duży potencjał genetyczny (Sasanuma i in., 2002; Gill i in., 2008; Marais i in., 2008, 2009, He i in., 2009). Gatunek *Ae. speltoides* Taush. wykazywał także największą zmienność wewnątrzgatunkową wynikającą z obcopylnego przepylania, a także w populacjach stanowiącą prawie 65%. Gatunki diploidalne *Triticum* sp., *T. urartu* Tum. i *T. boeoticum* Boiss. wykazują niższy stopień zmienności wewnątrzpopulacyjnej od kozińców, natomiast tetraploidalne gatunki *T. dicoccoides* Schweinf., *T. araraticum* Jakubz. wykazują bardzo wysoki stopień zmienności wewnątrzpopulacyjnej. Gatunki diploidalne wykazywały dużą odrębność międzygatunkową natomiast w grupie tetraploidalnych (AABB) ta odrębność była mniej zaznaczona, co świadczy, iż genomy A, B pochodzą od wspólnych przodków filogenetycznych. Zmienność AFLP z tych gatunków wprowadzana jest do pszenic syntetycznych (*T. dicoccoides* var. *durum* × *T. tauschii*) jak i odmian *T. aestivum* L. oraz pomiędzy odmianami (Hazen i in., 2002).

Również pod względem *loci* RFLP (ang. restriction fragment length polymorphism) gatunki *Triticum* i *Aegilops* wykazują duże zróżnicowanie genetyczne (Ciaffi i in., 2000). Zmienność genetyczną gatunków *Poaceae* (*Triticeae*) można podzielić na 3 pule genowe ze względu na ich różną konstytucję genomową.

Pula genowa I-sza obejmuje heksaploidy, tetraploidy i te diploidalne gatunki, które były dawcami genomów A, B i D dla pszenicy tetraploidalnej (AABB) i heksaploidalnej (AABBDD). Transfer genów odbywa się na zasadzie homologicznej rekombinacji w efekcie przekrzyżowań prostych, wstecznych i selekcji. Jednym sposobem wykorzystania istniejącej puli zmienności genomów A (*T. boeoticum* Boiss., *T. monococcum* L., *T. urartu* Tum. ($2n = 2x = 14$, AA) i D (*Ae. squarrosa* L. (syn. *Ae. tauschii* Coss.)) są krzyżowania pomostowe z amfiploidami AABBAA lub AABBDD, które uzyskuje się wcześniej poprzez tetraploidalne pszenice AABB skrzyżowane z gatunkami pszenicy AA lub DD - *Ae. squarrosa* L., następnie kolchicynowanie amfihaploidów ABA, ABD, które prowadzi do uzyskania heksaploidalnego amfiploida AABBAA i AABBDD (syntetyczna pszenica) jako pomostowe mieszańce. Reprezentują one poziom heksaploidalny jak pszenica *T. aestivum* L., co umożliwia lepsze krzyżowanie i stabilność chromosomową (Ter-Kuile i in., 1988, Villareal i in., 2001). Już mejoza F_1 amfihaploida (ABA) wykazuje koniugację biwalentną chromosomów genomów A, A, co umożliwia wymianę genów już na tym etapie.

Pula genowa II-ga obejmuje gatunki poliploidalne *Triticum* L. i *Aegilops* L., które mają tylko jeden genom pasujący do któregoś z trzech genomów pszenicy A, B, D. Transfer genów następuje w efekcie krzyżowań prostych, rekombinacji tylko pomiędzy homologicznymi genomami i za pomocą specjalnych manipulacji cytogenetycznych dotyczących pozostałych niehomologicznych genomów. Transfer genów w tej puli genowej również zachodzi poprzez pomostowe amfidiploidy, jak AABB $\times$ BBB (*T. turgidum* AABB $\times$ *Ae. speltoides* BB). Występuje jednak brak koniugacji większości chromosomów. Transplantacja embrionów jest stosowana dla otrzymywania mieszańców pomostowych F_1 .

Gatunki kozińców *Aegilops* L. odgrywają istotną rolę w genotypie pszenicy *T. aestivum* L., albowiem były dawcami genomów B (*Ae. speltoides* Taush.) i D (*Ae. squarrosa* L. syn. *Ae. tauschii* Coss.) (Kihara, 1944; McFadden i Sears, 1946). Pulę genową III-cią stanowią gatunki diploidalne i poliploidalne, których genomy nie są homologiczne względem siebie. Transfer genów wymaga specjalnych technik cytogenetycznych, które spowodują nie-homologiczne rekombinacje chromosomów głównie translokacje, jak promieniowanie, czy kultury tkankowe. Z tych powodów gatunki te są najmniej wykorzystane w ulepszeniach pszenicy (Sharma, 1995).

Transfer genów pomiędzy tymi trzema pulami genów jest związany z różnym stopniem trudności, jak opisane w dalszych podrozdziałach: (2) wytwarzania mieszańców, transplantacji embrionów i regeneracji roślin, (3) możliwości identyfikowania mieszańców, (4) metodyki ich hodowli, (5) stabilności mieszańców, (6) transferu genów i (7) ocen stresów biotycznych i abiotycznych.

2. WYTWARZANIE MIESZAŃCÓW MIĘDZYGATUNKOWYCH I MIĘDZYRODZAJOWYCH (ODDALONYCH)

Najczęściej mieszańce pszenicy *T. aestivum* L. z gatunkami dzikimi/spokrewnionymi otrzymywano poprzez modyfikowane w różny sposób techniki kastrowania kłosów matecznych i zapyłanie pyłkiem (obcego gatunku) stosowane w konwencjonalnej hodowli odmian. Zazwyczaj formą mateczną była pszenica *T. aestivum* L. ze względu na wyższy stopień ploidalności od gatunku obcego jak i budowę kwiatu łatwiejszą do wszelkich zabiegów. Kimber i Abu-Bakar (1979) przedstawili informacje i trudności uzyskania w ten sposób 1104 mieszańców. W krzyżowaniach stosowano różne zabiegi zwiększające efektywność, jak kilkakrotne zapyłania pyłkiem, stosowanie kwasu giberelinowego (75 ppm) na kłoski mateczne, transplantacje embrionów 14–18 dni po zapyleniu na pożywki Maurashiego i Skooga (1962) lub Tairy i Lartera (1978), traktowanie niskimi temperaturami aby przerwać stan uśpienia. Zabiegi te jednak nie zwiększały efektywności krzyżowania, która była nadal ograniczona, różna i niewielka. Pomimo udanego zapylenia i zapłodnienia występowała duża letalność zarodków mieszańcowych F_1 nawet na pożywkach sztucznych. Genotypy, stopień ploidalności, sposoby krzyżowania i kierunki krzyżowania miały wpływ na efekty wytwarzania mieszańców z gatunkami obcymi. Wysoką rolę odgrywały systemy genetyczne, jak geny krzyżowalności *Kr* odmiany Chinese Spring *T. aestivum* L. $kr_1 kr_1 kr_2 kr_2 kr_3 kr_3$ (Lein 1943, Krolow 1970, Riley i Chapman 1967, Falk i Kasha 1981, Fedak i Jui 1982). Loci *Kr* występują w 5 grupie homeologicznej kr_1 (5B), kr_2 (5A), kr_3 (5D). Z tych powodów odmiana Chinese Spring była najczęściej stosowana w krzyżowaniach bezpośrednich z gatunkami oddalonymi taksonomicznie, ponadto wytworzona była pełna seria linii monosomicznych ($2n=41$), jak i addycyjnych ($2n=44$), które umożliwiały kontrolowane introgresje chromosomów obcych (Sears 1954). Do tej grupy należy jeszcze locus kr_4 , który występuje na chromosomie 1A w innych odmianach pszenicy o lepszych aniżeli u Chinese Spring cechach rolniczych (Jauhar 1995).

3. DIAGNOSTYKA MIESZAŃCÓW

W identyfikowaniu mieszańców stosowano techniki cytologiczne, które obejmują preparatykę i barwienia chromosomów. Identyfikowanie przeprowadzano zazwyczaj na chromosomach metafazowych w stadium mitozy. W przypadku gdy liczba chromosomów jest inna niż u form rodzicielskich wystarczające jest liczenie chromosomów u mieszańców F_1 . W innych przypadkach i w dalszych generacjach *F* stosowane jest prążkowe barwienie chromosomów (C-banding, G-banding) lub *in situ hybridization* (FISH, GISH). Wykorzystuje się również metody biochemiczne (elektroforeza białek) lub molekularne (markery DNA).

4.

HODOWLA MIESZAŃCÓW F₁

Uzyskane mieszańce F₁ międzygatunkowe i międzyrodzajowe są sterylne i nie wytwarzają ziarniaków. Klasycznym sposobem dalszego postępowania było kolchicynowanie różnymi technikami w celu podwojenia liczby chromosomów i przywrócenia płodności. W ten sposób powstawały pełne amfidiploidy, czyli formy pośrednie pomiędzy gatunkami rodzicielskimi o pośrednim-dzikim fenotypie, w niektórych przypadkach o bardzo wysokiej liczbie chromosomów, jak pentaploidy, oktoploidy. Amfidiploidy te były źródłem wyjściowym do dalszych krzyżowań i uzyskania kolejnych materiałów wyjściowych *Amfiploidy/Triticum* (Hartel i in. 2008).

Innym sposobem postępowania z mieszańcami pomostowymi F₁ przytaczanym w wielu pracach (Rajaram i Borlaug 1997, Moncada i in. 2001, Barclay 2004, Hajjar i Hodgkin 2007, Pilch 2007 a, b, 2010, Aghaee-Sarbarzeh i in. 2008, Miedaner i in. 2008, Qi i in. 2008) była "hybrydyzacja introgresywna" polegająca na krzyżowaniu wstecznym z formą mateczną. Zalecana była dawno temu przez Andersona i Hubrichta (1938) i Andersona (1949). Jest to działanie wypierające obce chromosomy (zapylacza). W tym postępowaniu już po BC₁ uzyskuje się fenotyp matecznej formy a nie dziki-pośredni i częściową płodność wynikającą z koniugacji chromosomów, np. pszenicy genomów *A*, *B*, *D* (Pilch 2005 a, b). Każde krzyżowanie wsteczne/wypierające zwiększa płodność mieszańców poprzez lepszą koniugację chromosomów i kumuluje geny mateczne, pozostawiając tylko korzystne geny obcego gatunku w efekcie selekcji negatywnej.

5. STABILNOŚĆ MIESZAŃCÓW

Obecność chromosomów obcego gatunku w cytoplazmie *T. aestivum* L., która dziedziczy się po formie matecznej i genomie *T. aestivum* L. powoduje niestabilność mitotyczną i meiotyczną powodowane zaburzeniami w koniugowaniu chromosomów obcego gatunku w stadium Profazy I i segregacji chromosomów na bieguny komórek w Anafazie I. Podczas homeologicznej koniugacji w "F₁-bridge" zależnej od loci recesywnych *ph*-pszenicy, zachodzą wzajemne translokacje, które stanowią główny mechanizm wbudowania fragmentu chromosomu obcego gatunku w genom pszenicy a tym samym występuje transfer obcych genów poszukiwanych w hodowli odmian *T. aestivum* L. (Sears 1977, 1981, 1982). Z kolei, powstałe translokacje z chromosomem obcym powodują dalszą niestabilność wynikającą z rozszczepienia genetycznego na : 1 homozygota normalna (2 chromosomy *T. aestivum* L.) : 2 heterozygoty (1 chromosom normalny *T. aestivum* L. + 1 chromosom translokacyjny) : 1 homozygota translokowana (oba translokacyjne chromosomy). Selekcja powinna zmierzać do oddzielenia homozygot translokacyjnych zawierających fragmenty chromosomów obcego gatunku, co zapewni stabilność cytogenetyczną materiałów. W uzyskaniu lepszej stabilności mieszańców stosuje się hodowlę haploidów i ich podwojenie (DH). W liniach DH następuje szybka homozygotyzacja cech i translokacji.

System genów recesywnych *ph* umożliwia koniugację homeologiczną chromosomów i wykorzystywany jest w introgresji obcych genów do pszenicy zwyczajnej metodami krzyżowania introgresywnego.

6. TRANSFEROWANIE GENÓW — MECHANIZM CHROMOSOMU 5BL U *T. AESTIVUM* L.

W introgresjach obcych genów do pszenicy *T. aestivum* L. najczęściej wykorzystuje się mechanizm chromosomu 5BL. Obejmuje on stosowanie w krzyżowaniach form matecznych *T. aestivum* L. zestawów: mono-5B ($2n = 41$), *ph ph* ($2n = 42$), nulli-5B ($2n = 40$) i nulli-5B tetra ($2n = 42$). Sposób wykorzystania tych zestawów w uzyskiwaniu mieszańców pomostowych "F₁-bridge" w krzyżowaniach międzygatunkowych i międzyrodzajowych przedstawiono na schematach 1, 2 w pracy Pilch (2005 a).

Mechanizm chromosomu 5BL opiera się na systemie genetycznym homeologicznej koniugacji (ang. homoeologous pairing system) u pszenicy *T. aestivum* L. jaki tworzy gen *Ph1* występujący na długim ramieniu chromosomu 5BL (Riley i Chapman, 1958, 1967; Riley i in., 1961; Pilch, 2005 a). Pszenica zwyczajna (*T. aestivum* L.) pomimo, że jest gatunkiem alloheksaploidalnym ($2n = 6x = 42$) o 3 homeologicznych genomach *A*, *B*, *D* wykazuje w mejozie koniugację chromosomów diploidalno-homologiczną. Koniugują z sobą chromosomy homologiczne w obrębie każdego genomu. Supresja homeologicznej koniugacji chromosomów kontrolowana jest przez kilka systemów genetycznych. Jednym i najważniejszym z nich jest grupa genów dominujących *Ph*, z których największy efekt daje dominujący *Ph1*.

W przypadku nieobecności genów dominujących *Ph* (nulli-5B, *ph ph*; nulli-5B tetra, *ph ph*; mono-5B, *Ph ph*) lub mutacji recesywnej (disomia: *ph ph*) następuje koniugacja homeologiczna chromosomów obcych gatunków z chromosomami pszenicy *A*, *B*, *D* w mieszańcach pomostowych "F₁-bridge". Efekt recesywnego allele *ph* ujawnia się jedynie w mieszańcach międzygatunkowych i międzyrodzajowych, nie działa on u pszenicy *T. aestivum* L. (*ph ph*) na koniugację chromosomów genomów *A*, *B*, *D* (Riley i in., 1973). Podczas homeologicznej koniugacji w "F₁-bridge" zachodzą wzajemne translokacje, które stanowią główny mechanizm wbudowania fragmentu chromosomu obcego gatunku w genom pszenicy a tym samym transfer obcych genów poszukiwanych dla hodowli odmian *T. aestivum* L. (Sears, 1977, 1981, 1982). W ten sposób system genów recesywnych *ph* umożliwiających koniugację homeologiczną wykorzystywany jest dla hodowli w introgresji obcych genów do *T. aestivum* L. metodami hybrydyzacji introgresywniej (Forster i Miller, 1985; Sharma i Gill, 1986; Chen i in., 1994; Qu i in., 1998; Pilch, 2005 b). Zabezpieczenie introgresji obcego DNA następuje dopiero w BC₁ (F₁-bridge / *T. aestivum* L.) i samozapylenie, poprzez przywrócenie układu homozygotycznego alleli dominujących *Ph1 Ph1*.

Niektóre gatunki obce *Poaceae* mają geny supresji allele dominującego *Ph1* wywołując efekt podobny do allele recesywnego *ph1*, które ułatwiają introgresję obcego DNA do pszenicy *T. aestivum* L.

Riley i in. (1961) zidentyfikowali u kozieńca diploidalnego *Ae. speltoides* Taush. dominujące geny supresory *Ph^l* powodujące inaktywację genu *Ph1* w systemie 5B.

Supresory występują także u poliploidalnych gatunków *Aegilops* L. (Zemetra i in., 1998; Morrison i in., 2002). Gatunki tetraploidalne *Ae. cylindrica* Host. i *Ae. triuncialis* L. występują jako chwasty w rejonie śródziemnomorskim, w Zachodniej Azji a także przeniesione zostały przypadkowo do Ameryki Północnej i Europy. Gatunki te znane są z naturalnych przekrzyżowań w tych rejonach z pszenicą kiedy występują w sąsiedztwie jej uprawy (Hegde i Waines, 2004; Zaharieva i Monneveux, 2006).

W Północnej Ameryce występuje naturalne przekrzyżowanie pszenicy ozimej jedynie z gatunkiem *Ae. cylindrica* Host. (*DDCC*) albowiem fizjologicznie są do siebie bardzo zbliżone. Krzyżowanie naturalne jest możliwe albowiem gatunek ten ma genom *D* w swoim składzie i dlatego z pszenicą wytwarza żywotne mieszańce ($2n = 5x = 35$, *DDCAB*), które mają diploidalny genom *D* (*DD*) i haploidalne genomy *A*, *B*, *C* (Zemetra i in., 1998; Morrison i in., 2002).

W Europie zachodzi naturalne przekrzyżowanie pszenicy zwyczajnej z gatunkiem *T. monococcum* L., i pięcioma tetraploidalnymi gatunkami kozieńca, tj. *Ae. cylindrica* Host., *Ae. triuncialis* L., *Ae. biuncialis* Vis., *Ae. geniculata* Roth., *Ae. neglecta* Req. (Godron, 1854; Guadagnuolo i in., 2001, Zaharieva i Monneveux, 2006). Szczególnie duże powinowactwo jest z *Ae. cylindrica* Host. i *Ae. triuncialis* L. Naturalne przepylanie jest możliwe ze względu na synchronizację czasu kwitnienia i podobną biologię tych gatunków, a wśród kozieńców są 3 typy: ozime, jare i przewódkowe (Tanaka, 1954). Guadagnuolo i in. (2001) podają, iż przekrzyżowanie naturalne pszenicy z gatunkiem *Ae. cylindrica* Host. w Szwajcarii wynosi nawet 3%. Naturalne mieszańce F_1 z kozieńcami są z reguły sterylne, ale pojawiają się czasem ziarna u 300 roślin znaleziono 6 ziaren. Naturalne mieszańce pomiędzy odmianą Bezostaya 1 i *Ae. cylindrica* Host. wystąpiły w 0,5% na polach pszenicy w Bułgarii, a wykonane ręczne skrzyżowanie wyniosło 0,7% zawiązanych ziarniaków (Gotsov i Panayotov, 1972). Krzyżowanie zwrotne natomiast *Ae. cylindrica* Host. $\times$ Bezostaya 1 wykonane przez tych autorów dało znacznie lepsze efekty — 12%. Boguslavski (1978) w Dagestanie prowadził rejestrację spontanicznego przepylania pszenicy z 22 gatunkami *Aegilops* L. Wystąpiły one na poziomie 0,2–6% i jedynie z gatunkami tetraploidalnymi *Ae. cylindrica* Host., *Ae. triuncialis* L., *Ae. biuncialis* Vis., *Ae. geniculata* Roth., *Ae. neglecta* Req. Jedynie kilka mieszańców zanotowano z diploidalnym kozieńcem *Ae. speltoides* Taush. Dalsze przekrzyżowania pyłkiem pszenicy (*BC*) spowodowało wzrost zawiązanych ziaren u tych mieszańców 4,8% w *BC1*; 13,7% w *BC2*; 55,8 w *BC3* (Zemetra i in., 1998). Wraz z tym, postępował proces naturalnej polowej selekcji roślin o liczbie chromosomów zbliżającej się do poziomu heksaploidalnego (Morrison i in., 2002).

W obecności genów supresorów *Ph^l* i pomimo obecności genu *Ph1* zachodzi synapsis homeologicznych chromosomów obcych gatunków z chromosomami pszenicy *T. aestivum* L. Są to jednak geny różne od allele recesywnego *ph1b* u mutantu 10/13 (Riley i in. 1973). Chen i in. (1994) wprowadzili do pszenicy *T. aestivum* L. dwa geny supresory *Ph^l* mechanizmem translokacji T4D/4S uzyskując kolejne źródło homeologicznej koniugacji dla hodowli pszenicy heksaploidalnej *T. aestivum* L. W mieszańcach F_1 tych linii z gatunkiem *Haynaldia villosa* uzyskali wysoką koniugację homeologiczną, pomimo obecności genu *Ph1*. Wynosiła ona nawet 50% chromosomów w stadium M_1 mejozy.

Supresory *Ph¹* działały epistatycznie do genu *Ph1* pszenicy. W kolejnych pracach Chen i in. (1994) wykorzystali supresory do transferu genów z obcych gatunków do pszenicy *T. aestivum* L.

Podobny efekt jak supresory *Ph¹* wykazują chromosomy nadliczbowe niektórych gatunków obcych. W ich obecności następuje koniugacja chromosomów *T. aestivum* L. z chromosomami gatunków obcych. Dover i Riley (1972) stwierdzili taki efekt chromosomów nadliczbowych kozieńca *Ae. mutica* Boiss., u niektórych gatunków *Lolium* L. (Evans i Macefield, 1973). Supresyjne działanie B-chromosomów żyta *S. cereale* L. uzależnione jest od nieobecności określonych chromosomów pszenicy, ujawnia się w przypadku deficyjencji *3A*, *3D*, *5B* (Lelley 1976, Romero i Lacadena, 1980).

7. POSTĘP W ULEPSZENIACH ODMIAN ROŚLIN UPRAWNYCH

Dotychczas zidentyfikowano ponad 60 gatunków dzikich/spokrewnionych wykorzystanych w ulepszeniach 13 uprawianych na świecie różnych gatunków: pszenica, jęczmień, proso, ryż, kukurydza, słonecznik, sałata, banan, ziemniak, orzeszki ziemne, pomidor, kasawa i groch włoski (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986, 1988; Plucknett i in., 1987; Rao i in., 2003). Ulepszono ponad 111 cech użytkowych, głównie odporność na choroby a także odporność na suszę (deficyt wody w glebie), zasolenie gleby, jakość, cytoplazmatyczna męska sterylność. Najwięcej ulepszeń uzyskano u pomidora — 55 cech, następnie ryżu i ziemniaka po 12 cech, pszenicy — 9 cech, słonecznika — 7 cech, prosa i kasawy po 3 cechy, kukurydzy, sałaty, banana i grochu włoskiego po 2 cechy i u orzeszków ziemnych oraz jęczmienia po 1 cesze.

Odporność na stresy biotyczne

Odporność na choroby stanowi ponad 80% ulepszonych przez gatunki dzikie cech u roślin uprawnych (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986). Hodowcy bowiem najczęściej zwracali uwagę na zdrowotność nowych odmian. Wszystkie gatunki wymienione powyżej, oprócz jęczmienia i grochu włoskiego, mają geny odporności z gatunków dzikich.

Kukurydza, banan, ziemniak i orzeszki ziemne mają jedynie tę cechę wprowadzoną z gatunków dzikich. Do 1980 roku przekonania o zabezpieczaniu upraw przed chorobami (grzybowe, wirusowe, bakteryjne) i szkodnikami genami z wykorzystaniem dzikich gatunków były nieliczne. U ryżu *Oryza nivara* S. D. Sharma and Shastry wprowadzono odporność na wirusa trawiastej karłowatości (ang. grassy stunt virus); u ziemniaka *Solanum demissum* Lindl. wprowadzono odporność na późną zarazę (ang. late blight); u pomidora wprowadzono wiele genów odporności z gatunków dzikich, głównie *Lycopersicon pimpinellifolium* Mill.; w pszenicy wprowadzono odporność na rdze z gatunków *Agropyron elongatum* Host ex.P.Beauv i *Aegilops umbellulata* Zhuck. (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986). U ryżu *Oryza nivara* S.D.Sharma and Shastry geny obce ciągle zabezpieczają silną odporność na wirusa trawiastej karłowatości na milionach hektarów uprawy w południowej i południowo-wschodniej Azji (Barclay, 2004). Również na 6 innych ważnych chorób (Brar i Kush, 1997).

Odkrycie nowych genów u gatunków dzikich zwiększyło ich wykorzystanie w hodowli roślin uprawianych. Po 1980 roku u pomidora wprowadzono około 40 obcych genów z

gatunków *Lycopersicon peruvianum* (L.) Mill., *L. cheesmanii* Riley, *L. pennelli* (Correll) D'Arcy i innych (Rick i Chetelat, 1995).

U ziemniaka *Solanum demissum* Lindl. odporność na późną zarazę (ang. late blight) wprowadzono z *Solanum demissum* i *S. stoloniferum* Schltdl. and Beche. Aktualnie 40% upraw ziemniaka w USA ma odporność z gatunku *Solanum demissum* (National Potato Council, 2003). Oprócz nich gatunki *S. chacoense* Bitt., *S. asaule* Bitt., *S. vernet* Bitt. and Wittm., *S. spegazzinii* Bitt. wprowadziły odporność na niektóre wirusy i owady (Ross 1986; Love, 1999).

U słonecznika odporność na rdze, mączniaka, zasychanie wiech, wykorzystywana jest od dawna z gatunków dzikich *Helianthus annuus* L. a *H. praecox* Engelm & A.Gray w hodowli nowych mieszańców. Ostatnio wprowadzono odporność na preparaty chemiczne imidozolinone i sulfonilurea do oprysków przeciw zarazie z gatunku *H. annuus* L. (Seiler i Gulya 2004). Geny te wprowadzono do mieszańców komercyjnych 'Clearfield'.

W odmianach kasawy uprawianych w krajach afrykańskich odporność na choroby wprowadzona z gatunku *Manihot glaziovii* Mull.Arg. daje zwyczaję plonu 40% (Nigeria) i 25% (Zach.Kenia) (Nweke 2004).

W odmianach prosa, odporność na rdze i *Pyricularia grisea* wprowadzona została z gatunków dzikich, większą trwałość wykazuje odporność na *Pyricularia grisea* (Wilson i in., 1991; Wilson i Gates, 1993).

W sorgo, krzyżowania gatunków *Sorgo macrospermum* i *S. bicolor* umożliwiły wprowadzenie do odmian odporności na choroby grzybowe, wirusowe oraz na owady (Price i in., 2005).

U banana, diploidalny dziki gatunek *Musa acuminata* Colla był źródłem odporności mieszańców na grzyb *Mycosphaerella fijiensis* od lat a od 1990 roku nowe mieszańce wykazują odporność na tego grzyba i fuzaryjne zasychanie (Vuylsteke i in., 1993; Escalant i in., 2002). Hodowcy często sięgają po ten gatunek dziki, który jest źródłem odporności na wiele chorób.

U sałaty, większość odmian ma geny pochodzące z gatunków dzikich. Odporność na mączniaka *Bremia lactucae* i mszyce *Nasonovia* ssp. *Nasonovia ribisnigri* pochodzi z gatunku *L. virosa* (Eenink i in., 1982; Crute, 1992). Odporność na mączniaka regularnie jest wykorzystywana w hodowli od 1980 roku.

W odmianach orzeszków ziemnych i kukurydzy nie ma tak dużych efektów w wykorzystaniu genów z gatunków dzikich. U orzeszków ziemnych odporność na nicianie korzeniowe wprowadzona została z gatunku *Arachis cardenasii* Krapov & W.C. Greg., lecz nie uzyskała poziomu trwałego (Simpson i Starr, 2001). Introgresje genów odporności na patogeny *Puccinia* i *Helmntosporium* z gatunków rodzaju *Tripsacum* L. do kukurydzy nie miały powodzenia w okresie 1950–1980. Odmiany późniejsze kukurydzy i orzeszków ziemnych mają jednak geny odporności na choroby, suszę, tolerancję na wysokie stężenia jonów glinu w glebie, pochodzące od gatunków dzikich *Tripsacum* L. i *Arachis* L. (Rao i in., 2003).

W odmianach soi, bobu i grochu włoskiego dopiero po 1980 roku włączone zostały geny z gatunków dzikich (Prescott-Allen i Prescott-Allen 1986, 1988). W soi, odporność na nicianie korzeniowe *Heterodora glycine* wprowadzona została z trawiastej soi *Glycine*

tomentella Hayata do *Glycine max* (Riggs i in. 1998). U grochu włoskiego uzyskano linie z gatunkami *Cicer reticulatum* Ladizinsky i *C. echinospermum* P.H. Davis odporne na nicianie korzeniowe i *Phytophthora* sp. Dzikie gatunki *Phaseolus* krzyżowane są ze względu na odporność na rdze, złotą mozaikowatość owady nasion i osadki (Singh, 2001).

Gatunek pszenicy zwyczajnej *T. aestivum* L. jest podatny na przyjmowanie genów obcych, albowiem jest heksaploidem i w swoim procesie genezy przeszedł dwa razy poliploidyzację, tj. tetraploidalną (*AABB*) i heksaploidalną (*AABBDD*) z gatunkami diploidalnymi kozienców *BB* i *DD*. Dawcą genomu *B* pszenicy *T. aestivum* L. był *Ae. speltooides* Taush., a genomu *D* — *Ae. squarrosa* L. (syn. *Ae. tauschii* Coss.) (Kihara, 1944; McFadden i Sears, 1946). Gatunki pszenicy stanowią 3 poziomy ploidalności, tj. diploidalny o genomie *AA*, tetraploidalny o dwóch rodzajach genomów *AABB* i *AAGG* (tylko *T. timopheevii* Zhuk.) i poziom heksaploidalny o dwóch typach genomów *AABBDD* i *AAAAGG* (tylko *T. zhukovskij*). Z tych filogenetycznych powodów istnieje duża homeologia chromosomów pszenicy z gatunkami odległymi taksonomicznie, która wpływa na synapsis z chromosomami obcymi, następnie płodność i stabilność mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych.

Dlatego u pszenicy zwyczajnej *T. aestivum* L. wprowadzono najwięcej genów obcych, ponad 160 genów, które dotychczas zidentyfikowano (Pilch, 2010):

- 43 geny odporności na mączniaka prawdziwego z gatunków: *T. monococcum* L., *T. boeoticum* Boiss., *T. urartu* Tum., *T. dicoccoides* Schweinf., *T. dicoccum* Schubl., *T. carthlicum* Nevski, *T. timopheevii* Zhuk., *T. spelta* L., *Secale cereale* L., *Hordeum spontaneum* L., *Haynaldia villosa* L., *Aegilops squarrosa* L., *Ae. speltooides* Taush., *Ae. tauschii* (Coss) Schmal., *Ae. umbellulata* Zhuk., *Ae. ovata* L., *Ae. longissima* Schweinf. et Musch., *Elymus intermedium* (Host) P.B., *Thinopyrum intermedium* (Host) Barkworth & Devey.
- 45 genów obcych odporności na rdzę brunatną z gatunków: *T. tauschii* (Coss) Schmal, *T. speltooides* Taush., *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccoides* Schweinf., *T. spelta* L., *Aegilops speltooides* Taush., *Ae. umbellulata* Zhuk., *Ae. sharonensis*, *Ae. tauschii* Coss., *Ae. ventricosa* L., *Ae. kotschy* Boiss., *Ae. geniculata* Roth., *Ae. trincialis* L., *Ae. neglecta* Req. ex Bertol., *Ae. peregrina* (Hack. in. J. Fraser) Marie, Weiller, *Agropyron elongatum* (Host) P.B., *Secale cereale* L., *Elymus trachycaulus* L.
- 24 geny odporności na rdzę żółtą z gatunków: *T. monococcum* L., *T. speltooides* Taush., *T. tauschii* (Coss) Schmal., *T. comosa* Sibth et Sm., *T. timopheevii* Zhuk., *T. dicoccum* Schubl., *T. ventricosa* Tausch., *T. araraticum* Jakubz., *Secale cereale* L., *Agropyron elongatum* (Host) P.B., *A. intermedium* (Host) P. B., *Aegilops tauschii* (Coss) Schmal.
- 21 genów odporności na muszkę heską / pryszczarka heskiego *Mayetiola destructor* Say (syn. *Phytophaga destructor* Say) (*Diptera: Cecidomyiidae*) z gatunków: *T. turgidum* L., *T. tauschii* (Coss.) Schmal, *S. cereale* L., *Ae. tauschii* (Coss.) Schmal, *Ae. ventricosa* Tausch., *Ae. trincialis* L.
- 18 genów obcych odporności na rdzę żółtą z gatunków: *T. durum* Desf., *T. dicoccoides* Schweinf., *T. turgidum* L., *T. spelta* L., *Ae. comosa* Sibth. et Sm., *S. cereale* L., *T.*

- ventricosa* Tausch, *Ae. kotschy* Boiss., *Ae. sharonensis* Eig., *Ae. geniculata* Roth, *Ae. neglecta* Req. ex Bertol., *Lophopyrum elongatum* (Host) A. Love
- 3 geny odporności na zieloną pluskwę *Schizaphis graminum* Rond. (syn. *Toxoptera graminum* Rond.) z gatunków *S. cereale* L., *Ae. speltoides* Taush.
 - 2 geny odporności na mozaikowatość powodowaną przez wirusa *Polomyxa graminis* z gatunków *Agropyron intermedium* (Host) P.B., *A. elongatum* (Host) P.B.
 - 1 gen odporności na *Eriophyes tulipae* (syn. *Aceria tulipae* Keifer) z *Agropyron elongatum* (Host) P.B.
 - 1 gen odporności na łamliwość podstawy źdźbła powodowaną przez grzyb *Pseudocercospora herpotrichoides* (Deighton) Fron. (*Tapesia yallunde* Wallwork.) wprowadzony z gatunku *Ae. ventricosa* Tausch.
 - 1 gen odporności na żółtą karłowatość jęczmienia powodowaną przez wirus BYDV z gatunku *A. intermedium* (Host) P.B.
 - 1 gen odporności na *Eriophyes tulipae* (syn. *Aceria tulipae* Keifer) (ang. wheat curl mite) z gatunku *A. elongatum* (Host) P.B.
 - 1 gen odporności na ruską mszycę *Diuraphis noxia* Kurdjumov (Order Homoptera) z gatunku *S. cereale* L.
 - niezidentyfikowane geny odporności na septoriozę kłosów i liści z gatunków *T. monococcum* L., *T. timopheevii* Zhuk., *T. durum* Desf., *S. montanum* Guss., *S. vavilovii* Grossh., *H. vulgare* L., *Ae. tauschii* Coss., *Ae. speltoides* Taush., *Ae. squarrosa* L., *Ae. mutica* L., *Ae. triumvidis* L., *Ae. triuncialis* L., *A. elongatum* (Host) P. B., *Thinopyrum ponticum* Barkworth & Devey
 - geny QTL odporności na *Fusarium* head blight (FHB) z gatunków *T. macha* Dek., *T. dicoccoides* Schweinf. i innych.

W krzyżowaniach pszenicy *T. aestivum* L. z gatunkami *T. monococcum* L., *T. timopheevii* Zhuk., *T. durum* Desf., *S. montanum* Guss., *S. vavilovii* Grossh., *Ae. speltoides* Taush., *Ae. squarrosa* L., *Ae. mutica* L., *Ae. triumvidis* L., *Ae. triuncialis* L., *L. perenne* L., uzyskano odporność kłosów na fuzariozy, septoriozy i helminthosporiozy (Pilch i in., 1992, 1993, 1995, 1999; Pilch i Głowacz, 1997; Pilch 2005 b, c).

W programie hodowli pszenicy zwyczajnej jarej CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo) — Mexico wykorzystano pszenice syntetyczne przez ponad 10 lat do wytwarzania nowych odmian po "zielonej rewolucji" (Ma i in., 1995; Mujeeb-Kazi i in., 1996; Lage i in., 2002, 2003, 2004; Warburton i in., 2006). Tym sposobem wprowadzano odporność na stresy biotyczne i abiotyczne, a nawet wysoką jakość ziarna do materiałów hodowlanych pszenicy zwyczajnej i *durum*. Krzyżowano z nimi co najmniej jeden raz odmiany jare i otrzymano szereg linii pszenicy zwyczajnej i *durum* oraz odmiany do uprawy w programach narodowych krajów rozwijających się.

W pszenicy *durum* *T. dicoccoides* Schweinf. uzyskano w programie hodowli pszenicy *durum* ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) — Syria odporność na rdzę żółtą z gatunków diploidalnych *Ae. speltoides* Taush., *T. urartu* Tum., *T. boeoticum* Boiss. i odporność na rdzę brunatną z gatunków *Ae. speltoides* Taush., *T. boeoticum* Boiss. (Valkoun, 2001).

Tolerancja na stresy abiotyczne

Występują tylko nieliczne przypadki udziału genów gatunków dzikich w tolerancji na abiotyczne stresy. W odmianie grochu włoskiego BG1103 uprawianej w północnych Indiach w 2004 roku wprowadzono geny odporności na suszę (deficyt wody w glebie) i wysoką temperaturę powietrza z gatunku *Cicer reticulatum*. Również w 2004 roku w Syrii w odmianach 6-rzędowych jęczmienia wprowadzono geny odporności na suszę z *H. spontaneum* K. Koch. W Wietnamie i na Filipinach wykorzystano geny ryżu *Oryza rufipogon* Griff. tolerancji na zakwaszenie gleby i *Oryza longistaminata* A. Chev. & Roehrich tolerancji na suszę (Nguyen i in., 2003). W odmianach ziemniaka, geny *L. chilense* i *L. pennellii* wykorzystano do poprawienia odporności na suszę i tolerancji na zasolenie gleby (Rick i Chetelat, 1995). Odmiany słonecznika i bobu wykorzystuje się geny obce tolerancji na zasolenie gleb zwiększające plonowanie o 25% (Miller i Seiler, 2003; Lexer i in., 2004). Odmiany bobu tolerancyjne na niskie temperatury i zasolenie gleby mają geny dzikiego gatunku *Phaseolus* sp. (Bayuelo-Jimenez i in., 2002).

Wzrost plonu

Poprawa jakiegokolwiek z wymienionych cech, szczególnie odporności na choroby, spowodowana genami obcymi przekłada się na wzrost plonowania. Wynika on bowiem z kompensacji wszystkich cech u roślin. U odmiany grochu włoskiego BG1103 uzyskano podwyższenie plonu o 40%, po wprowadzeniu genów odporności na suszę (deficyt wody w glebie) i wysoką temperaturę powietrza. Podobnie, linia TMS kasawy uzyskana z krzyżowania z gatunkiem dzikim plonowała 40% lepiej (Nweke 2004). Znany jest jeden przypadek odmiany ryżu NSICRc112 uprawianej na Filipinach w 2002 roku, którą uzyskano z krzyżowania międzygatunkowego *O. sativa* × *O. longistaminata* o zwiększonym plonowaniu w porównaniu z odmianami zwyczajnymi (Brar 2005). Innym przykładem są pszenice syntetyczne (6x) uzyskane w CIMMYT-Mexico ze skrzyżowania pszenic tetraploidalnych z gatunkiem *Aegilops tauschii*, podwojeniu liczby chromosomów a następnie krzyżowane z odmianami pszenicy zwyczajnej *T. aestivum* L. (Mujeeb-Kazi i in., 1996; Villareal i in., 2001). Uzyskane niektóre linie stały się odmianami uprawianymi w ekstremalnych warunkach, jak wytworzona w 2003 roku w ten sposób, odmiana Chuanmai42 plonująca wyżej o 20–35% w Chinach (CIMMYT, 2004). W odmianach sorga z udziałem niektórych gatunków dzikich występował również wzrost plonu (Wayne i Fredericksen, 2000). Gatunki *Sorghum arundinaceum* Roem. & Schult, *S. propinquum* (Kunth) Hitchcock były dawcami korzystnych genów, jak wczesne dojrzewanie dla odmian uprawianych zwiększających plon ziarna (Jordan i in. 2004). U ryżu w krzyżowaniach z gatunkiem *Oryza rufipogon* ujawniono geny QTL zwiększające plon ziarna w odmianach (Xiao i in., 1996; Moncada i in., 2001).

Programy hodowlane *Phaseolus vulgaris* L. zmierzające do zwiększania plonu poprzez gatunki dzikie z Kolumbii zostały zaproponowane przez Kelly i in. (1998). Zintensyfikowane zostały prace nad wprowadzeniem do pomidora gatunków dzikich, jak *Solanum pennellii* o zielonych owocach doprowadziły do zwiększenia plonu nawet o 50% od odmian zwykłych (Gur i Zamir, 2004).

Wprowadzanie cytoplazmatycznej męskiej sterylności (CMS) i płodność restorerów

Aby produkcja nasion mieszańcowych u pszenicy mogła być opłacalna musi uzyskiwać stabilne i o 10–15% większe plony od odmian konwencjonalnych ze względu na jej koszty (Rajaram, 2001). Dotyczą one sterylizacji pylników i krzyżowego zapylania form matecznych. Do sterylizacji form matecznych stosowane są: (1) systemy genetyczne CMS lub (2) preparaty chemiczne, jak GENESIS (CHA) firmy Monsanto. Stosowanie preparatów chemicznej sterylizacji jest niezwykle skomplikowane i zostało przetestowane w sezonie 1997–1998 na 300 odmianach pszenicy jarej w CIMMYT-Mexico (Rajaram, 2001).

Dlatego zwraca się uwagę na systemy genetyczne CMS, które również mają inne problemy w produkcji mieszańcowej. Geny cytoplazmatyczno-męskiej sterylności (CMS) zidentyfikowano w wielu gatunkach roślin dzikich i znajdują one zastosowanie w wykorzystaniu heterozji mieszańców F_1 w produkcji, głównie nasiennej. Od 1972 roku u słonecznika wykorzystuje się system CMS gatunków dzikich *Helianthus annuus* L. i *H. petiolaris* Nutt. w produkcji przemysłowej nasion mieszańcowych (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986). Aktualnie, 100% produkcji słonecznika w USA i prawie 60-70% produkcji światowej bazuje na tych systemach. U ryżu, 95% mieszańców uprawianych w Chinach pochodzi z krzyżowań wykorzystujących CMS z gatunku dzikiego *Oryza sativa* f. *spontanea* L. (Virmani i Shinjyo, 1988). System ten stosowany jest od 1976 roku a odmiany mieszańcowe zajmuje obszar około 45% uprawy. U prosa, system CMS został zidentyfikowany u gatunku dzikiego *Pennisetum purpureum* Schum. i został użyty w okresie początkowym produkcji nasion mieszańcowych. Seria odmian Tifleaf jest najczęściej uprawiana w Północnej Ameryce i Brazylii (Hanna, 1989). Następna seria odmian Tifleaf 3 realizowana od 1997 roku produkuje 20% więcej paszy niż odmiany standardowe (Hanna i in. 1997). U nikli indyjskiej zidentyfikowano system CMS w 5 gatunkach dzikich, lecz nie znalazły zastosowania w produkcji nasiennej (Saxena i Kumar, 2003).

U zbóż najbardziej zaawansowane prace wystąpiły w hodowli żyta *S. cereale* L., u którego zidentyfikowano systemy CMS. Najbardziej rozpowszechnione to system CMS-Pampa bazujący na cytoplazmie Pampa z dzikiego żyta argentyńskiego (Geiger i Schnell, 1970) i systemy CMS-V cytoplazmy *S. vavilovii* Grossh.: CMS-R (Kobyljanskij 1962, 1969), CMS-C z *S. montanum* Guss. (Łapiński, 1972) oraz system CMS-G (Adolf i Winkel, 1985). Wyodrębniono pierwszą linię (L18) przywracającą płodność mieszańcom z cytoplazmą Pampa, która z powodu słabej wartości cech rolniczych nigdy nie była wykorzystana w programie hodowli. Następne linie wytworzone to: L161, Iran IX, Pico Gentario. System CMS-V okazał się pracochłonny z powodu trudności z wyhodowaniem linii całkowicie męsko sterylnych i dopełniających dlatego w hodowli komercyjnej wykorzystany był system SMS-P. Głównym jednak problemem w hodowli mieszańcowej żyta było zwiększenie męskiej płodności mieszańców poprzez wyhodowanie nowych, bardziej efektywnych restorerów. Obecnie, wysiłek hodowców koncentruje się na doskonaleniu metodyki stosowanej w aktualnie prowadzonych programach hodowli komponentów ojcowskich. Obszerny program hodowlany rozpoczęto w latach 1980 w

Niemczech (Uniwersytet Hohenheim w Stuttgarcie, firmy Hybro, Lochow-Petkus) i w Polsce (IHAR-Radzików, spółki DANKO i Poznańska Hodowla Roślin). Pierwsze mieszańce przewyższały plonem 15–20% odmiany populacyjne żyta. Odmiany wprowadzono do uprawy w Niemczech, Polsce, Szwecji i Finlandii.

U pszenicy *T. aestivum* L. system CMS oparty był na cytoplazmie *T. timopheevii* Zhuk., lecz efekty nie były tak zaawansowane jak u żyta. Podejmuje się również prace nad wykorzystaniem systemu CMS u pszenżyta heksaploidalnego (*X Triticosecale* Wittmack).

Ulepszenia jakości

Pomidor jest klasycznym przykładem ulepszania cech jakości owoców, jakości miąższu, koloru zewnętrznego i wewnętrznego z gatunków dzikich (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986). Geny QTL dotyczące cech wielkości owoców pochodzą z gatunku *L. pimpinellifolium* (Tanksley i McCouch, 1997). U kasawy *Manihot esculenta* Crantz odmiany ICB300 uprawianej w Brazylii uzyskano podwojenie zawartości białka wprowadzone z gatunku *Manihot oligantha* Pax.&K.Hoffm. (Nassar 2003). U odmian pszenicy zwyczajnej również zwiększono zawartość białka w ziarnie z gatunku tetraploidalnego *T. dicoccoides* (Kornicke) G.Schweinfurth (Hoisington i in., 1999).

U pszenżyta (*Triticosecale* Wittmack) odmiany ozimej Krakowiak (MAH2897) zarejestrowanej w Polsce w 2001 roku uzyskano wyraźne zwiększenie liczby opadania wynoszące 171 sek. za lata 1998–2000, tj. przekraczające o +55 sek. wzorzec średni (Tewo+Bogo+Fidelo+Lamberto) (COBORU, 2001). Cecha ta predysponowała tę odmianę do wypieku chleba, i była to pierwsza odmiana pszenżyta ozimego o tak wysokiej jakości ziarna. U chmielu zwiększono zawartość kwasu alfa, ale także i niekorzystnego dla produkcji piwa aromatu, która to cecha wyeliminowała odmianę z produkcji (Prescott-Allen i Prescott-Allen, 1986). U heksaploidalnej syntetycznej pszenicy Carmona, pochodzącej z Hiszpanii zwiększono zawartości cynku i żelaza w ziarnie (CIMMYT, 2004).

W krzyżowaniach pszenicy *T. aestivum* L. z gatunkami obcymi uzyskano 76 linii introgresywnych *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf., *T. aestivum* L. / *T. timopheevii* Zhukov., *T. aestivum* L. / *L. perenne* L., *T. aestivum* L. / *Ae. speltoides* Taush. o ulepszonych wskaźnikach technologicznych ziarna (Pilch i Głowacz, 1997; Pilch i in., 1999; Pilch, 2002, 2003, 2004, 2005 b, c). Wśród nich były 63 linie o zawartości białka klasy E i 13 linii kl. A, 32 linie o wskaźniku sedymentacji klasy E i 34 linie kl. A, 61 linii o liczbie opadania klasy E i 8 linii kl. A, oraz 24 linie o ocenie łącznej 3 wskaźników jakości ziarna grupy E i 36 linii gr. A.

W 15 liniach ozimych introgresywnych pszenicy *T. aestivum* L. / *T. durum* Desf. uzyskano zmienione podjednostki wysokocząsteczkowych glutenin *Glu-1*, które miały związek z wysoką zawartością białka w ziarnie, wysokim wskaźnikiem sedymentacji i wysoką liczbą opadania (Pilch, 2006, 2007 a, b).

PODSUMOWANIE

Od ponad 20 lat kontynuowane są prace nad wykorzystaniem gatunków dzikich (oddalonych taksonomicznie, spokrewnionych) w ulepszaniu roślin uprawianych przez człowieka. Wraz z rozwojem technik uzyskiwania mieszańców, identyfikowania ich i mapowania genów poszerza się zasięg zainteresowania szerszą grupą gatunków dzikich, jak i ulepszaniem innych roślin aniżeli tych kluczowych w żywieniu światowym. Pokonano niemożliwe do tej pory 3 problemy. Pierwszym i największym problemem były biologiczne bariery krzyżowalności gatunków, które stanowiły największą przeszkodę w transferowaniu obcych genów. Krzyżowanie soi z gatunkami *Glycine*, jak *G. tomentella* były niemożliwe, podobnie jak krzyżowanie cowpea z gatunkiem *Vigna vexillata*. Również krzyżowania odmian z gatunkami rodzaju *Cicer* sp. były niemożliwe, jedynie udawały się z dwoma gatunkami, tj. *C. echinospermum*, *C. reticulatum*. Techniki transplantacji embrionów zostały jednak dostosowane już prawie do wszystkich gatunków a pokonywanie barier krzyżowalności nie stanowi problemu w krzyżowaniach międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Umożliwia to wykorzystanie 2. i 3-puli genowej gatunków. Kolejnym problemem było utrzymywanie się przez wiele generacji niekorzystnych po gatunkach dzikich cech, tzw. „dzikość pokroju/fenotypu”. Obecnie zamiast kolchicynowania mieszańców F₁ i niekorzystnych jego następstw stosuje się przeważnie krzyżowania introgresywne (BC) i selekcję eliminując fenotypową „dzikość” mieszańców trudną do wyeliminowania przez wiele generacji. Kolejnym i trzecim problemem była niestabilność mitotyczna i mejotyczna mieszańców oraz ustawiczna rozszczepialność cech. Wprowadzana jest coraz częściej w hodowli mieszańców dihaploidyzacja przyspieszająca homozygotyzację cech i umożliwiającą szybką selekcję cech korzystnych w liniach DH oraz stabilność chromosomową.

Dotychczasowe efekty transferowania cech z gatunków dzikich do odmian uprawnych stały się zachętą dla programów hodowlanych. Świadczy o tym ogromna literatura obejmująca setki tysięcy pozycji, utworzenie banków genów, oddziałów / instytutów krzyżowań oddalonych i programów badawczych o międzynarodowym zasięgu. W 1996 roku, 4 czasopisma reprezentujące genetykę rolniczą, tj. *Crop Science*, *Plant Breeding*, *Euphytica* i *Theoretical and Applied Genetics* opublikowały w 859 pracach informacje o 112 gatunkach w zakresie wykorzystania genetycznego zróżnicowania (42% prac), odporności na stresy biotyczne (29% prac), analiz filogenetycznych (16% prac), oraz cytogenetyki, molekularnych markerów i kolekcje genów (Dudnik i in., 2001). W centrach CGIAR (ang. Consultative Group on International Agricultural Research) utrzymuje się ponad 600 tysięcy biotypów gatunków i ponad 6 mln w różnych instytutach 170 krajów na świecie (Dudnik i in., 2001).

Do selekcji cech korzystnych opracowano setki markerów molekularnych, w tym MBS (Marker-Based Selection) i MAS (Marker-Assisted Selection) markery o najwyższej powtarzalności.

W transferowaniu brane są pod uwagę coraz to nowsze cechy ze względu na poszerzanie się wiedzy genetycznej na ich temat. W grupie transferowania cech nadal najważniejszą rolę będzie odgrywać odporność na choroby powodowane przez grzyby, bakterie, wirusy,

jak i owady, albowiem mają one bezpośrednie i najmocniejsze przełożenie na podwyższanie plonu. Takie działanie wymuszać będzie także ekologia środowiska, jak i żywności. Wysoka specjalizacja i doskonalenie się czynników chorobotwórczych wymusza stosowanie coraz silniejszych preparatów chemicznych, przez co uprawa z ich udziałem znacznie obniża opłacalność ekonomiczną, wydłuża okres karencji spożycia.

Od ponad 10 lat hodowcy na świecie wolą poszukiwać korzystne cechy związane z gatunkami dzikimi, aniżeli szukać ich w gatunkach uprawianych "wyeksploatowanych genetycznie" (Tanksley i McCouch, 1997). Niechęć hodowców wynika z tego, iż gatunki dzikie mają (1) słaby plon, (2) słabą jakość, (3) trawiasty pokrój, które to cechy komplikują ich wykorzystanie w pracach hodowlanych. Obecnie jednak zwracają uwagę na cechy warunkowane pojedynczymi genami, jak odporność na choroby, karłowatość, które można łatwiej przenosić i selekcjonować w połączeniu z fenotypem odmiany ulepszanej.

Rajaram, jeden z głównych hodowców pszenicy w CIMMYT w Meksyku, ośrodka "zielonej rewolucji dr. Normana E. Borlauga", określając wizję produkcji i hodowli pszenicy w XXI wieku przewiduje duży udział naturalnych źródeł, biotechnologii, manipulowania translokacjami z *S. cereale* L., transgenów, markerów molekularnych-MAS, -MBS, di-haploidyzacji (Rajaram, 2001). W ocenie postępu hodowli w CIMMYT w latach 1973–1996 podkreślił zasługi trzech działań hodowców, w tym wprowadzenia genu *Lr 19* do odmian uprawnych. Gen ten występuje u pszenicy na chromosomie *7DL* i wprowadzony został z gatunku *Agropyron elongatum* (Host) P. B. (Sharma i Knott, 1966). W CIMMYT wprowadzono go w 1980 roku, najpierw do odmiany Bluebird 2 (Yecora 70), a następnie przeniesiono do odmian Oasis 89, Angostura +, Bacanora +, Borlaug+, Star+, Seri+. W odmianach tych gen *Lr 19* miał wpływ na wzrost plonu (porównania z odmianami rodzicielskimi) i powodował żółtą barwę mąki.

Rajaram i Borlaug (1997) podkreślają, iż w okresie "zielonej rewolucji" ogromną rolę w stabilizacji plonu odegrały 3 elementy: gen *Sr2*, geny karłowatości i odporność na wyleganie. Gen *Sr2* warunkujący odporność na rdzę żdźbłową wprowadzony został z pszenicy tetraploidalnej *T. dicoccum* Schubl. odmiany Yaroslav przez McFadden (1930).

Również translokacje 1B/1R *S. cereale* L. odegrały istotną rolę w tej hodowli, w adaptacji do skrajnych warunków poprzez tolerancję na suszę, dużą biomasę i lepszą zawartość fosforu (Villareal i in., 1995). Na bazie krzyżowania odmian Nacozari/Seri82 wytworzono w CIMMYT 28 lini translokacyjnych 1BL/1RS. Translokacja 1BL/1RS powodowała wzrost plonu ziarna z hektara, wzrost biomasy, wzrost liczby ziarna z kłosa, wzrost masy 1000 ziarn (istotne statystycznie). Wytworzona odmiana Veery z translokacją 1BL/1RS łączyła wysoki plon i adaptację do marginalnych warunków uprawy przez wysoką odporność na suszę (Rajaram, 2001). Do 1990 roku wytworzono w CIMMYT wiele odmian translokacyjnych pszenicy przystosowanych do uprawy w rejonach suszy.

LITERATURA

- Adolf K., Winkel A. 1985. A new source of spontaneous sterility in winter rye — preliminary results. Proc. Eucarpia Meeting of the Cereal Section on Rye, Svalov, Sweden: 293 — 306.
- Aghaee-Sarbarzeh M., Singh H., Dhaliwal H. S. 2008. A microsatellite marker linked to leaf rust resistance transferred from *Aegilops triuncialis* into hexaploid wheat. Plant Breed. 120, 3: 259 — 261.
- Anderson E. 1949. Introgressive hybridization. London: Chapman and Hall: 1 — 49.
- Anderson E., Hubricht L. 1938. Hybridization in *Tradescantia*. III. The evidence for introgressive hybridization. Am. J. Bot. 25: 396 — 492.
- Barclay A. 2004. Feral play: Crop scientists use wide crosses to breed into cultivated rice varieties the hardiness to their Wild kin, Rice Today, January 2004: 14 — 19.
- Bayuelo-Jimenez J. S., Debouck D. G., Lynch J. P. 2002. Salinity tolerance in *Phaseolus* species during early vegetative growth. Crop Sci. 42: 2184 — 2192.
- Boguslavski R. L. 1978. Spontannaja guibridizatzia u vidov roda *Aegilops* L. v uslovijah yuzhnogo Dagestan. (in Russia) Bull. VIR 84: 65 — 68.
- Brar D., Kush G. 1997. Alien introgression in rice. Plant Mol. Biol. 35: 35 — 47.
- Brar D. 2005. Broadening the gene pool and exploiting heterosis in cultivated rice. In: Rice is life: scientific perspectives for the 21st Century. Proc. of the World Rice Res. Conf., Tokyo and Tsukuba, Japan, Nov. 4–7, 2004. (Eds: Toriyama K. Heong K.L., Hardy B.): 59 — 72.
- Chen P. D., Tsujimoto H., Gill B. S. 1994. Transfer of *Ph¹* genes promoting homoeologous pairing from *Triticum speltoides* to common wheat. Theor. Appl. Genet. 88: 97 — 101.
- Ciaffi M., Dominici L., Umana E., Tanzarella O. A., Porceddu E. 2000. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) for protein disulfide isomerase (PDI) gene sequences i *Triticum* and *Aegilops* species. Theor. Appl. Genet. 101: 220 — 226.
- CIMMYT 2004. Wild Wheat Relatives Help Boost Genetic Diversity. (Ed. CIMMYT — Mexico, El Batan): 1 — 159.
- COBORU. 2001. Wstępne wyniki plonowania odmian ozimych w doświadczeniach rejestrowych. (Red. E. Gacek, COBORU, Słupia Wielka) zesz. 15: 7 — 28.
- Crute I. R. 1992. From breeding to cloning (and back again ?): a case study with lettuce downy mildew. Ann. Rev. Phytopathol. 30: 485 — 506.
- Dewey D. R. 1984. The genomic system of classification as a quid to intergeneric hybridization with the perennial *Triticeae*. (In J. P. Gustafson, Ed. Gene manipulation in plant improvement, New York USA, Plenum Press): 209 — 279.
- Dover G. A., Riley R. 1972. Prevention of pairing of homoeologous meiotic chromosomes of wheat by an activity of supernumerary chromosomes of *Aegilops*. Nature Lond. 240: 159 — 161.
- Dudnik N. S., Thormann I., Hodgkin T. 2001. The extent of use of plant genetic resources in research — a literature survey. Crop Sci. 41: 6 — 10.
- Eenink A. H., Groenwold R., Dieleman F. I. 1982. Resistance of lettuce (*Lactuca*) to the leaf aphid *Nasonovia ribisnigri*. I. Transfer of resistance from *L. virosa* to *L. sativa* by interspecific crosses and selection of resistant breeding lines. Euphytica 31: 291 — 300.
- Escalant J., Sharrock S., Frison E. 2002. The genetic improvement of *Musa* using conventional breeding and modern tools of molecular and cell biology. International Network for the Improvement of Banana and Plantain: 38 — 51.
- Evans G. M., Macefield A. J. 1973. The effect of B chromosomes on homoeologous pairing in species hybrids. 1. *Lolium temulentum* × *Lolium perenne*. Chromosoma 41: 63 — 73.
- Falk D. E., Kasha K. J. 1981. Comparison of the crossability of rye (*Secale cereale*) and *Hordeum bulbosum* on to wheat (*Triticum aestivum*). Can. J. Genet. Cytol. 23: 81 — 88.
- Fedak G., Jui P. Y. 1982. Chromosomes of Chinese Spring wheat carrying genes for cross ability with Betzes barley. Can. J. Genet. Cytol. 24: 227 — 233.
- Forster B., Miller T. E. 1985. A 5B deficient hybrid between *Triticum aestivum* and *Agropyron juniceum*. Cer. Res. Comm. 13: 93 — 95.

- Geiger H. H., Schnell F. W. 1970. Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). Crop Sci. 10: 590 — 593.
- Gill B. S., Huang L., Kuraparthi V., Raupp W. J., Wilson D. L., Friebe B. 2008. Alien genetic resources for wheat leaf rust resistance, cytogenetic transfer, and molecular analysis. Australian J. of Agricultural Research 59 (3): 197 — 2005.
- Godron D. A. 1854. De la fecondation naturelle et artificielle des *Aegilops* par le *Triticum*. (In French) Am. Sci. Nat. 3: 215 — 222.
- Gotsov K., Panayotov I. 1972. Natural hybridization of male sterile lines of common wheat × *Ae. cylindrical* Host. Wheat Inf. Serv. 33/34: 20 — 21.
- Guadagnuolo R., Savova-Bianchi D., Felber F. 2001. Gene flow from wheat (*Triticum aestivum* L.) to joined goat grass (*Aegilops cylindrica* Host.) as revealed by RAPD and microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 103: 1 — 8.
- Gur A., Zamir D. 2004. Unused natural variation can lift yield barriers in plant breeding. PLOS Biol. 2: 1610 — 1615.
- Hajjar R., Hodgkin T. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: A survey of development over the last 20 years. Euphytica 156: 1 — 13.
- Hanna W. W. 1989. Characteristics and stability of a new cytoplasmic-nuclear male sterile source in pearl millet. Crop Sci. 29: 1457 — 1459.
- Hanna W. W., Hill G. M., Gates R. N., Wilson J. P., Burton G. W. 1997. Registration of Tifleaf 3 pearl millet. Crop Sci. 37: 1388.
- Hartel K. D., Berzonsky W., A., Kianian S. F., Ali S. 2008. Expression of a *Triticum turgidum* var. *dicoccoides* source of *Fusarium* head blight resistance transferred to synthetic hexaploid wheat. Plant Breed. 123, 6: 516 — 519.
- Hazen S. P., Leroy P., Ward R. W. 2002. AFLP in *Triticum aestivum* L.: patterns of genetic diversity and genome distribution. Euphytica 125: 89 — 102.
- He R., Chang Z., Yang Z., Yuan Z., Zhan H., Zhang X., Liu J. 2009. Inheritance and mapping of powdery mildew resistance gene *Pm43* introgressed from *Thinopyrum intermedium* into wheat. Theor. Appl. Genet 118: 1173 — 1180.
- Hegde S. G., Waines J. G. 2004. Hybridization and introgression between bread wheat and wild and weedy relatives in North America. Crop Sci. 44: 1145 — 1155.
- Hoisington D., Khairallah M., Reeves T., Ribaut J. M., Skovmand B., Taba S., Warburton M. 1999. Plant genetic resources; what can they contribute towards increased crop productivity? PNAS 96: 5937 — 5943.
- Jauhar P. P. 1995. Morphological and cytological characteristics of some wheat × barley hybrids. Theor. Appl. Genet. 90: 872 — 877.
- Jordan J., Butler D., Henzell B., Drenth J., McIntyre L. 2004. Diversification of Australian sorghum using wild relatives, New Directions for a Diverse Planet: Proc. of the 4th Int. Crop Sci. Congress, Brisbane, Australia 26 Sept. 1 Oct, 2004): 324.
- Kelly J. D., Kolkman J. M., Schneider K. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 102: 343 — 356.
- Kihara H. 1944. Discovery of the DD-analyser, one of the ancestors of *vulgare* wheats. Agric. Hort. 19: 13 — 14.
- Kimber G., Abu-Baker M. 1979. A wheat hybrid information system. Cer. Res. Comm. 7: 237 — 260.
- Kobyljanskij V. D. 1962. Javlenie muzhskoj sterilnosti u rzi. Sel. i Semen. 3: 71 — 72.
- Kobyljanskij V. D. 1969. K genetike cytoplazmaticzeskoj muzhskoj sterilnosti u ozimoj rzi. Genetika 9: 43 — 46.
- Krolow K. D. 1970. Untersuchungen über die Kreuzbarkeit zwischen Weizen und Roggen. Z. Pflanzenzüchtg 64: 44 — 72.
- Lage J., Warburton J., Crossa B., Skovmand B., Anderson S. B. 2003. Assessment of genetic diversity in synthetic hexaploid wheats and their *Triticum dicoccum* and *Aegilops tauschii* parents using AFLPs and agronomic traits. Euphytica 134: 305 — 317.

- Lage J., Skovmand B., Anderson S. B. 2002. Expression and suppression of resistance to greenbug (*Homoptera: Aphididae*) in synthetic hexaploid wheats derived from *Triticum dicoccum* × *Aegilops tauschii* crosses. J. Econ. Ent. 96: 202 — 206.
- Lage J., Skovmand B., Anderson S. B. 2004. Field evaluation of emmer wheat derived synthetic hexaploid wheats for resistance to Russian wheat aphid (*Homoptera: Aphididae*). J. Econ. Ent. 97: 1065 — 1070.
- Lein A. 1943. Die genetische Grundlage der Kreuzbarkeit zwischen Weizen und Roggen. Z. Vererbungsl. 81: 28 — 61.
- Lelley T. 1976. The effect of supernumerary chromosomes of rye on homoeologous pairing in hexaploid wheat. Z. Pflanzenzüchtg. 77: 281 — 285.
- Lexer C., Lai Z., Rieseberg L. H. 2004. Candidate gene polymorphisms associated with salt tolerance in wild sunflower hybrids: implications for the origin of *Helianthus paradoxus*, a diploid hybrid species. New Phytol. 161: 225 — 233.
- Love S. 1999. Founding clones, major contributing ancestors and exotic progenitors of prominent North America on potato cultivars. Am. J. Potato Res. 76: 263 — 272.
- Łapiński M. 1972. Cytoplasmatic - genic type of male sterility in *Secale montanum* Guss. Wheat Interv. Kyoto 35: 25 — 28.
- Ma H., Singh R. P., Mujeeb-Kazi A. 1995. Resistance to strip rust in *Triticum turgidum*, *T. tauschii* and their synthetic hexaploids. Euphytica 82: 117 — 124.
- Marais G. F., McCallum B., Marais A. S. 2008. Wheat leaf rust resistance gene *Lr59* derived from *Aegilops peregrina*. Plant Breed. 127, 4: 340 — 345.
- Marais F., Marais A., McCallum B., Pretorius Z. 2009. Transfer of leaf rust and stripe rust resistance genes *Lr62* and *Yr42* from *Aegilops neglecta* Req. ex Bertol. to common wheat. Crop Sci. 49: 871 — 879.
- Maurashi T., Skoog F. 1962. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. Physiol. Plant. 15: 473 — 497.
- McFadden E.S. 1930. A successful transfer of emmer characters to vulgare wheat. Agron. J. 22: 1020 — 1034.
- McFadden E. S., Sears E. R. 1946. The origin of *Triticum spelta* and its free threshing hexaploid relatives. J. Hered. 3: 81 — 89, 107 — 116.
- Miedaner T., Wilde F., Korzun V., Ebmeyer E. 2008. Phenotypic selection for high resistance to *Fusarium* head blight after introgression of quantitative trait loci (QTL) from exotic spring wheat and verification by simple sequence repeat markers *a posteriori*. Plant Breed. 127, 3: 217 — 221.
- Miller J. F., Seiler G. J. 2003. Registration of five oilseed maintainer (HA429-HA433) sunflower germplasm lines. Crop Sci. 43: 2313 — 2314.
- Moncada P., Martinez C., Borrero J., Chatel M., Gauch Jr. H., Guimares E., Tohme J., McCouch S. 2001. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa* × *Oryza rufipogon* BC2F2 population evaluated in an upland environment. Theor. Appl. Genet. 102: 41 — 52.
- Morrison L. A., Riera-Lizarazu O., Cremieux L., Mollory-Smith C. A. 2002. Jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica* Host) × wheat (*Triticum aestivum* L.) hybrids: Hybridization dynamics in Obregon wheat fields. Crop Sci. 42: 1863–1872.
- Mujeeb-Kazi A., Rosas V., Roldan S. 1996. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh (*Aegilops squarrosa* auct. non. L.) in synthetic hexaploid wheats (*T. turgidum* L. s. lat. × *T. tauschii*; 2n = 6x = 42, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement. Genet. Res. Crop. vol. 43: 129 — 134.
- Nassar N. M. A. 2003. Cassava *Manihot esculenta* Crantz genetic resources: VI. Anatomy of a diversity center. Genet. Mol. Res. 2: 214 — 222.
- National Potato Council. 2003. Potato statistics: Seed certification, approved acreage, Varieties planted and production (Ed. National Potato Council, USA): 1 — 169.
- Nguyen B., Brar D., Bui B., Nguyen T., Pham L., Nguyen H. 2003. Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source *Oryza rufipogon* Griff. into rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 106: 583 — 593.
- Nweke F. 2004. New Challenges in the Cassava Transformation in Nigeria and Ghana. Environment and Production Technology Division. Intern. (Ed. Food Policy Res. Inst., Washington, USA): 1 — 253.

- Pilch J., Wałag H., Karkoszka U. 1992. Możliwości wykorzystania mieszańców międzygatunkowych i międzyrodzajowych w hodowli pszenicy jarej. Biul. IHAR 181/182: 47 — 51.
- Pilch J., Głowacz E., Kubara-Szpunar Ł. 1993. Usefulness of some interspecific and intergeneric hybrids *T.aestivum* L. in breeding for resistance of hexaploid winter wheat. Biul. IHAR. 187: 7 — 12.
- Pilch J., Głowacz E., Kubara-Szpunar Ł., Gajda Z. 1995. Mieszańce oddalone *Triticum aestivum* L. jako źródła odporności na choroby kłosa. Biul. IHAR 194: 159 — 167.
- Pilch J., Głowacz E. 1997. Międzygatunkowe i międzyrodzajowe krzyżowania jako sposób ulepszania cech kłosa i ziarna w hodowli pszenicy heksaploidalnej *Triticum aestivum* L. Biul. IHAR 204: 15 — 31.
- Pilch J., Cygankiewicz A., Głowacz E. 1999. Wartość wypiekowa ziarna mieszańców pszenicy pochodzących z krzyżowań międzygatunkowych i międzyrodzajowych. Biul. IHAR 210: 71 — 83.
- Pilch J. 2002. Wartość technologiczna introgressywnych form pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 223/224: 95 — 109.
- Pilch J. 2003. Wpływ genomów A, B *Triticum durum* Desf. na wartość technologiczną ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Biul. IHAR 230: 43 — 54.
- Pilch J. 2004. Wykorzystanie hybrydyzacji introgressywnej w podwyższaniu wartości technologicznej ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Pam. Puł. 135: 247 — 257.
- Pilch J. 2005 a. Możliwości wykorzystania krzyżowania introgressywnego w hodowli pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Część I. Zastosowanie systemów genetycznych pszenicy *T.aestivum* L. do otrzymania mieszańców pomostowych F₁. Biul. IHAR 235: 31—41.
- Pilch J. 2005 b. Możliwości wykorzystania krzyżowania introgressywnego w hodowli pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. Część II. Efektywność w ulepszaniu cech kłosa i jakości ziarna. Biul. IHAR 235: 43—55.
- Pilch J. 2005 c. Genetyczne możliwości ulepszania jakości ziarna pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L. w efekcie hybrydyzacji introgressywnej z *Triticum durum* Desf. Biul. IHAR 236: 5 — 15.
- Pilch J. 2006. Allelic variation at high molecular weight glutenin loci associated with superior breadmaking characteristics in hexaploid introgressives of *Triticum aestivum* L. and *Triticum durum* Desf. Plant Breed. Seed Sci. 54: 39 — 52.
- Pilch J. 2007 a. Efektywność introgresji genów Glu-1 wysokocząsteczkowych glutenin w zwiększaniu wartości wypiekowej ziarna zbóż — przegląd literatury. Biul. IHAR 243: 25 — 45.
- Pilch J. 2007 b. Improving grain quality in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) by introgression alien HMW glutenin genes from tetraploid *Triticum* and diploid *Aegilops* species. Plant Breed. Seed Sci. 56: 3 — 30.
- Plucknett D., Smith N., Williams J., Murthi N. 1987. Gene Banks and the World's Food. (Eds Plucknett, Smith, Williams Murthi, Princeton University Press, Princeton, NJ): 1 — 98.
- Prescott-Allen C., Prescott-Allen R. 1986. The First Resource: Wild Species in the North American Economy. (Eds: Prescott-Allen C. and Prescott-Allen, Yale Univ., New Haven): 1 — 112.
- Prescott-Allen C., Prescott-Allen R. 1988. Genes from the wild: using wild genetic resources for food and raw materials. (Eds: Prescott-Allen C. and Prescott-Allen, Int. Inst. For Environment and Development, London): 1 — 123.
- Qi L. L., Pumphrey M. O., Friebe B., Chen P. D., Gill B. S. 2008. Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to *Fusarium* head blight disease of wheat. Theor. Appl. Genet. 117: 1155 — 1166.
- Qu L. J., Foote T. N., Roberts M. A., Money T. A., Aragon-Alcaide L., Snape J. W., Moore G. 1998. A simple PCR-based method for scoring the *ph1b* deletion in wheat. Theor. Appl. Genet. 96: 371 — 375.
- Price H. J., Hodnett G. L., Burson B. L., Dillon S. L., Rooney W. I. 2005. A *Sorghum bicolor* × *S. acrosperrum* hybrid recovered by embryo rescue and culture. Aust. J. Botany 53: 579 — 583.
- Rajaram S. 2001. Prospects and promise of wheat breeding in the 21st century. Euphytica 119: 3 — 15.
- Rajaram S., Borlaug N. E. 1997. Approaches to bread wheat for wide adaptation, field potential, rust resistance and drought tolerance. In Proceedings of Primer Simposio Internacional de Trigo. Cd. Obregon, 7–9 April, 1997: 43 — 67.
- Rao N., Reddy L., Bramel P. 2003. Potential of wild species for genetic enhancement of some semi-arid food crops. Genet. Resour. Crop Evol. 50: 707 — 721.
- Rick C., Chetelat R. 1995. Utilization of related wild species for tomato improvement. First Intern. Symp. on *Solanacea* for Fresh Market. Acta Hort. 412: 21 — 38.

- Riggs R. D., Wang S., Singh R. J., Hymovitz T. 1998. Possible transfer of resistance to *Heterodora glycine* from *Glycine tomentella* to *Glycine max*. J. Nematol 30: 547 — 552.
- Riley R., Chapman V. 1958. Genetic control of the cytological diploid behavior of hexaploid wheat. Nature 182: 713 — 715.
- Riley R., Kimber G., Chapman V. 1961. Origin of genetic control of diploid like behavior of polyploidy wheat. J. Hered. 52: 22 — 25.
- Riley R., Chapman V. 1967. The inheritance in wheat of crossability with rye. Genet. Res. 9: 259 — 267.
- Riley R., Chapman V., Miller T.E. 1973. The determination of meiotic chromosome pairing. Proc. 4th Int. Wheat Genet. Symp. Univ. Columbia. MO.: 731 — 738.
- Romero C., Lacadena J. R. 1980. Interaction between rye B-chromosomes and wheat genetic systems controlling homoeologous pairing. Chromosoma (Berl.) 80: 33 — 48.
- Ross H. 1986. Potato breeding problems and perspectives. Adv. in Plant Breeding: 133.
- Taira T., Larter E., N. 1978. Factors influencing development of wheat-rye-hybrid embryos *in vitro*. Crop Sci. 18: 348 — 350.
- Ter-Kuile N., Nabors M., Mujeeb-Kazi A. 1988. Callus culture induced amphiploids of *Triticum aestivum* and *T.turgidum x Aegilops variabilis* F1 hybrids: production, cytogenetics and practical significance. In 80th Ann. Meet. Am. Soc. Agron. Abstr.: 98.
- Sasanuma T., Chabane K., Endo T.R., Valkoun J. 2002. Genetic diversity of wheat wild relatives in the Near East detected by AFLP. Euphytica 127: 81 — 93.
- Saxena K. B., Kumar R. V. 2003. Development of a cytoplasmic male sterility system in pigeonpea using *C. scarabaeoides* (L.) Thouars. Indian J. Genet. Pl Br 63: 225 — 229.
- Sears E. R. 1954. The systematic, cytology and genetics of wheat. Res. Bull. Mis. Agric. Exptl. Stat. 572: 1 — 58.
- Sears E. R. 1977. An induced mutant with homoeologous pairing in common wheat. Can. J. Genet. Cytol. 19: 585 — 593.
- Sears E. R. 1981. Transfer of alien genetic material to wheat. In: Evans I. T., Peacock W. I. (eds). Wheat science today and tomorrow. Cambridge Univ. Press. UK: 75 — 89.
- Sears E. R. 1982. A wheat mutation conditioning an intermediate level of homoeologous chromosome pairing. Can. J. Genet. Cytol. 24: 715 — 719.
- Seiler G., Gulya T. 2004. Exploration for wild *Helianthus* species in North America; challenges and opportunities in the search for global treasures. 16th Intern. Sunflower Conf., Fargo, (ND) 1: 43 — 68.
- Sharma D., Knott D. R. 1966. Transfer of leaf rust resistance from *Agropyron* to *Triticum* by irradiation. Can. J. Genet. Cytol. 8: 137 — 143.
- Sharma H. C. 1995. How wide can a wide cross be? Euphytica 82: 43 — 64.
- Sharma H. C., Gill B. S. 1986. The use of *ph1* gene in direct transfer and search for *Ph*-like genes in polyploidy *Aegilops* species. Z. Pflanzenzüchtg. 96: 1 — 7.
- Singh S. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars. Crop Sci. 41: 918.
- Simpson C., Starr J. 2001. Registration of "COAN" bean. Crop Sci. 41: 918.
- Tanaka M. 1954. Spring and winter growing habit of *Aegilops* and *Triticum*. Wheat Inf. Serv. 1: 18.
- Tunksley S., McCouch S. 1997. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. Science 277: 1063 — 1066.
- Valkoun J. J. 2001. Wheat pre-breeding using wild progenitors. Euphytica 119: 17 — 23.
- Villareal R. L., Sayre K., Banuelos O., Mujeeb-Kazi A. 2001. Registration of four synthetic hexaploid wheat (*Triticum turgidum/Aegilops tauschii*) germplasm lines tolerant to water logging. Crop Sci., 41: 274.
- Villareal R. L., del Toro E., Mujeeb-Kazi A., Rajaram S. 1995. The 1B/1RS chromosome translocation effect on yield characterization in a *Triticum aestivum* L. cross. Plant Breeding 114: 497 — 500.
- Virmani S., Shinjyo C. 1988. Current status of analysis and symbols for male sterile cytoplasm's and fertility restoring genes. Rice Genet. Newsl. 5: 9 — 15.
- Vuylsteke D. R., Swennen R. I., Ortiz R. 1993. Development and performance of black sigatoka resistant tetraploid hybrids of plantain (*Musa* spp. AAB group). Euphytica 65: 33 — 42.

- Warburton M. L., Crossa J., Franco J., Kazi M., Trethowan R., Rajaram S., Pfeiffer W., Zhang P., Dreisigacker S., van Ginkel M. 2006. Bringing wild relatives back into the family: recovering genetic diversity in CIMMYT improved wheat germplasm. *Euphytica* 149: 289 — 301.
- Wayne S. C., Fredericksen R. 2000. Sorghum: Origin, history, technology and production. (Eds. John Willey and Sons): 824.
- Wilson J. P., Gates R. N., Hanna W. W. 1991. Effect of rust on yield and digestibility of pearl millet forage. *Phytopathology* 81: 233 — 236.
- Wilson J. P., Gates R. N. 1993. Forage yield losses in hybrid pearl millet due to leaf blight caused primarily by *Pyricularia grisea*. *Phytopathology* 83: 739 — 743.
- Xiao J., Grandillo S., Sang N., McCoach S., Tanksley S. 1996. Genes from wild rice improve yield. *Nature* 384: 223 — 224.
- Zaharieva M., Monneveux P. 2006. Spontaneous hybridization between bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and its wild relatives in Europe. *Crop Sci.* 46: 512 — 527.
- Zemetra R. S., Hansen J., Mallory-Smith C. A. 1998. Potential for gene transfer between wheat (*Triticum aestivum* L.) and jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*). *Weed Sci.* 46: 313 — 317.

TADEUSZ OLEKSIK

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Radzików

Czynniki warunkujące poziom plonowania pszenicy ozimej w produkcji towarowej Część I. Zmiany w latach 1986–2010

Factors determining yield level of winter wheat in commercial production Part I. Changes in years 1986–2010

Na podstawie wyników badań ankietowych gospodarstw, przedstawiono zmiany plonowania pszenicy ozimej w warunkach produkcji towarowej. Przedstawiono główne czynniki wpływające na wielkość uzyskiwanych plonów. Chemiczna ochrona przed chorobami, nawożenie azotowe i jakość gleby przeznaczanej pod uprawę to główne czynniki agrotechniczne decydujące o plonie pszenicy ozimej. Postęp biologiczny, czyli nowe odmiany i kwalifikowany materiał siewny, również należą do głównych czynników wzrostu plonowania. Wykorzystanie potencjału plonowania było lepsze niż średnia dla kraju, ale wciąż niezadowalające. Następuje stały wzrost nawożenia i intensywności ochrony chemicznej a rosnący udział pszenicy ozimej w powierzchni zasiewów sprawia, że jest ona coraz częściej uprawiana także na gorszych stanowiskach wcześniej przeznaczonych pod uprawę żyta.

Słowa kluczowe: agrotechnika, plony, postęp biologiczny, produkcja towarowa, pszenica ozima

Based on the results of surveys of farms, changes of winter wheat yielding in the conditions of commercial production were shown. The main factors affecting the size of obtained yields are presented. Chemical protection against diseases, nitrogen fertilization and soil quality allocated under cultivation are the main agronomic technology factors determining the yield of winter wheat. Biological progress, namely new varieties and certified seed are also among the main factors of yield increase. Realizing the potential of yield was better than national average, but still was unsatisfactory. There is a steady increase of fertilization and chemical protection intensity and growing share of winter wheat sown area makes it is also cultivated on worse stands previously used to rye cultivation.

Key words: biological progress, commercial production, production technology, winter wheat, yields

WSTĘP

W praktyce rolniczej plon jest kształtowany przez wiele wzajemnie na siebie oddziałujących czynników agrotechnicznych i siedliskowych. Są one badane szczegółowo w doświadczeniach ścisłych natomiast stosunkowo rzadko podejmowane są próby

kompleksowej oceny czynników, oparte na danych produkcyjnych (Krzymuski i Laudański, 1992; Krzymuski i in., 1993; Harasim i Matyka, 2005, 2009).

Na podstawie wyników badań ankietowych prowadzonych w gospodarstwach, przedstawiono jak zmieniały się plony pszenicy ozimej oraz główne czynniki agrotechniczne wpływające na ich wysokość; intensywność ochrony chemicznej przed chorobami, nawożenie, przedplon i jakość gleby przeznaczanej pod uprawę.

W miarę wyczerpywania się możliwości wzrostu plonowania poprzez intensyfikację agrotechniki, zwiększa się znaczenie postępu biologicznego, czyli tworzenia i upowszechniania odmian o wyższej wartości użytkowej, lepiej dostosowanych do warunków środowiska, umożliwiających pełniejsze wykorzystanie naturalnych warunków przyrodniczych. Dlatego przedstawiono również efekty i wykorzystanie czynników decydujących o postępie biologicznym w produkcji; stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego i wprowadzanie do uprawy coraz plenniejszych odmian.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowią wyniki, prowadzonych w latach 1986–2003 i 2008–2010, badań ankietowych gospodarstw rolnych. Względy finansowe i organizacyjne były powodem zawieszenia badań w latach 2004–2007. W I serii badań, w latach 1986–2003, ankietowano gospodarstwa losowo wybrane spośród gospodarstw prowadzących rachunkowość rolniczą na potrzeby badań rynkowych prowadzonych w Instytucie Ekonomiki i Gospodarki Żywnościowej (IERiGŻ). Druga, nieznacznie rozszerzona pod względem zakresu zbieranych danych seria badań ankietowych, rozpoczętych w 2008 jest prowadzona w zakresie pozwalającym na porównywanie uzyskiwanych danych z danymi z I serii z lat 1986–2003. Zbierano i analizowano dane ze wszystkich województw, pochodzące łącznie z 9735 pól o łącznej powierzchni 20765 hektarów. Ankietowano gospodarstwa, dostarczające IERiGŻ informacji do Sieci Danych Rachunkowych z Gospodarstw Rolnych (FADN). W polu obserwacji systemu FADN znajdują się gospodarstwa towarowe, które wytwarzają około 90% wartości standardowej produkcji w danym regionie lub kraju. W latach 2008–2010 zebrano dane z 9761 hektarów dotyczące 83 odmian znajdujących się w Rejestrze (uprawiane na 81,3% powierzchni) i 25 odmian z Katalogu Wspólnotowego (uprawiane na 10% powierzchni). Pszenice odmian określonych jako nieznane krajowe stanowiły 3,7%, a nieznane zagraniczne 5% powierzchni uprawy.

W pracy wykorzystano także wyniki z Stacji Doświadczalnych Oceny Odmian (SDOO) z lat 1970–2010, na podstawie których określono potencjał plonowania odmian i gatunku. W tym celu obliczono indeksy DYA (differential yielding ability) bonitujące potencjał plonotwórczy poszczególnych odmian. Uwzględniając strukturę odmian w produkcji i wartości indeksów określono jak zmieniał się potencjał plonotwórczy gatunku w kolejnych latach (Feyerherm, 1989; Oleksiak i in., 2004).

Przedstawiono główne czynniki agrotechniczne, wpływające w warunkach praktyki na plonowanie pszenicy. Analizowano intensywność ochrony przed chorobami, nawożenie azotowe, jakość gleby oraz czynniki decydujące o postępie biologicznym, czyli stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego i wzrost potencjału plonotwórczego uprawianych

odmian. O wyborze czynników do analizy decydowały wartości standaryzowanych cząstkowych współczynników regresji wielokrotnej wyliczone dla danych z lat 2008–2010 (tab. 1).

Tabela 1

Główne czynniki agrotechniczne wpływające na plonowanie pszenicy w warunkach produkcji
Main factors of cultivation technology influencing winter yields in production

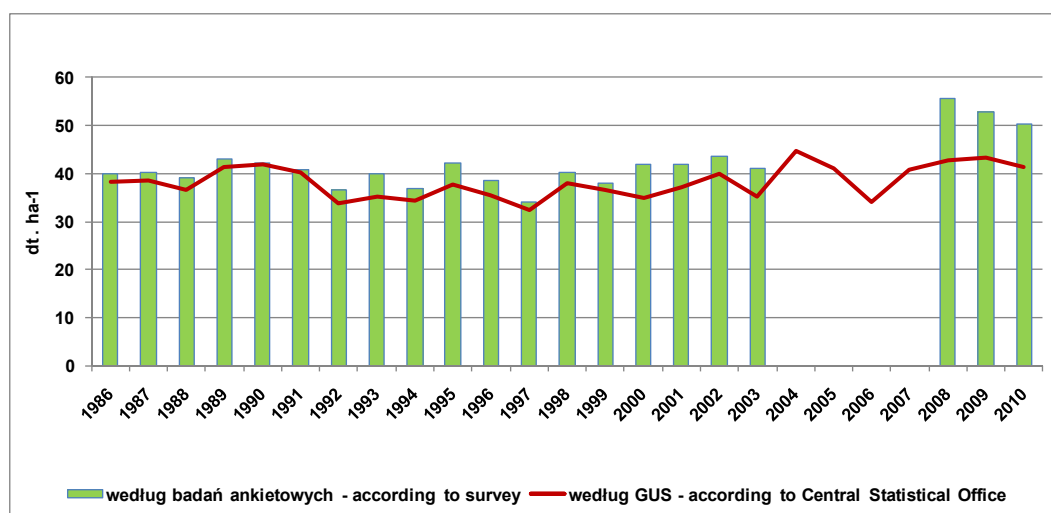
Źródło zmienności Source of variability	Cząstkowy współczynnik regresji Partial regression coefficients	Cząstkowy r - kwadrat Partial r- square	Błąd standardowy Standard error	Wartość T T - value	Standaryzowane cząstkowe współczynniki regresji Standardized partial regression coefficients
Fungicydy Fungicides	7,337	0,2026	0,783	9,370**	0,252
Nawożenie azotowe Nitrogen fertilization	0,161	0,0447	0,019	8,390**	0,237
Jakość gleby Soil quality	0,315	0,0364	0,037	8,530**	0,195
Stosowanie nasion kwalifikowanych Application of certified seed	0,075	0,0248	0,013	5,960**	0,141
Odmiana Cultivar	-1,781	0,0169	0,294	-6,070**	0,148
Nawożenie obornikiem — liczba lat od stosowania Manure — number of years since application	0,980	0,0158	0,153	6,400**	0,148
Przedplon Forecrop	1,270	0,0060	0,373	3,400**	0,079
Nawożenie potasowe Potassium fertilization	0,033	0,0018	0,017	1,890 ^{ns}	0,046

**Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Uzyskane wyniki dla poszczególnych lat badań przedstawiono w formie wykresów. Do wykonania analiz statystycznych wykorzystano pakiet SAS 9 (SAS Institute Inc., 2004).

WYNIKI I DYSKUSJA

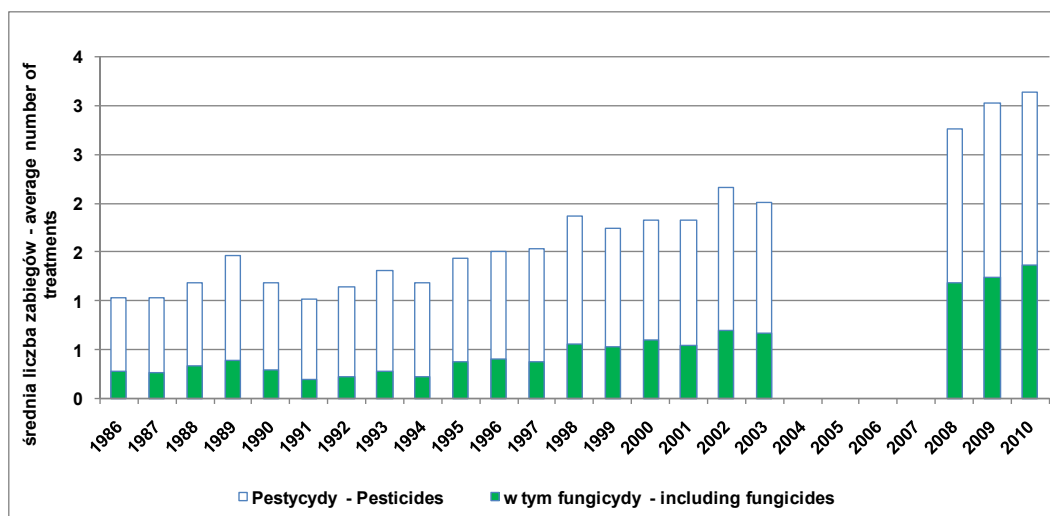
Wielkość plonów, wysokość nawożenia oraz stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego wskazują, że poziom agrotechniki w ankietowanych gospodarstwach był wyższy niż średni poziom wykazywany na podstawie danych Głównego Urzędu Statystycznego (GUS) gdzie uwzględniane są wszystkie gospodarstwa bez względu na skalę i charakter produkcji. Różnica w osiągniętych plonach, w relacji do danych GUS, wzrastała z około 5% w początkowym okresie badań (od 1986 do połowy lat 90.) do 25% w ostatnich trzech latach 2008–2010 (rys. 1). Jest to wynikiem postępującego różnicowania gospodarstw w wyniku czego wydzieliła się grupa gospodarstw towarowych zdecydowanie przewyższających poziomem gospodarowania i uzyskiwanymi plonami małe gospodarstwa nietowarowe spełniające raczej funkcje socjalne niż produkcyjne (Michna i in., 2005).



Rys. 1. Plony pszenicy ozimej w produkcji
Fig. 1. Yields of winter wheat in production

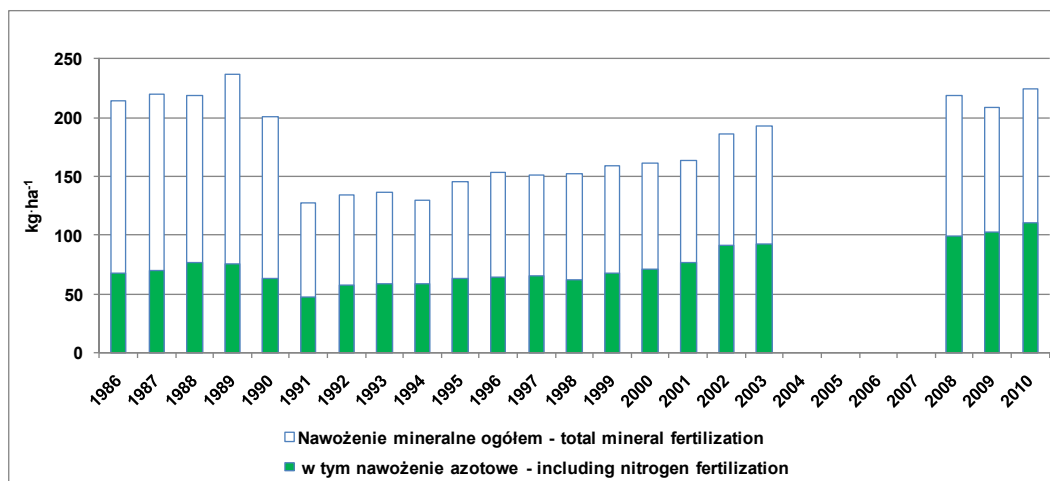
W celu określenia głównych czynników agrotechnicznych, wpływających na plon przeprowadzono analizę regresji wielokrotnej plonów względem czynników agrotechnicznych. Na podstawie wartości standaryzowanych cząstkowych współczynników regresji stwierdzono, że czynnikiem agrotechnicznym najsilniej decydującym o wielkości plonu była chemiczna ochrona przed chorobami grzybowymi (tab. 1). Wagę chemicznej ochrony zbóż potwierdzają wyniki wcześniejszych badań, w których w każdym doświadczeniu, z obiektów chronionych, uzyskiwano istotnie wyższe i dorodniejsze plony ziarna pszenicy ozimej w porównaniu do obiektów bez ochrony lub tylko częściowo chronionych (jeden oprysk) (Kuś i Jończyk, 1997; Jaczeńska-Kalicka, 2008), jak również badania Kaniuczaka i Beresia (2008), gdzie różnice w osiągniętych plonach przekraczały 6,0 dt·ha⁻¹. Znaczenie chemicznej ochrony wzrasta wraz ze wzrostem poziomu plonowania. Trudniej wtedy zapewnić skuteczną ochronę pszenicy, a więc zwiększają się straty. Według badań prowadzonych w Niemczech (Oerke i Dehne, 1997) straty w zbiorach wynikające z niewystarczającej ochrony przy plonie ok. 4 ton wynosiły 11%, a wraz ze wzrostem plonu do 11 t/ha zwiększyły się do 20%. W ankietowanej grupie gospodarstw, w analizowanym okresie blisko trzykrotnie zwiększyła się liczba zabiegów ochrony roślin. Wzrost ten jest w głównej mierze wynikiem zwiększenia ochrony przed chorobami grzybowymi (rys. 2).

Po załamaniu, jakie miało miejsce na początku lat 90. stopniowo wzrasta nawożenie mineralne (rys. 3). Pod względem łącznej wartości nawożenia NPK, w ankietowanych gospodarstwach osiągnięto w ostatnich latach poziom z końca lat 80. W stosunku do początkowych lat badań zmieniła się jednak struktura stosowanych nawozów. O blisko 50% wzrosło nawożenie azotowe natomiast mniej stosuje się nawozów fosforowych i potasowych.



Rys. 2. Ochrona chemiczna

Fig. 2. Chemical protection



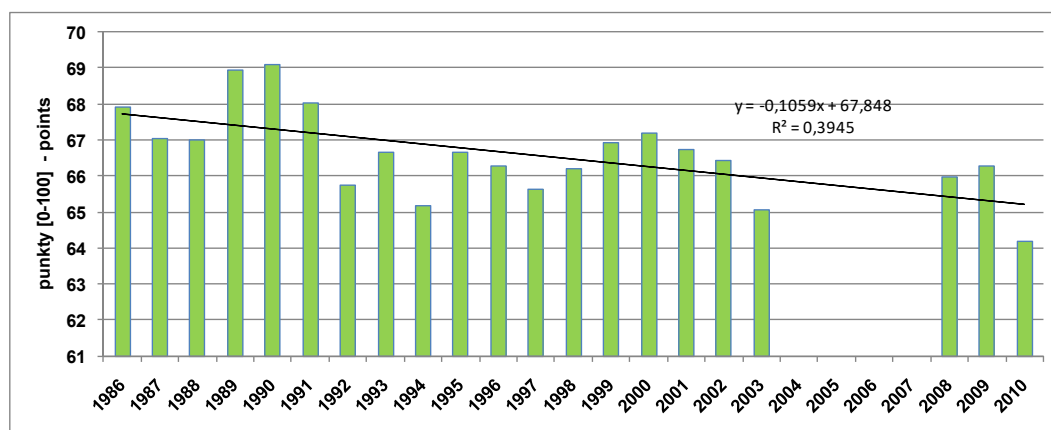
Rys. 3. Nawożenie mineralne

Fig. 3. Mineral fertilization

Nawożenie azotowe (w 2010 roku 110 kg N na hektar) osiągnęło poziom zbliżony do optimum. Wg badań, najkorzystniejsza ze względu na poziom plonowania dawka azotu wynosiła 80–120 kg N·ha⁻¹. Zwiększenie zużycia azotu powyżej 120 kg nie powoduje istotnego wzrostu plonów i wartości produkcji towarowej (Podolska i Stankowski 2001, Podolska i in., 2005 a). Po gwałtownym spadku na początku lat 90. stopniowo odbudowywany jest poziom nawożenia potasowo-fosforowego jednak w dalszym ciągu jest on znacznie niższy od rekordowego poziomu w roku 1989. Wzrost nawożenia

(mniejszy w badaniach ankietowych) potwierdzają także dane GUS, obecnie w Polsce stosujemy nawożenie mineralne na poziomie Francji, wyższe niż aktualna średnia w UE (Zalewski, 2010).

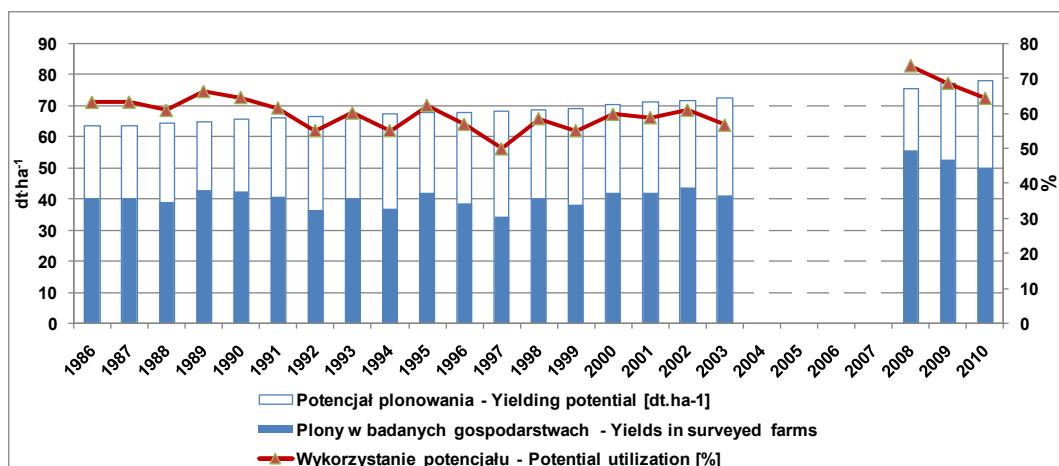
Konsekwencją zwiększania udziału pszenicy w zasiewach jest stopniowe obniżanie się wskaźnika jakości gleb przeznaczanych pod uprawę tego gatunku (rys. 4). Rosnący udział pszenicy ozimej w powierzchni zasiewów sprawia, że jest ona coraz częściej uprawiana także na gorszych stanowiskach, wcześniej przeznaczonych pod uprawę żyta, gdzie plony są istotnie niższe niż na kompleksach pszennych (Podolska i in., 2005 b).



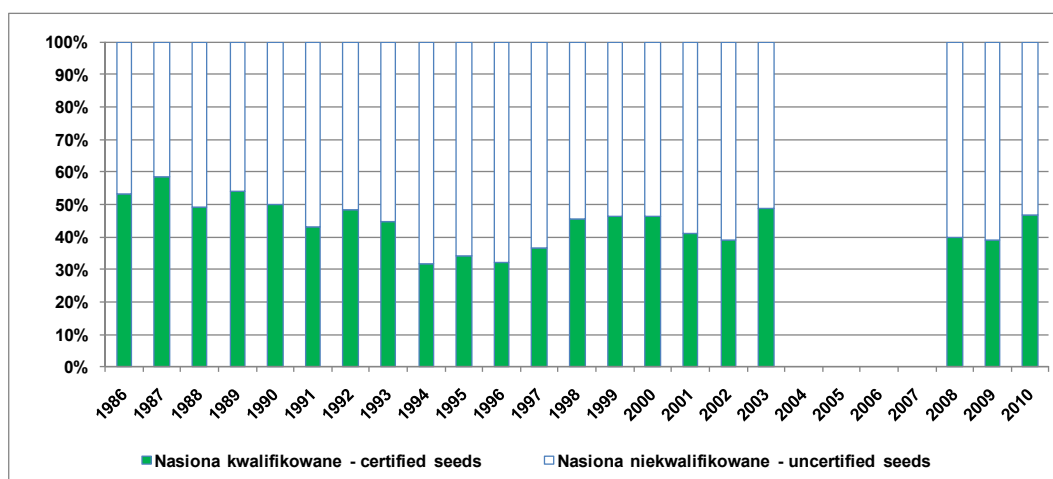
Rys. 4. Jakość gleby
Fig. 4. Soil quality

Mimo pogarszających się stanowisk i obniżania poziomu nawożenia fosforem i potasem, dzięki zwiększonemu nawożeniu azotem, chemicznej ochronie roślin poprawnemu doborowi odmian możliwe jest osiągnięcie dość stabilnych i zadowalających plonów ziarna, co potwierdzają m. in. badania Harasima i Matyki (2005).

Następuje stały wzrost potencjału plonowania odmian pszenicy znajdujących się w uprawie (rys. 5). W analizowanym okresie, na podstawie danych z doświadczeń odmianowych z SDOO potencjał plonowania odmian pszenicy wzrastał średnio o 55,8 kg podczas gdy analogiczna wartość dla ankietowanych gospodarstw wynosiła 47,6 kg na hektar rocznie. Wartość tego wskaźnika świadczy o relatywnie szybkim docieraniu nowych odmian do produkcji. Było to możliwe głównie dzięki wysokiemu udziałowi nasion kwalifikowanych w stosowanym do siewu materiale. Udział kwalifikowanego materiału siewnego (KMS) w badanych gospodarstwach wynosi, około 40% co jest udziałem wystarczająco wysokim dla zapewnienia efektywnego przenoszenia postępu hodowlanego do produkcji (rys. 6). Dla porównania, średni udział KMS pszenicy, obliczany na podstawie wielkości sprzedaży KMS i łącznej powierzchni zasiewów pszenicy w Polsce wynosił w 2010 roku 11,1% (Oleksiak, 2011).



Rys. 5. Potencjał plonowania odmian i jego wykorzystanie
Fig. 5. Yielding potential of cultivars and its use

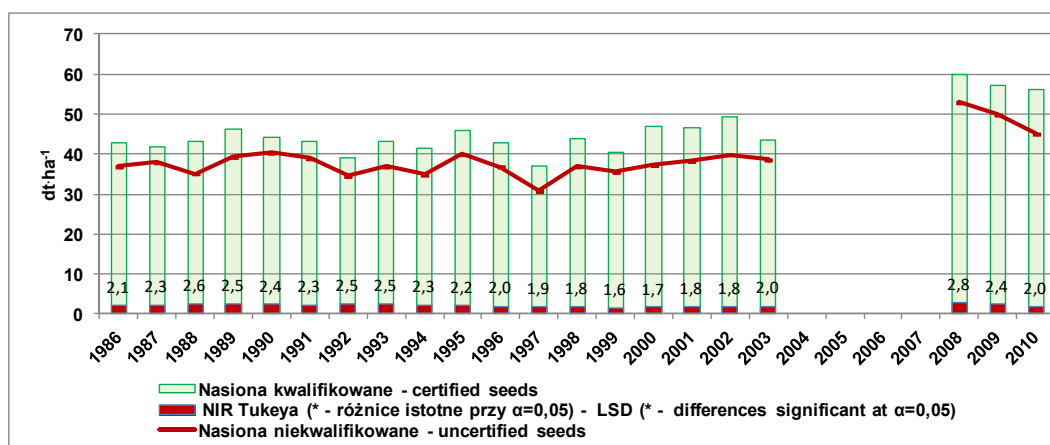


Rys. 6. Stosowanie nasion kwalifikowanych
Fig. 6. Application of certified seeds

Uzyskane wyniki są zbieżne z wynikami badań Krzymuskiego i Laudańskiego (1992) i Krzymuskiego i in. (1997), przeprowadzonymi w gospodarstwach indywidualnych i państwowych, wskazujących, że spośród kilkunastu badanych czynników do istotnie oddziałujących na wydajność pszenicy należą: gleba oraz stosowane nawożenie, materiał siewny i środki ochrony roślin.

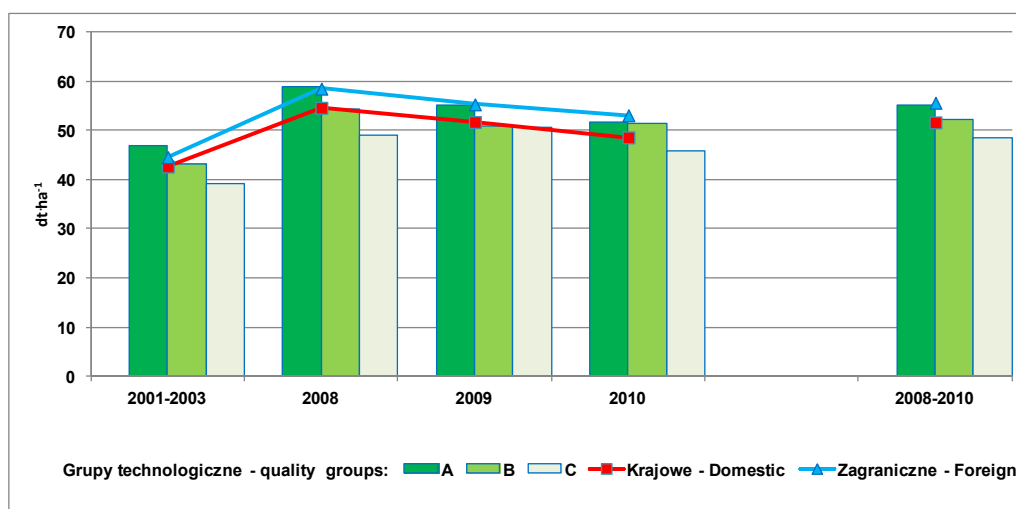
Istotne różnice w plonowaniu, w zależności od tego czy zastosowano kwalifikowany czy niekwalifikowany materiał siewny pszenicy, stwierdzono dla każdego z lat badań ankietowych. Na polach, na których stosowano kwalifikowany materiał siewny

uzyskiwano plony wyższe o 5-10 dt/ha (rys. 7). Potwierdza się teza o rosnącym znaczeniu kwalifikowanego materiału siewnego (Oleksiak, 2009).



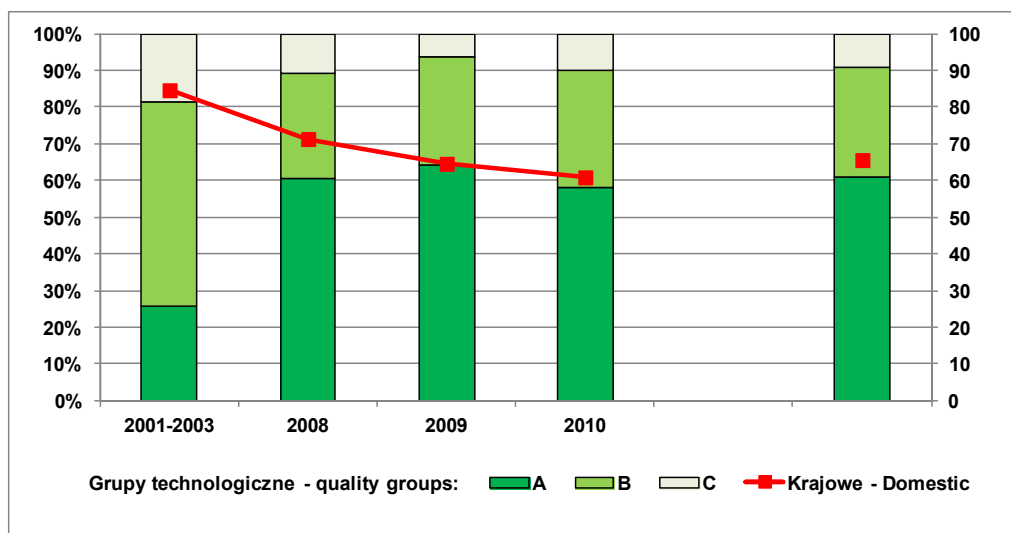
Rys. 7. Efekt stosowania nasion kwalifikowanych
Fig. 7. Effect of certified seed application

W ciągu ostatniego dziesięciolecia nastąpiła zdecydowana zmiana w strukturze uprawianych odmian. Pszenice chlebowe zostały zastąpione przez odmiany jakościowe z grupy A. W ankietowanych gospodarstwach stanowią one ponad 60% uprawianej powierzchni pszenicy ozimej (rys. 8).

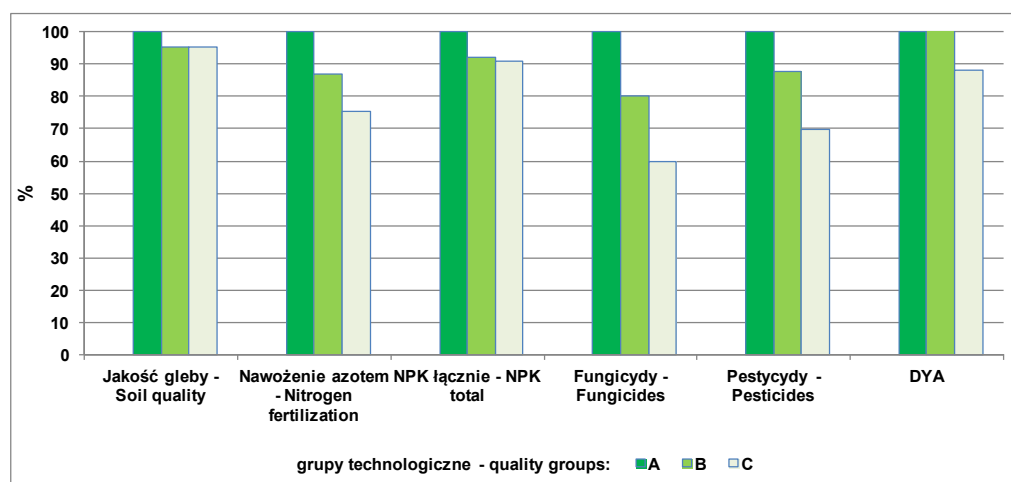


Rys. 8. Plony pszenicy ozimej w zależności od jakości technologicznej i pochodzenia odmian
Fig. 8. Yields of winter wheat depending on quality groups and origin of cultivars

O ile w warunkach doświadczeń odmianowych w latach 2008–2010 odmiany paszowe plonowały minimalnie powyżej średniej to w warunkach produkcji najlepiej plonowały odmiany jakościowe, o 5,9% lepiej niż odmiany chlebowe i o blisko 14,1% lepiej niż odmiany pastewne (rys. 9).



Rys. 9. Struktura uprawianych odmian w zależności od grupy jakości i pochodzenia odmian
Fig. 9. The structure of cultivated varieties, depending on the quality groups and origin of varieties



Rys. 10. Poziom agrotechniki w gospodarstwach uprawiających pszenicę ozimą — średnie wartości z lat 2008-2010. Pszenica jakościowa = 100
Fig. 10. Level of agrotechnic technology on farms where winter wheat was cultivated — average values in years 2008-2010. Quality wheat = 100

Wyjaśnienie stanowią różnice w poziomie agrotechniki i dobór odmian do uprawy. Odmiany pastewne uprawiano na gorszych stanowiskach, stosowano o 25% niższe nawożenie azotowe i o 30% mniej zabiegów chemicznej ochrony roślin. Dodatkowo, wybór uprawianych odmian pastewnych był dość przypadkowy, w efekcie uprawiane odmiany paszowe ustępowały odmianom jakościowym i chlebowym także potencjałem plonowania (DYA) (rys. 10).

Stale zmniejsza się udział odmian krajowych w produkcji. W ostatnim dziesięcioleciu ich udział w produkcji zmniejszył się o ponad 20% i w 2010 wyniósł 60,9%. Także pod względem średniego poziomu plonowania odmiany krajowe ustępują odmianom zagranicznym, w latach 2008–2010 różnica w plonie wynosiła 4 dt na hektar, czyli była nieco wyższa niż w doświadczeniach odmianowych. Średni plon odmian katalogu Wspólnotowego stanowił 115,2% średniej. Odmiany te uprawiano jednak głównie w rejonach gdzie generalnie osiągnano wyższe plony.

W niniejszej pracy przedstawiono jedynie najważniejsze czynniki, najsilniej oddziałujące na plon. Należy także wspomnieć o rosnącym znaczeniu, nieanalizowanego tu szerzej czynnika, jakim jest nawożenia organiczne (tab. 1). We wcześniejszych okresach oddziaływanie tego czynnika na plon było znacznie słabsze, albo nie wchodził on w skład, obliczanego za pomocą analizy regresji wielokrotnej, modelu plonowania albo nie był tak znaczącym jego elementem.

Czynnikiem wchodzącym w skład modelu plonowania, istotnie oddziałującym na plon był również przedplon. Jego wartość oceniano porównując wielkość plonu w zależności od tego, co uprawiano w roku poprzedzającym uprawę pszenicy. Najlepszymi przedplonami dla pszenicy ozimej był rzepak ozimy i strączkowe na ziarno co jest zbieżne z wynikami badań (Bednarek i in., 2009; Buczek i in., 2009). Dobrymi przedplonami były również buraki cukrowe, kukurydza i jęczmień jary. Z kolei najgorsze plony osiągnano na stanowiskach po mieszankach zbożowych, owsie i, co może zaskakiwać, po motylkowych drobnonasiennych wskazywanych, jako jeden z lepszych przedplonów dla pszenicy (Dmowski, 1997). Zmiany struktury zasiewów znajdują odbicie w strukturze przedplonów, wzrasta udział rzepaku, a zmniejsza się udział buraków cukrowych.

WNIOSKI

1. Chemiczna ochrona przed chorobami, nawożenie azotowe i jakość gleby przeznaczanej pod uprawę to główne czynniki agrotechniczne decydujące o plonie pszenicy ozimej.
2. Znaczącymi czynnikami wzrostu plonowania w produkcji jest postęp biologiczny. Zarówno czynnik odmianowy, jak i kwalifikowany materiał siewny należą do głównych czynników wzrostu plonowania. W każdym roku badań, z pól, na których stosowano kwalifikowany materiał siewny uzyskiwano istotnie wyższe plony ziarna.
3. Stale wzrasta poziom nawożenia i intensywności ochrony chemicznej. Wykorzystanie potencjału plonowania, w grupie ankietowanych gospodarstw, było lepsze niż średnia dla kraju, ale wciąż niezadowalające.

LITERATURA

- Buczek J., Bobrecka-Jamro D., Szpunar-Krok E., Tobiasz-Salach R. 2009. Plonowanie pszenicy ozimej w zależności od przedplonu i stosowanych herbicydów. *Fragm. Agron.* 26 (3): 7 — 14.
- Bednarek W., Tkaczyk P., Dresler S. 2009. Plonowanie pszenicy ozimej w zależności od niektórych właściwości gleby i zabiegów agrotechnicznych. *Acta Agrophysica* 14 (2): 263- — 273.
- Dmowski Z. 1997. Wpływ czynników beznakładowych w uprawie wybranych roślin. Cz. I. Zboża. *Bibliotheca Fragm. Agron.* 3: 7 — 17.
- Feyerham A. M., Kemp K. E., Paulsen G. M. 1989. Genetic contribution to increased wheat yields in the USA between 1979 and 1984 *Agron. J.* 81: 242 — 245.
- Harasim A., Matyka M. 2009. Zmiany technologii produkcji pszenicy ozimej w ujęciu długookresowym. *Journal of Agrobusiness and Rural Development.* 2 (12): 61 — 66.
- Harasim A., Matyka M. 2005. Ważniejsze elementy technologii produkcji wpływające na poziom plonowania pszenicy ozimej oraz ich zmiana w ujęciu długookresowym. *Pamiętnik Puławski. Z.* 140: 59 — 68.
- Jaczewska-Kalicka A. 2008. Wpływ zmiennych warunków klimatycznych na występowanie i szkodliwość grzybów patogenicznych w uprawie pszenicy ozimej. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 531: 63 — 69.
- Kaniuczak Z., Beres P. K. 2008. Efektywność ekonomiczna zastosowanych fungicydów w ochronie pszenżyta ozimego i pszenicy ozimej przed chorobami grzybowymi. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. Z.* 531: 71 — 79.
- Krzymuski J., Laudański Z. 1992. Próba oceny działania i współzależności czynników plonowania w warunkach produkcyjnych. *Fragm. Agron.* 4: 27 — 34.
- Krzymuski J., Laudański Z., Oleksiak T. 1993. Poziom i działanie czynników plonowania gospodarstwach indywidualnych i państwowych. *Biuletyn IHAR* 185: 15 — 32.
- Kuś J., Jończyk K. 1997. Oddziaływanie wybranych elementów agrotechniki na plonowanie pszenicy ozimej. *Fragm. Agron.* 3: 14 — 16.
- Michna W., Mierosławska A., Chmielewska B., Lidke D. 2005. Zróżnicowanie funkcji gospodarstw rolnych w ujęciu przestrzennym. *IERiGŻ Warszawa*, ISBN 83-89666-22-7.
- Oerke E. C., Dehne H. W 1997. Global crop production and the efficacy of crop protection — current situation and future trends. *European Journal of Plant Pathology* 103: 203 — 215.
- Oleksiak T. 2011. Rynek środków produkcji dla rolnictwa. *Analizy Rynkowe. Rynek Nasion* Nr 38: 27 — 33.
- Oleksiak T. 2009. Plony pszenicy ozimej w zależności, od jakości stosowanego materiału siewnego. *Biul. IHAR* 251: 83 — 93.
- Oleksiak T., Mańkowski D. R., Laudański Z. 2004. Metoda oceny postępu hodowlanego w warunkach produkcyjnych. *Colloquium Biometryczne.* 34a: 109 — 121.
- Podolska G., Stankowski S. 2001. Plonowanie i jakość ziarna pszenicy ozimej w zależności od gęstości siewu i dawki nawożenia azotem. *Biul. IHAR*, 218/219: 127 — 136.
- Podolska G., Krasowicz S., Sułek A. 2005. Ocena ekonomiczna i jakościowa uprawy pszenicy ozimej przy różnym poziomie nawożenia azotem. *Pamiętnik Puławski. Z.* 139:175 — 188.
- Podolska G., Stankowski S., Podolski B. 2005 b. Plonowanie i wartość technologiczna ziarna pszenicy ozimej w zależności od warunków glebowych. *Pamiętnik Puławski. Z.* 139:189 — 197.
- Roczniki Statystyczne GUS z lat 1987–2010. Zakład Wydawnictw Statystycznych, Warszawa.
- SAS Institute Inc. 2004 SAS/ETS 9.1 Users guide. SAS Publishing, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Syntezy wyników doświadczeń rejestrowych 1970–2000, COBORU, Słupia Wielka.
- Wyniki Porejestrowych Doświadczeń Odmianowych COBORU 2001–2010. COBORU, Słupia Wielka.
- Zalewski A., Zalewski A. 2010. Rynek środków produkcji dla rolnictwa. *Rynek Nawozów Mineralnych*: 7 — 14.

TADEUSZ OLEKSIK

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin PIB — Radzików

Czynniki warunkujące poziom plonowania pszenicy ozimej w produkcji towarowej Część II. Zróźnicowanie w zależności od rejonu i wielkości gospodarstw

Factors determining yield level of winter wheat in commercial production Part II. Differentiation depending on region and farm size

Na podstawie wyników badań ankietowych gospodarstw, przedstawiono zmiany plonowania pszenicy ozimej w warunkach produkcji towarowej. Przedstawiono główne czynniki wpływające na wielkość uzyskiwanych plonów. Chemiczna ochrona przed chorobami, nawożenie azotowe i jakość gleby przeznaczanej pod uprawę to główne czynniki agrotechniczne decydujące o plonie pszenicy ozimej. Przedstawiono także czynniki decydujące o praktycznym wykorzystaniu postępu biologicznego oraz różnice między regionami.

Słowa kluczowe: pszenica ozima, plony, agrotechnika, postęp biologiczny

Based on the results of surveys of farms, changes of winter wheat yielding in the conditions of commercial production were shown. The main factors affecting the size of obtained yields are presented. Chemical protection against diseases, nitrogen fertilization and soil quality allocated under cultivation are the main agronomic technology factors determining the yield of winter wheat. The factors that determine the practical use of biological progress and the differences between regions are also presented.

Key words: winter wheat, yields, production technology, biological progress

WSTĘP

Poziom plonowania, udział w wielkości produkcji ziarna (32%), udział w rynku nasiennym (40%), a tym bardziej znaczenie w gospodarce żywnościowej powodują, że pszenica ozima jest głównym gatunkiem na krajowym rynku zbóż.

W praktyce rolniczej plon jest kształtowany przez wiele wzajemnie na siebie oddziałujących czynników biologicznych, agrotechnicznych i siedliskowych. Są one badane szczegółowo w doświadczeniach ścisłych natomiast rzadziej podejmowane są próby kompleksowej oceny czynników, oparte na danych produkcyjnych (Krzymuski

i Laudański, 1992; Krzymuski i in., 1993; Harasim i Matyka, 2005, 2009). Analiza danych produkcyjnych pozwala ponadto na wykazanie różnic regionalnych, będących konsekwencją uwarunkowań przyrodniczych, klimatyczno-glebowych, ekonomiczno-organizacyjnych czy historycznych (Krasowicz, Kuś, 2006; Kopiński, Krasowicz, 2010).

W części I (Oleksiak, 2011), na podstawie wyników badań ankietowych prowadzonych w gospodarstwach, przedstawiono jak na przestrzeni ostatnich lat zmieniały się plony pszenicy ozimej oraz główne czynniki agrotechniczne wpływające na ich wysokość.

Celem pracy jest przedstawienie różnic w agrotechnice i plonowaniu, związanych z rejonem i skalą uprawy.

MATERIAŁ I METODYKA

Analogicznie jak w części I przedstawiono plonowanie oraz zmiany w agrotechnice pszenicy ozimej dotyczące intensywności ochrony chemicznej przed chorobami, nawożenia i jakości gleby przeznaczanej pod uprawę. Przedstawiono również efekty wykorzystania czynników decydujących o postępie biologicznym w produkcji; stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego i wprowadzanie do uprawy coraz plenniejszych odmian.

Materiał badawczy stanowiły wyniki, prowadzonych w latach 2001–2003 i 2008–2010, badań ankietowych gospodarstw rolnych. Zebrano i analizowano dane ze wszystkich województw, łącznie z 3443 pól. Dane ankietowe pochodziły z gospodarstw, prowadzących rachunkowość na potrzeby Instytutu Ekonomiki i Gospodarki Żywnościowej (IERiGŻ). W latach 2001–2003 zebrano dane dotyczące 58 odmian, a w latach 2008–2010 dane dotyczące uprawy i plonowania 108 odmian znajdujących się w Rejestrze Krajowym bądź Katalogu Wspólnotowym.

W pracy wykorzystano także wyniki z Stacji Doświadczalnych Oceny Odmian (SDOO) na podstawie, których określono potencjał plonowania odmian i gatunku. W tym celu obliczono indeksy *DYA* (differential yielding ability) bonitujące poszczególne odmiany. Wartość indeksu stanowi średnie odchylenie plonu odmiany od wartości wzorca w wieloleciu obliczone na podstawie ścisłych doświadczeń odmianowych (Feyerherm, 1989; Oleksiak, 2004). Uwzględniając strukturę odmian w produkcji i wartości indeksów określono jak zmieniał się potencjał plonotwórczy gatunku w kolejnych latach i w rejonach. Zróznicowanie przestrzenne przedstawiono dla sześciu rejonów przyjętych przez COBORU przy ocenie odmian zbóż: Rejon I — północno-zachodni, Rejon II — północno-wschodni, Rejon III — środkowo-zachodni, Rejon IV — środkowo-wschodni, Rejon V — południowo-zachodni, Rejon VI — południowo-wschodni.

Przedstawiono główne czynniki agrotechniczne, wpływające na plonowanie pszenicy. Analizowano intensywność ochrony przed chorobami, nawożenie azotowe, jakość gleby oraz czynniki decydujące o postępie biologicznym, czyli stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego i wzrost potencjału plonotwórczego uprawianych odmian. O wyborze czynników decydowały wartości standaryzowanych cząstkowych współczynników regresji wielokrotnej wyliczone dla danych z lat 2008–2010 (Oleksiak, 2011).

Zróźnicowanie rejonowe i zmiany w tym zakresie przedstawiono graficznie na mapach konturowych dla ostatniego dziesięciolecia, porównując średnie wartości z lat 2001–2003 i z lat 2008–2010. Różnice wynikające ze skali produkcji przedstawiono w tabeli dla pięciu kategorii obszarowych; poniżej 10 ha, 10–25 ha, 25–50 ha, 50–100 ha i powyżej 100 hektarów.

WYNIKI I DYSKUSJA

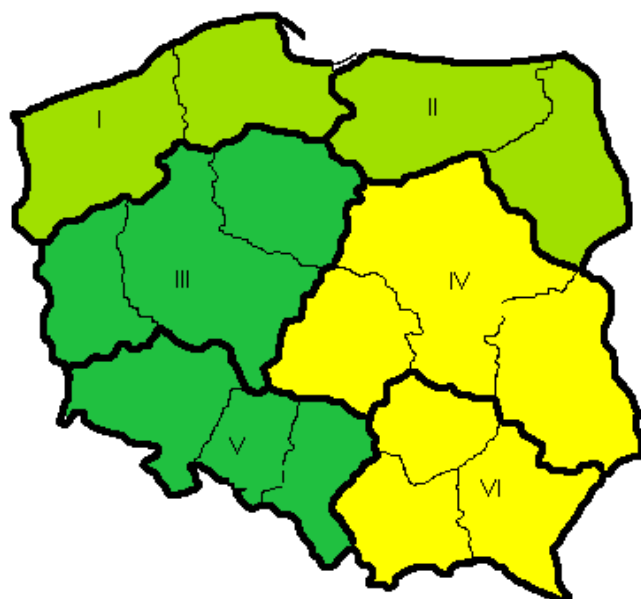
Na podstawie przeprowadzonych ankiet stwierdzono, że utrzymuje się regionalne zróźnicowanie plonowania między wschodnimi a zachodnimi rejonami kraju. W ostatnich latach jest ono nawet wyraźniejsze niż na początku ostatniego dziesięciolecia. Różnica między plonami pszenicy uzyskiwanymi w rejonach zachodnich, a wschodnich wzrosła z 12,6% w latach 2001–2003 do 16,6% (rys. 1).

Intensywność chemicznej ochrony przed chorobami szybko wzrasta i dotyczy to praktycznie całego kraju. Liczba zabiegów nie zwiększyła się jedynie w rejonie II północno-wschodnim. Najwięcej zabiegów przeprowadzano w rejonach I i V. Największy wzrost odnotowano w rejonie IV, czyli środkowo-wschodnim jednak nie przełożyło się to na wzrost plonowania w tym rejonie (rys. 2).

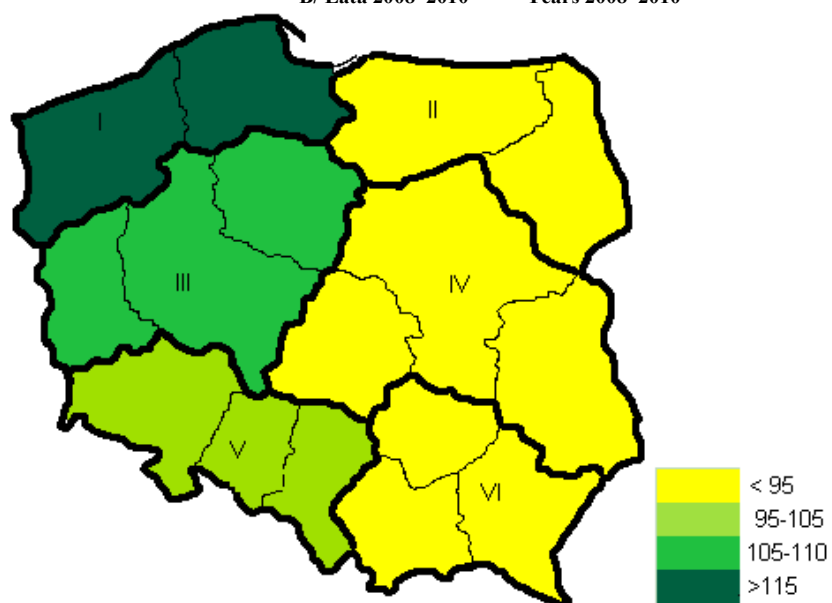
We wszystkich rejonach poza północno-zachodnim (gdzie było najwyższe) wzrosło nawożenie mineralne. Większą dynamikę wzrostu stwierdzono w rejonach gdzie dotychczas stosowano najniższe dawki nawozów, czyli w rejonach IV środkowo-wschodnim i VI południowo-wschodnim. Nawożenie w tych rejonach wzrosło odpowiednio o 48,3% i 59%. Różnice rejonowe w poziomie nawożenia wyraźnie się zmniejszyły, ale nie zostały wyeliminowane. Podobnie jak w przypadku intensywności ochrony chemicznej najniższe dawki NPK stosowane są w rejonach północno-wschodnim i południowo-wschodnim. Jeśli przyjmiemy założenie, że nawożenie mineralne jest miarą regionalnego zróźnicowania intensywności produkcji i siły ekonomicznej gospodarstw (Kopiński, 2006) to można postawić tezę o stopniowym wyrównywaniu się różnic w intensywności gospodarowania. We wcześniejszych badaniach ankietowych prowadzonych w latach 1986–2003 widoczny był istotny wzrost udziału azotu w nawożeniu mineralnym. Udział azotu wzrósł z 32% w 1986 do 48% w 2003 roku. Wyniki badań z lat 2008–2010 nie potwierdziły dalszego utrzymywania się tendencji wzrostowej jednak azot stanowił blisko 50% średniej dawki nawozowej. Udział nawozów azotowych w nawożeniu ogółem w poszczególnych rejonach był zbliżony do średniej wartości w kraju mieścił się w przedziale od 37% w rejonie I do 60% w rejonie II (rys. 3).

Półowa plantacji pszenicy zlokalizowana była na glebach klasy III, z czego 30% to klasa IIb, 28% stanowiły gleby klasy IVa, 14% IVb, a łączna powierzchnia gleb klasy I i II wynosiła niespełna 7%. Wzrostowi nawożenia towarzyszy stopniowe obniżanie się średniej wartości wskaźnika jakości gleb przeznaczanych pod uprawę pszenicy (Witek, 1981).

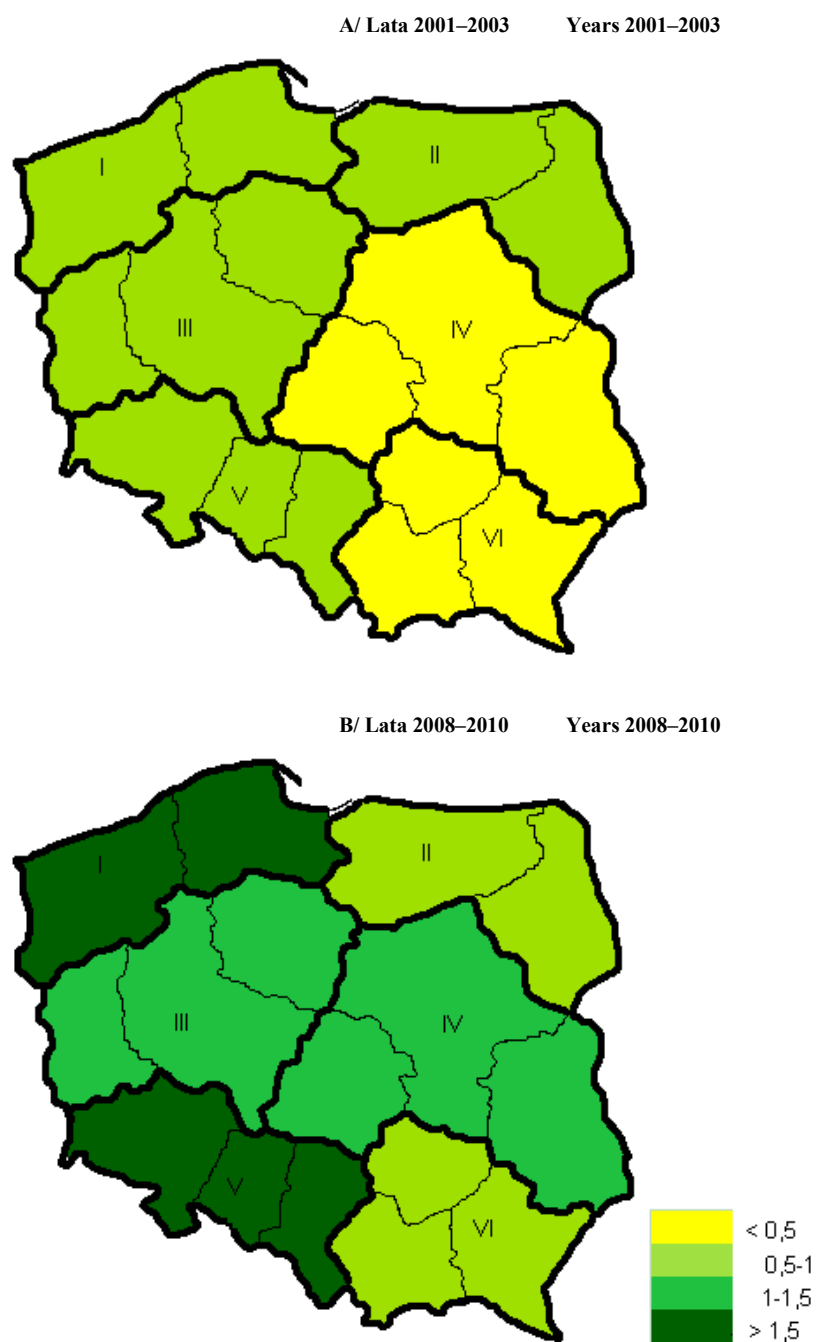
A/ Lata 2001–2003 Years 2001–2003



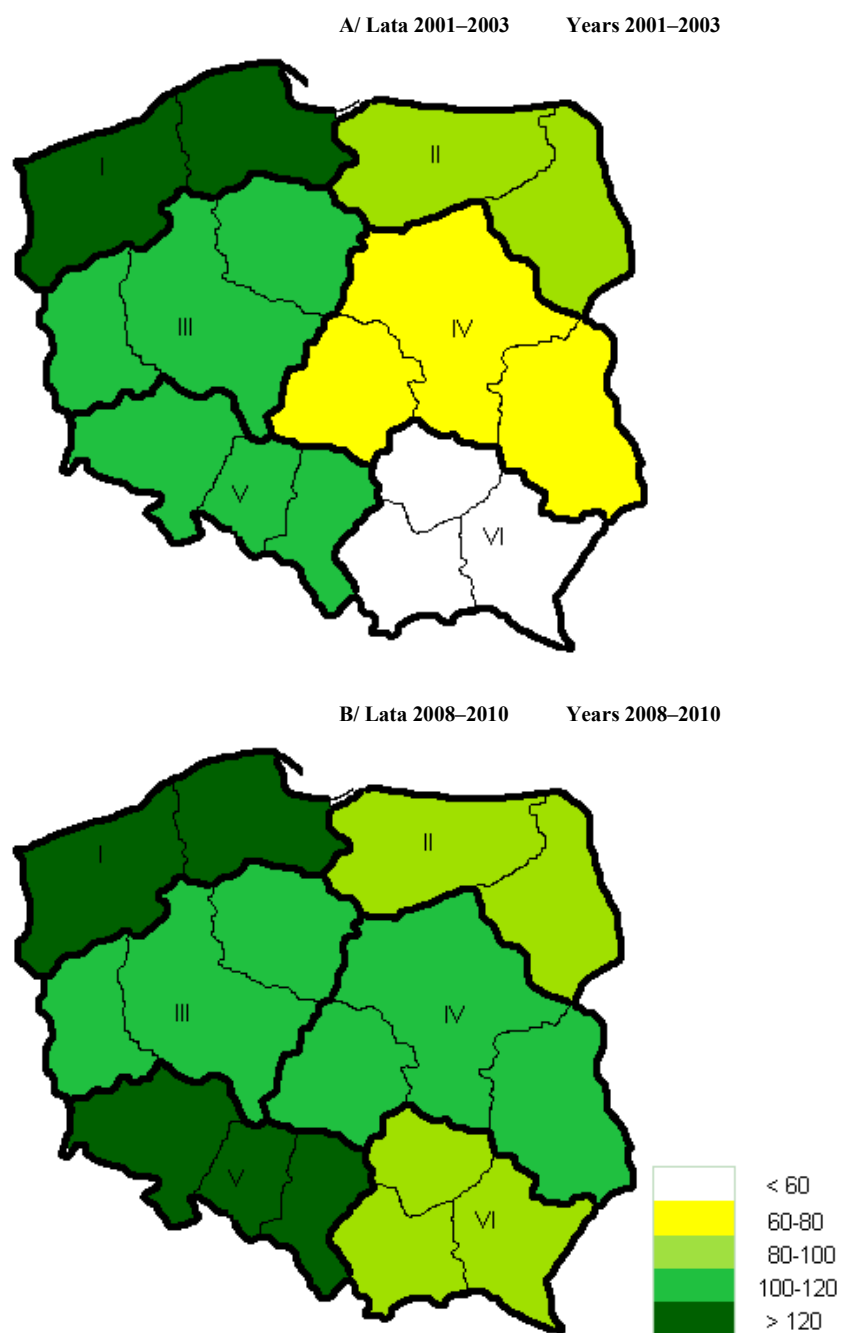
B/ Lata 2008–2010 Years 2008–2010



Rys. 1. Regionalne zróżnicowanie plonowania — plony relatywne (%)
Fig. 1. Regional differentiation of yielding — relative yield (%)



Rys. 2. Regionalne zróżnicowanie w stosowaniu fungicydów — średnia liczba zabiegów
 Fig. 2. Regional differentiation in the use of fungicides — the average number of treatments



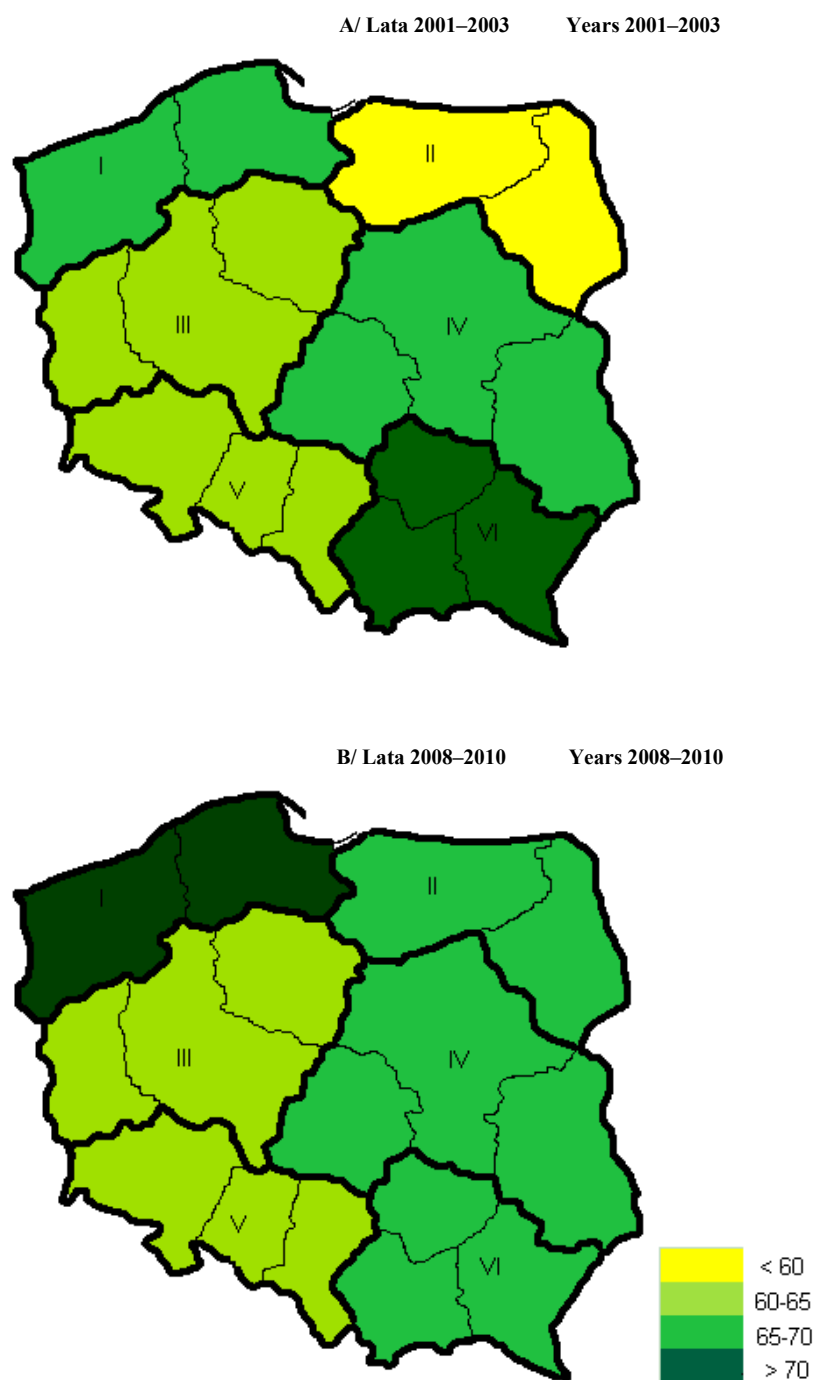
Rys. 3. Regionalne zróżnicowanie w nawożeniu azotowym — kilogramy azotu na hektar
 Fig. 3. Regional differences in nitrogen fertilization — kilograms of nitrogen per hectare

Zmiany są niewielkie, jednak tendencja spadkowa utrzymuje się w następstwie czego w okresie prowadzenia badań wartość wskaźnika jakości gleb zmniejszyła się o blisko 3%. Nie ma dużych różnic między rejonami pod względem jakości gleb na których uprawia się pszenicę. Najwyższą wartość bonitacyjną gleb pod uprawami pszenicy stwierdzono w rejonie I a najniższą w rejonach III i V. Rosnący udział pszenicy ozimej w powierzchni zasiewów sprawia jednak, że jest ona uprawiana także na gorszych stanowiskach (rys. 4).

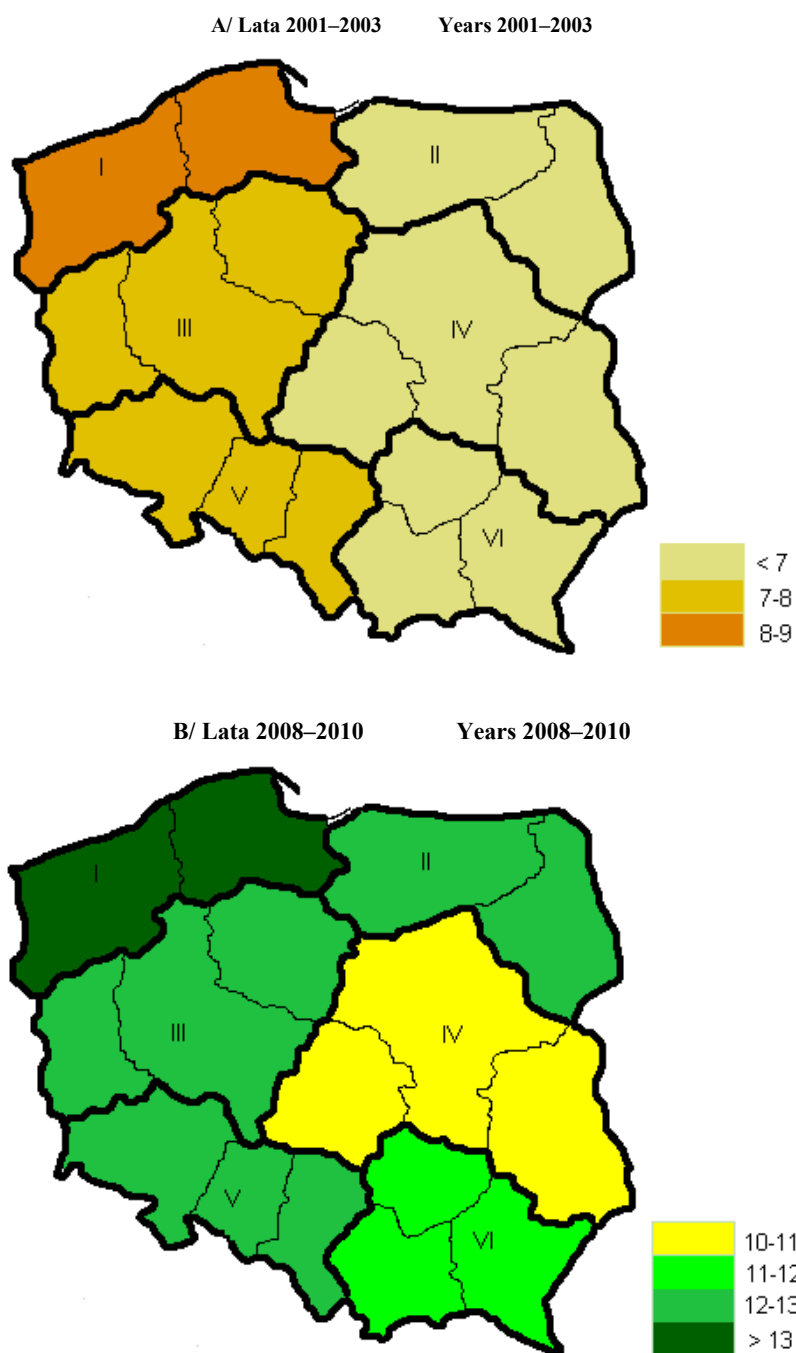
Stwierdzono, że następuje stały wzrost potencjału plonowania odmian pszenicy znajdujących się w uprawie. W analizowanym okresie, na podstawie danych z doświadczeń odmianowych z SDOO potencjał plonowania odmian pszenicy wzrastał średnio o 55,8 kg, podczas gdy analogiczna wartość dla ankietowanych gospodarstw była o 8,2 kg niższa i wynosiła 47,6 kg na hektar rocznie. Wartość wskaźnika zdolności plonotwórczej uprawianych odmian DYA charakteryzuje skuteczność docierania postępu hodowlanego do produkcji. Najwyższe wartości współczynnika DYA stwierdzono w rejonie I, najniższe wartość w rejonie IV natomiast największą dynamikę wzrostu wskaźnika w rejonie II. Różnice w wykorzystaniu potencjału hodowlanego między zachodnią i wschodnią częścią Polski zmniejszyły się niemniej jednak wciąż są wyraźne (rys. 5).

Wzrost potencjału plonowania był możliwy głównie dzięki wysokiemu udziałowi nasion kwalifikowanych (KMS) w stosowanym do siewu materiale. Udział KMS w badanych gospodarstwach wynosił, około 40% co jest wystarczająco wysokim udziałem zapewniającym efektywne przenoszenie postępu hodowlanego do produkcji. Dla porównania średni udział KMS pszenicy, obliczany na podstawie wielkości sprzedaży KMS i powierzchni zasiewów pszenicy wynosił w 2010 roku 11% (Oleksiak, 2011). Także w przypadku zaopatrzenia w nasiona wyraźne widoczne są różnice między zachodnią a wschodnią częścią kraju. Najwyższe udziały KMS w zasiewach stwierdzano w rejonach II i V. Stosunkowo najwięcej kwalifikowanego materiału siewnego zbóż sprzedaje się w województwach: śląskim, kujawsko-pomorskim i opolskim, najmniej zaś w zachodniopomorskim, mazowieckim i lubelskim (rys. 6). Relatywnie niski udział KMS w Polsce północno zachodniej wynika w znacznym stopniu z położenia geograficznego tych terenów. Udział nasion niekwalifikowanych z zakupu jest w tym rejonie wysoki, jednocześnie znaczny jest udział nasiona zagranicznych odmian nierejestrowanych w Polsce. Przy czym są to nasiona odmian dobrze plonujących w warunkach tego rejonu.

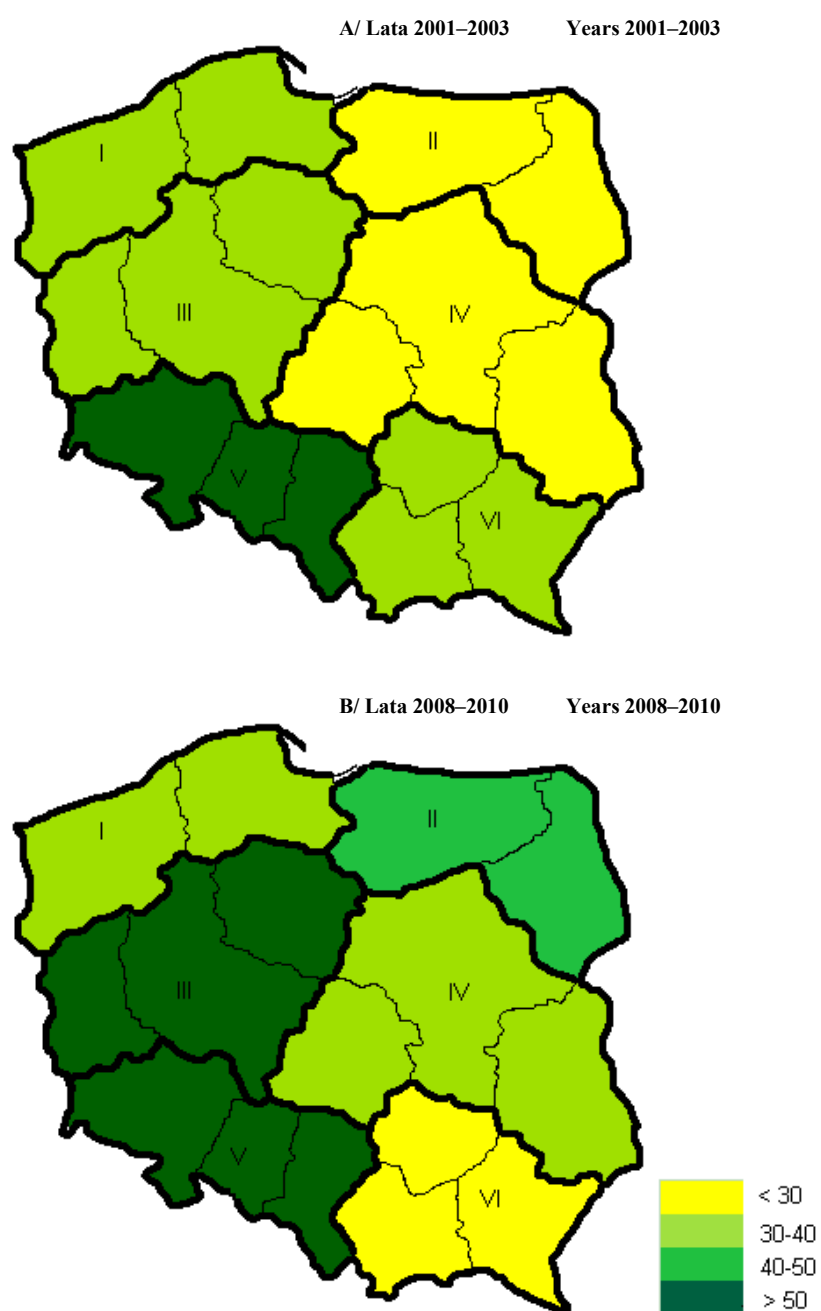
Dla każdego roku badań ankietowych stwierdzono istotne różnice w plonowaniu, w zależności od tego czy zastosowano kwalifikowany czy niekwalifikowany materiał siewny pszenicy. Na polach, na których stosowano kwalifikowany materiał siewny uzyskiwano plony wyższe o 5–10 dt/ha. Także pod tym względem stwierdzono wyraźne zróżnicowanie regionalne. W latach 2008–2010 największe różnice w plonach, przekraczające 24% czyli nawet ponad 13 dt/ha, stwierdzono w rejonach północnych. W pozostałych rejonach różnice mieściły się w przedziale 13,3–15,3%, czyli 6–7 dt/ha (rys. 7).



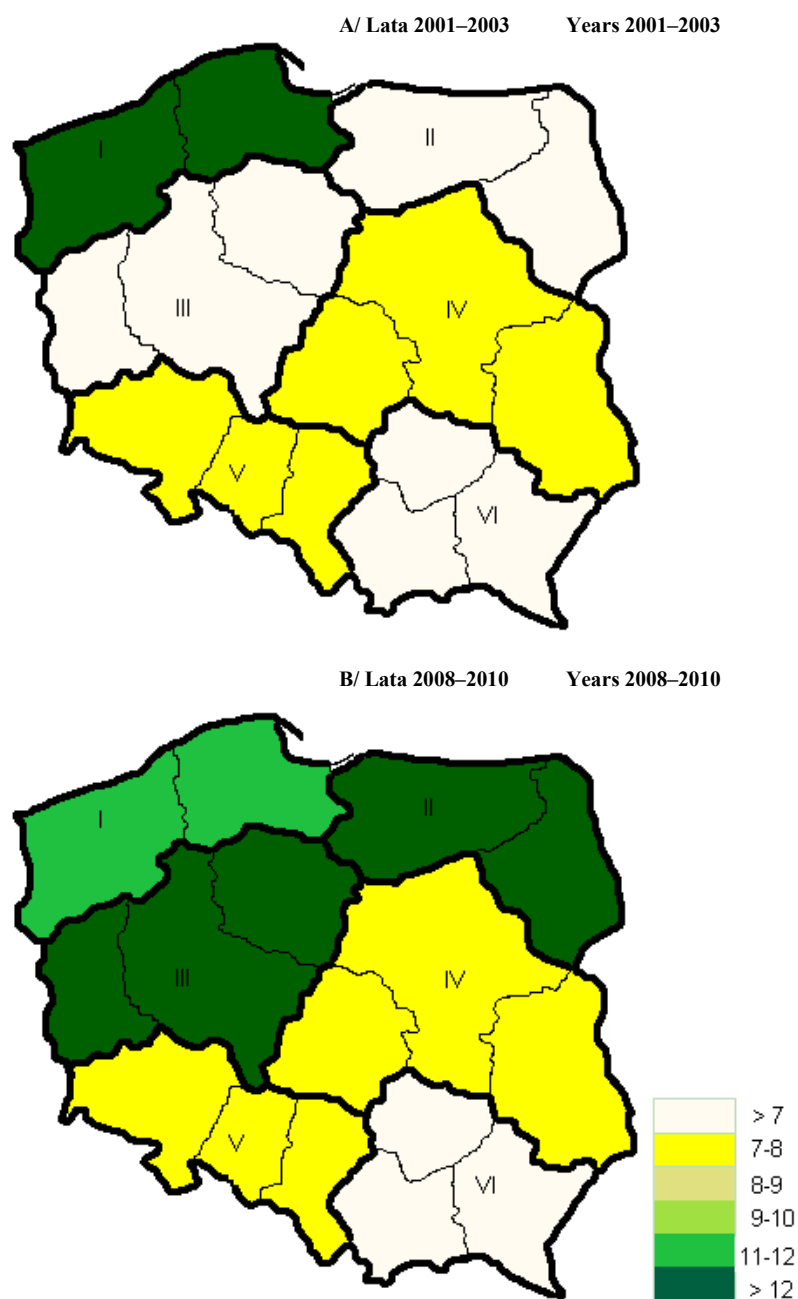
Rys. 4. Regionalne zróżnicowanie gleb pod uprawą pszenicy ozimej
Fig. 4. Regional diversity of soils under cultivation of wheat



Rys. 5. Regionalne różnice w potencjale plonowania stosowanych odmian [współczynniki DYA w dt]
 Fig. 5. Regional differences in yield potential of used varieties [DYA coefficients in dt]



Rys. 6. Różnice w stosowaniu kwalifikowanego materiału siewnego — udział w zasiewach [%]
 Fig. 6. Differences in the use of certified seed — the share in crops [%]



Rys. 7. Różnice w plonach w zależności od zastosowanych nasion kwalifikowanych [dt/ha]
 Fig. 7. Differences in the yields depending on the use of certified seeds [dt/ha]

Duże różnice regionalne stwierdzono także w ilości wysiewu. Ogólnie wyższe normy wysiewu (średnio o 16 kg na hektar) stosowano dla nasion niekwalifikowanych. Najwięcej nasion, 256 kg na hektar, wysiewano w rejonie południowo wschodnim (VI). Tam też największa była różnica w ilości wysiewu w zależności od tego czy stosowano materiał kwalifikowany bądź niekwalifikowany — 29,3 kg na ha. Najmniejsze ilości wysiewu stosowano w rejonach zachodnich I i V — poniżej 200 kg na ha. Czynnikiem istotnie różnicującym ilość wysiewu był też termin, im bardziej opóźnione siewy, tym większa ilość wysiewanych nasion.

Różnice w stosowanej agrotechnice i osiąganych plonów związane ze skalą produkcji przedstawiono dla pięciu kategorii obszarowych; poniżej 10 ha, 10–25 ha, 25–50 ha, 50–100 ha i powyżej 100 hektarów (tab. 1).

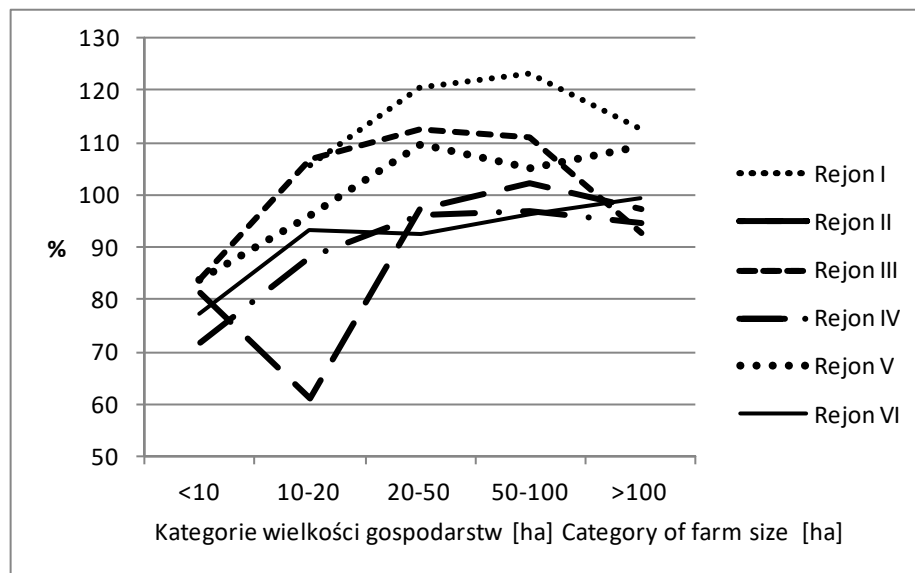
Tabela 1

**Wybrane elementy agrotechniki w zależności od wielkości gospodarstwa — średnie wartości
w ankietowanych gospodarstwach w latach 2008–2010**
**Chosen elements of cultivation technology depending on size of farm — average values in surveyed
farms in years 2008–2010**

Wyszczególnienie Specification	Kategoria wielkości gospodarstwa Category of farm size				
	> 100 ha	50–100 ha	25–50 ha	10–25 ha	<10 ha
Jakość gleby — punkty (0–100) Soil quality — points (0–100)	62,4	63,7	65,7	66,2	71,1
Nawożenie organiczne — lata od stosowania obornika Manure — years from the application of manure	5,3	4,4	3,4	3,1	3,1
Stosowanie kwalifikowanego materiału siewnego KMS (%) Application of certified seed (%)	64,8	50,4	39,8	32,7	21,2
Potencjał plonowania stosowanych odmian w porównaniu do wzorca ($\text{dt} \cdot \text{ha}^{-1}$) Yield potential in compare to standard ($\text{dt} \cdot \text{ha}^{-1}$)	12,5	11,7	12,2	11,3	9,6
Nawożenie mineralne NPK ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$): Mineral fertilization of NPK ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$):	249	249	214	195	159
w tym N ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) including N ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$)	122,3	119,9	106,4	89,9	73,1
Chemiczna ochrona (liczba zabiegów) Chemical protection (number of treatments)	3,4	3,7	3,1	2,4	1,9
w tym fungicydy (liczba zabiegów) including fungicides (number of treatments)	1,6	1,6	1,4	0,9	0,6
Plon relatywny (%) Relative yield (%)	99,1	105,3	104,7	96,1	77,7

Wraz ze wzrostem wielkości gospodarstw obniżały się wskaźniki jakości gleby przeznaczanej pod uprawę pszenicy. Podobnie było też w przypadku nawożenia obornikiem. Im większe gospodarstwo tym dłuższy okres od terminu ostatniego stosowania nawożenia organicznego. Natomiast w przypadku nawożenia mineralnego, stosowania kwalifikowanego materiału siewnego i ochrony chemicznej odnotowano odwrotną zależność; wraz ze wzrostem powierzchni rosła intensywność nawożenia, ochrony i udział kwalifikowanego materiału siewnego. Wzrost tych czynników produkcji skutecznie rekompensowała niższą, jakość gleby i rzadsze stosowanie obornika. Najniższe plony

osiągano w grupie gospodarstw poniżej 10 ha. Wraz ze zwiększaniem powierzchni gospodarstwa rosły też plony. Najwyższe plony osiągnęto w gospodarstwach mieszczących się w przedziałach obszarowych od 25 do 50 i od 50 do 100 ha (rys. 8).



Rys. 8. Zróżnicowanie plonowania pszenicy ozimej w zależności od rejonu i wielkości gospodarstwa
Fig. 8. Differentiation of winter wheat yields depending on region and farm size

Uzyskane wyniki, podobnie jak wyniki badań Kopińskiego i Krasowicza (2010) wskazują na związek między wartością wskaźników charakteryzujących poziom agrotechniki a strukturą agrarną i związaną z tym skalą produkcji. Występują również wyraźne różnice regionalne.

WNIOSKI

1. W całym kraju następował wzrost nawożenia i intensywności ochrony chemicznej, niemniej utrzymuje się zróżnicowanie rejonowe między wschodnią a zachodnią częścią Polski. W ostatnich latach jest nawet wyraźniejsze niż na początku ostatniego dziesięciolecia.
2. Stale wzrastał potencjał plonowania uprawianych odmian. Podobnie jak w przypadku nawożenia tu także utrzymuje się zróżnicowanie rejonowe w zaopatrzeniu w nasiona nowych odmian i w wykorzystaniu istniejącego potencjału plonowania.
3. Efekty uprawy w większym stopniu zależały od wielkości gospodarstwa niż rejonu uprawy. Najwyższe plony osiągnęto w gospodarstwach mieszczących się w przedziale obszarowym od 50 do 100 ha.
4. Dla każdego roku badań ankietowych stwierdzono istotne różnice w plonowaniu, w zależności od zastosowanego materiału siewnego. Wyraźne jest zróżnicowanie

regionalne. Większe różnice, przekraczające 24%, czyli ponad 13 dt/ha stwierdzono w rejonach północnych.

LITERATURA

- Feyerham A. M., Kemp K. E., Paulsen G. M. 1989. Genetic contribution to increased wheat yields in the USA between 1979 and 1984 *Agron. J.* 81: 242 — 245.
- Harasim A., Matyka M. 2009. Zmiany technologii produkcji pszenicy ozimej w ujęciu długookresowym. *Journal of Agrobusiness and Rural Development* 2 (12): 61 — 66.
- Harasim A., Matyka M. 2005. Ważniejsze elementy technologii produkcji wpływające na poziom plonowania pszenicy ozimej oraz ich zmiana w ujęciu długookresowym. *Pamiętnik Puławski. Z.* 140: 59 — 68.
- Kopiński J. 2006. Zróżnicowanie nawożenia jako miara intensywności produkcji roślinnej w regionach. *Wiś Jutra* 6 (95): 15 — 17.
- Kopiński J., Krasowicz S. 2010. Regionalne zróżnicowanie polskim warunków produkcji rolniczej w Polsce. *Studia i Raporty IUNG — PIB, Z.* 22: 9 — 29.
- Krasowicz S., Kuś J. 2006. Regionalne zróżnicowanie produkcji roślinnej w Polsce na tle warunków przyrodniczych i ekonomiczno-organizacyjnych. *Wiś Jutra* 6 (95): 3 — 8.
- Krzymuski J., Laudański Z. 1992. Próba oceny działania i współzależności czynników plonowania w warunkach produkcyjnych. *Fragm. Agron.* 4: 27 — 34.
- Krzymuski J., Laudański Z., Oleksiak T. 1993. Poziom i działanie czynników plonowania gospodarstwach indywidualnych i państwowych. *Biul. IHAR* 185: 15 — 32.
- Oleksiak T. 2011. Czynniki warunkujące poziom plonowania pszenicy ozimej w produkcji towarowej. Część I. Zmiany w latach 1986–2010. *Biul. IHAR* 260/261: 43 — 55.
- Oleksiak T. 2011. Rynek środków produkcji dla rolnictwa. *Analizy Rynkowe. Rynek Nasion* Nr 38: 27 — 33.
- Oleksiak T., Mańkowski D. R., Laudański Z. 2004. Metoda oceny postępu hodowlanego w warunkach produkcyjnych. *Colloquium Biometryczne* 34a: 109 — 121.
- Roczniki Statystyczne GUS z lat 1987 — 2010. Wydawnictwa Statystyczne, Warszawa.
- SAS Institute Inc. 2004. SAS/ETS 9.1 Users guide. SAS Publishing, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Syntezy wyników doświadczeń rejestrowych 1970–2000, COBORU.
- Witek T. (red.) 1981. Waloryzacja rolniczej przestrzeni produkcyjnej Polski według gmin. Puławy, IUNG.
- Wyniki Porejstrowych Doświadczeń Odmianowych COBORU 2001–2010.

HENRYK BUJAK¹**GWIDON TRATWAL**²¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa² Stacja Doświadczalna Oceny Odmian w Kościelnej Wsi

Ocena stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej na podstawie doświadczeń porejestrowych w Polsce*

Estimation of winter wheat yielding stability according to post-registration variety trials in Poland

Zadaniem systemu Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) jest ułatwienie rolnikom dokonania trafnego doboru najwartościowszych odmian do uprawy, dostosowanych do lokalnych warunków. Celem badań była ocena stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej w Polsce na podstawie doświadczeń porejestrowych. Doświadczenia założono w 12 miejscowościach na terenie kraju, w różnych warunkach klimatyczno-glebowych. Badania przeprowadzono w ciągu trzech sezonów wegetacyjnych z 23 odmianami pszenicy ozimej na dwóch poziomach agrotechnicznych. Wykonano analizę struktury interakcji genotypowo-środowiskowej dla plonu ziarna odmian pszenicy ozimej. Dokonano także oceny efektów głównych oraz ich interakcji z latami, miejscowościami i środowiskami. Na obydwu poziomach agrotechniki, nie stwierdzono odmian stabilnych pod względem plonowania. Każdy z badanych genotypów wykazał istotną interakcję ze środowiskami klimatyczno-glebowymi. Najwyżej plonującymi odmianami na obydwu poziomach agrotechnicznych były Trend i Bogatka.

Słowa kluczowe: doświadczenia porejestrowe, interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima, stabilność plonowania

The main aim of the Post-Registration Variety Testing System is facilitating choice of the most valuable varieties adapted to at the local soil and weather conditions. The purpose of the study was estimation of winter wheat yielding stability in Poland. Field experiments were conducted at 12 locations of different soil and weather conditions. The experiments were carried out during three vegetation seasons using 23 winter wheat varieties. The reaction of winter wheat cultivars to different environment conditions was determined. The genotype $\times$ environment interaction for chosen winter wheat varieties yield was calculated. Additionally, the estimation of main effects, their interactions with years, places and environments (environments as combinations of years and locations) was performed. No stable yielding cultivar was recorded on two levels of cultivation intensity. Each of the tested

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

genotypes showed significant interaction with climate and soil environment. Trend and Bogatka proved to be the highest yielding cultivars on both levels of cultivation technology.

Key words: post-registration variety trials (PDO), winter wheat, yielding stability

WSTĘP

Najważniejszym i najczęściej uprawianym zbożem w Polsce jest pszenica zajmująca około 26% ogólnego arealu zbóż, przy czym forma ozima stanowi ok. 82% arealu pszenicy (GUS, 2009). W Polsce prawie połowa produkowanego ziarna użytkowana jest do produkcji wielu asortymentów pieczywa, wyrobów ciastkarskich, makaronowych i innych produktów żywnościowych. Dla każdego z tych kierunków użytkowania potrzebne są odmiany o odmiennych cechach jakościowych, co sprawia, że hodowane są i rejestrowane nowe odmiany, których ziarno wykazuje cechy odpowiednie do danego kierunku wykorzystania i które są odpowiednie do uprawy w określonych warunkach klimatycznych kraju, bądź jego poszczególnych rejonach (Ignaczak, 2000; Rothkaehl, 2009).

Wartość gospodarcza odmian, po ich rejestracji, badana jest w systemie Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO), a wyniki tych badań ukierunkowane są bezpośrednio na potrzeby praktyki rolniczej (Gacek, 1998; Gacek i Behnke, 1999, 2006). Umożliwiają one tworzenie list odmian zalecanych do uprawy, które mają ułatwić rolnikom dokonanie trafnego doboru najwartościowszych odmian, dostosowanych do lokalnych warunków glebowych i klimatycznych. Badania te pozwalają także na poznanie interakcji odmian ze środowiskami glebowo-klimatycznymi oraz umożliwiają ocenę stabilności plonowania odmian. Wśród odmian pszenicy poszukuje się takich, które charakteryzują się wysokim i stabilnym plonem w różnych warunkach glebowo-klimatycznych oraz powtarzanym w kolejnych latach, czyli odmian wysokiej stabilności plonowania (Navabi i in., 2006). Czasami za pożądane genotypy uznaje się takie, które są lokalnie — wąsko zaadaptowane do określonych warunków środowiska, ale wykazują dużą powtarzalność w latach (Annicchiarico i in., 2006). Do oceny stabilności plonowania odmian wykorzystuje się wiele metod, z których najlepsze wydają się te, które łączą oceny średnich genotypowych plonów i wariancje ich zmienności (Bujak i in., 2008 a, 2008 b; Iwańska i in., 2009).

Celem niniejszej pracy była ocena stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej w Polsce, a w szczególności poznanie genotypów stabilnych najkorzystniej reagujących na intensywne warunki uprawy oraz odmian, które można zarekomendować do mniej korzystnych warunków uprawy.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły zarejestrowane i przyjęte do doświadczeń porejestrowych odmiany pszenicy ozimej. W badaniach uwzględniono 23 odmiany pszenicy ozimej. Analizowano plonowanie odmian pszenicy ozimej na dwóch poziomach agrotechniki a1 i a2 (a1 — poziom standardowy, a2 — poziom intensywny, gdzie stosuje się zwiększone nawożenie o 40 kg N oraz ochronę chemiczną) w ramach Porejestrowego

Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO). Doświadczenia zakładano w układzie pasów prostopadłych (split-block) w dwóch powtórzeniach, na poletkach o powierzchni do zbioru 12,0 m². Doświadczenia połowe przeprowadzono w 12 miejscowościach zlokalizowanych w zachodniej Polsce, w różnych warunkach klimatyczno-glebowych. Założono je na glebach zaliczanych do kompleksów przydatności rolniczej od 1 do 5 i klas bonitacyjnych od I do IVb. Badania prowadzono w ciągu trzech kolejnych sezonów wegetacyjnych (2005/2006, 2006/2007, 2007/2008).

Otrzymane wyniki w poszczególnych latach i miejscowościach poddano analizom statystycznym zgodnie z metodyką dla serii analiz odmianowych (Caliński i in., 2003). Do obliczeń statystycznych wykorzystano program komputerowy SerGen 4. Przeprowadzono następujące analizy: wstępną, genotypów, ocenę efektów genotypowych, analizę interakcji genotypów z latami, miejscowościami i środowiskami rozumianymi jako kombinacje lat i środowisk.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wiedza o reakcjach odmian w różnych warunkach środowiskowych pozwala na dobór najwłaściwszej do określonych warunków glebowo-klimatycznych gospodarstwa. W tym celu należy analizować wyniki doświadczeń pochodzących z jak największej liczby miejscowości przez okres kilku lat. Doświadczenia takie określane mianem wielokrotnych doświadczeń odmianowych dają pełną wiedzę o zachowaniu się genotypów w miejscowościach reprezentatywnych dla danego środowiska, o ich reakcji na zmienne warunki glebowo-klimatyczne, jak i reakcję na polepszenie bądź pogorszenie warunków uprawy (Elandt, 1956; Caliński, 1967; Kaczmarek, 1986; Mądry i in., 2010).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech
Analysis of variance mean squares for the assessed traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody DF	Plon ziarna — Grains yield	
		przeciętny poziom uprawy (a1) average level of cultivation	intensywny poziom uprawy (a2) intensive level of cultivation
Lata (T) — Years	2	19015,63**	20974,38**
Miejscowości (P) — Locations	11	8379,22**	13089,90**
Środowiska (E) — Environments	22	1310,31**	1619,59**
Genotypy (G) — Genotypes	22	199,81**	254,04**
Interakcja genotypy × lata (GT) Genotype × year interaction	44	47,24**	32,84**
Interakcja genotypy × miejscowości (GP) Genotype × location interaction	242	28,49**	31,33**
Interakcja genotypy × środowiska (GE) Genotype × environment interaction	484	20,47**	22,27**
Odchyl. regresji — Regression deviation	462	19,37**	12,41**
Błąd doświadczalny — Error	792	5,15	5,75

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significance at $\alpha = 0.05$

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significance at $\alpha = 0.01$

Średnie kwadraty zmienności z łącznej analizy wariancji dla plonu ziarna przedstawiono w tabeli 1.

Wyniki te pozwoliły na weryfikację hipotez zerowych o braku zróżnicowania genotypów, lat, miejscowości i środowisk, rozumianych jako kombinacje lat z miejscowościami oraz interakcji genotypów z latami, miejscowościami i środowiskami. Wykazano istotność zróżnicowania między odmianami, miejscowościami oraz latami badań dla obu poziomów uprawy. Wystąpiła także istotna interakcja genotypów z badanymi środowiskami glebowo-klimatycznymi.

W tabeli 2 zestawiono średnie plony odmian pszenicy ozimej w poszczególnych sezonach wegetacyjnych. Najwyższe plony uzyskano w sezonie wegetacyjnym 2007/2008. Najwyższymi planami na standardowym poziomie agrotechnicznym (a1) wykazały się Rapsodia (75,3 dt/ha), Bogatka (74,4 dt/ha), Trend (73,6 dt/ha) i Flair (71,9 dt/ha). Na intensywnym poziomie agrotechnicznym (a2) najwyżej plonowały Rapsodia (84,0 dt/ha), Bogatka (83,6 dt/ha) i Kris (83,6 dt/ha). Można zatem stwierdzić, że spośród badanych odmian, niezależnie od poziomu agrotechniki, najlepiej plonowały Rapsodia i Bogatka. Najwyższy wzrost plonu spowodowany podwyższeniem poziomu intensywności agrotechniki stwierdzono dla odmiany Kris.

Tabela 2

Plony ziarna (dt/ha) odmian pszenicy ozimej w sezonach 2006–2008
Winter wheat yield (dt/ha) in vegetation seasons 2006–2008

Odmiana Cultivar	Przeciętny poziom uprawy (a1) Average level of cultivation				Intensywny poziom uprawy (a2) Intensive level of cultivation			
	2005\06	2006\07	2007\08	średnia mean	2005\06	2006\07	2007\08	średnia mean
Tonacja	62,75	67,28	78,67	69,56	70,25	81,08	87,38	73,63
Finezja	62,22	69,25	80,22	70,56	69,84	80,86	89,80	80,17
Bogatka	68,19	70,06	84,83	74,36	74,72	83,22	92,84	83,59
Sakwa	62,86	67,05	81,59	70,50	71,31	78,03	91,75	80,36
Mewa	62,03	68,61	76,08	68,91	67,19	78,83	84,70	76,91
Zyta	62,06	65,19	74,67	67,31	68,39	76,56	84,00	76,32
Kris	66,62	67,50	80,78	71,63	74,58	84,42	91,69	83,57
Nutka	64,56	68,69	79,28	70,84	70,58	79,39	86,92	78,96
Sukces	62,22	69,14	75,81	69,06	68,00	79,72	84,39	77,37
Turnia	61,59	64,67	80,11	68,79	70,50	77,14	89,69	79,11
Flair	63,56	68,94	83,20	71,90	70,86	80,67	90,80	80,78
Kobiera	59,39	65,39	77,75	67,51	69,06	77,95	85,81	77,60
Nadobna	65,11	66,70	80,69	70,83	71,33	82,00	89,86	81,07
Rapsodia	68,42	70,92	86,53	75,29	75,12	81,97	95,11	84,07
Rywalka	59,56	64,30	76,22	66,69	65,67	74,19	83,14	74,33
Trend	67,64	69,28	83,86	73,59	74,47	82,39	91,31	82,72
Dorota	62,78	64,61	80,72	69,37	72,95	78,45	88,86	80,09
Fregata	58,58	70,11	73,58	67,42	65,45	80,19	82,03	75,89
Muza	62,28	61,86	74,22	66,12	68,11	74,94	82,17	75,07
Smuga	61,31	70,06	76,97	69,45	69,11	81,53	85,94	78,86
Zawisza	62,58	66,33	78,31	69,07	71,86	77,34	87,83	79,01
Legenda	62,58	68,89	76,14	69,20	69,94	80,31	85,97	78,74
Wydma	60,42	66,14	78,64	68,40	70,97	78,83	89,11	79,64
Średnia — Mean	63,01	67,43	82,60	72,43	72,68	80,13	88,91	79,54
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}		1,29		0,27		1,36		0,28

Analizując wyniki otrzymane z analizy szczegółowej genotypów w standardowych warunkach agrotechniki (tab. 3) można stwierdzić, że wśród 23 porównywanych odmian 11 było takich, których efekty główne, czyli odchylenia od średniej ogólnej, były różne od zera na poziomie istotności co najmniej 0,05.

Tabela 3

**Ocena efektów głównych genotypów pszenicy ozimej oraz testowanie interakcji genotypowo-
środowiskowej dla plonu ziarna**
**Estimation of main effects for winter wheat genotypes and testing genotype-environment interaction
for grain yield**

Odmiana Cultivar	Przeciętny poziom uprawy (a1) Average level of cultivation					Intensywny poziom uprawy (a2) Intensive level of cultivation				
	ocena efektu głównego estimation of main effect	stat. F dla efektu głównego stat. F for main effect	statystyka f dla interakcji z stat. f for interaction with			ocena efektu głównego estimation of main effect	stat. F dla efektu głównego stat. F for main effect	statystyka F dla interakcji z: stat. F for interaction with		
			latami years	miejsco- wościami places	środowi- skami environments			latami years	miejsco- wościami places	środowi- skami environments
Tonacja	-0,28	0,19	0,01	1,27	3,03**	0,28	0,18	0,92	0,69	2,78**
Finezja	0,72	1,37	1,61	0,92	2,79**	0,87	2,21	1,69	0,68	2,24**
Bogatka	4,52	30,88**	1,40	0,51	4,83**	4,30	24,35**	0,19	0,78	4,97**
Sakwa	0,66	0,57	1,13	0,95	5,54**	1,07	1,47	3,17	1,10	5,07**
Mewa	-0,94	1,85	3,08	1,90	3,45**	-2,39	8,27**	0,99	1,10	4,51**
Zyta	-2,54	17,86**	2,82	1,21	2,63**	-2,98	14,26**	0,44	1,41	4,07**
Kris	1,79	5,05*	1,65	0,51	4,63**	4,27	34,33**	0,18	0,93	3,47**
Nutka	1,00	2,74	0,46	1,99	2,67**	-0,33	0,15	0,14	1,22	4,78**
Sukces	-0,79	0,84	2,82	1,93	5,36**	-1,93	4,51*	1,42	2,33	5,38**
Turnia	-1,05	4,32*	4,79*	2,49*	1,88**	-0,19	0,05	2,31	0,98	4,30**
Flair	2,06	10,19**	2,74	1,82	3,04**	1,48	5,86*	1,50	2,18	2,45**
Kobiera	-2,33	13,51**	1,14	0,65	2,94**	-1,69	4,95*	0,07	0,36	3,79**
Nadobna	0,99	2,48	1,94	1,73	2,90**	1,77	6,12*	0,42	1,55	3,35**
Rapsodia	5,45	25,03**	1,11	1,88	8,65**	4,77	49,02**	4,19*	3,38**	3,04**
Rywalka	-3,15	34,73**	0,10	2,75*	2,09**	-4,96	55,12**	0,09	3,21**	2,92**
Trend	3,75	20,99**	1,36	2,72*	4,90**	3,43	16,87**	0,17	3,23**	4,55**
Dorota	-0,47	0,54	4,06*	1,33	3,01**	0,79	1,29	2,26	1,57	3,18**
Fregata	-2,42	8,13**	9,15	1,72	5,25**	-3,41	12,72**	4,53*	1,25	5,97**
Muza	-3,72	32,59**	5,36*	1,46	3,10**	-4,22	46,97**	2,60	1,40	2,49**
Smuga	-0,40	0,23	3,36	0,88	5,00**	-0,43	0,26	2,02	0,92	4,75**
Zawisza	-0,77	1,02	0,06	0,50	4,23**	-0,29	0,22	2,96	0,90	2,48**
Legenda	-0,64	0,79	3,13	0,93	3,78**	-0,55	0,45	0,86	0,54	4,45**
Wydma	-1,44	2,66	0,50	0,94	5,72**	0,34	0,19	0,54	1,15	4,04**
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$										
		4,30	3,44	2,26	1,56	$\alpha=0,05$	4,30	3,44	2,26	1,56
Critical value $\alpha = 0.05$										
Wartość krytyczna $\alpha = 0,01$										
		7,95	5,72	3,18	1,86	$\alpha=0,01$	7,95	5,72	3,18	1,86
Critical value $\alpha = 0.01$										

Wśród nich pięć odmian, tj.: Bogatka, Kris, Flair, Rapsodia i Trend odznaczyły się dodatnimi, a sześć — Zyta, Turnia, Kobiera, Rywalka, Fregata i Muza ujemnymi efektami. Porównując genotypy między sobą można zauważyć, że najbardziej od przeciętnego poziomu plonowania odbiegają w kierunku dodatnim odmiany Rapsodia, Bogatka i Trend, a najbardziej w kierunku ujemnym od średniego plonu odbiegają Muza i Rywalka.

Odmiany Turnia, Dorota i Muza wykazują istotną interakcję z latami badań, tzn., że ich plon był istotnie modyfikowany przez warunki klimatyczne w poszczególnych latach badań. Pozostałe odmiany charakteryzowały się stabilnością plonowania w analizowanym okresie. Reakcje odmian w miejscowościach, w kolejnych latach badań, na obydwu poziomach uprawy, mierzone wartościami statystyki F dla interakcji odmian ze środowiskami były istotnie różne na poziomie istotności, co najmniej 0,05 dla wszystkich odmian (tab. 3).

Spośród badanych odmian pszenicy ozimej można wyróżnić jako wysoko i stabilnie plonujące w latach i miejscowościach w warunkach standardowej agrotechniki odmiany Bogatka, Rapsodia, Flair i Kris. Odmiana Trend plonuje również powyżej przeciętnego plonu jednak jej poziom plonowania jest istotnie modyfikowany przez warunki klimatyczno-glebowe miejscowości (tab. 3).

W warunkach intensywnej agrotechniki 13 odmian wykazało efekty główne różne od zera na poziomie istotności 0,05 (tab. 3). W tym wariancie uprawy sześć odmian — Bogatka, Kris, Flair, Nadobna, Rapsodia i Trend uzyskały istotnie dodatnie wartości oceny efektu głównego. Odmiany Mewa, Zyta, Sukces, Kobiera, Rywalka, Fregata i Muza charakteryzowały się istotnie ujemnymi oszacowaniami efektu głównego. Porównując genotypy między sobą stwierdzono, że Bogatka, Kris i Rapsodia najbardziej odbiegły w kierunku dodatnim od przeciętnego plonowania. Najbardziej w kierunku ujemnym od średniego plonu, spośród badanych odmian, podobnie jak na przeciętnym poziomie uprawy, odbiegały Rywalka i Muza (tab. 3).

Istotną interakcję odmian z latami na poziomie α_2 wykazały odmiany Rapsodia i Fregata, a z miejscowościami Rapsodia, Rywalka i Trend. Podobnie jak w przeciętnych warunkach uprawy, plony wszystkich odmian pszenicy ozimej były istotnie modyfikowane przez warunki klimatyczno-glebowe w poszczególnych miejscowościach, o czym świadczą istotne wartości statystyki F dla interakcji odmian ze środowiskami (tab. 4).

Wszystkie badane odmiany pszenicy ozimej w warunkach zarówno standardowej, jak i intensywnej agrotechniki są niestabilne pod względem plonowania, a ich interakcji ze środowiskiem nie można bezpośrednio wytłumaczyć regresyjną zależnością plonu od średniej środowiska.

Wartość współczynnika regresji, determinacji oraz statystyki F dla regresji i odchyleń dla poszczególnych genotypów umożliwia częściowe wyjaśnienie interakcji genotypowo-środowiskowej (tab. 4). Dodatkowo, pomocne są wykresy przedstawiające graficznie charakter tej interakcji. Dzięki takiemu podejściu możliwy jest podział odmian na intensywne, ekstensywne oraz nieprzewidywalne, tj. takie, których reakcji na zmieniające się warunki środowiska w statystyczny sposób nie można przewidzieć (Caliński in., 2003).

Tabela 4

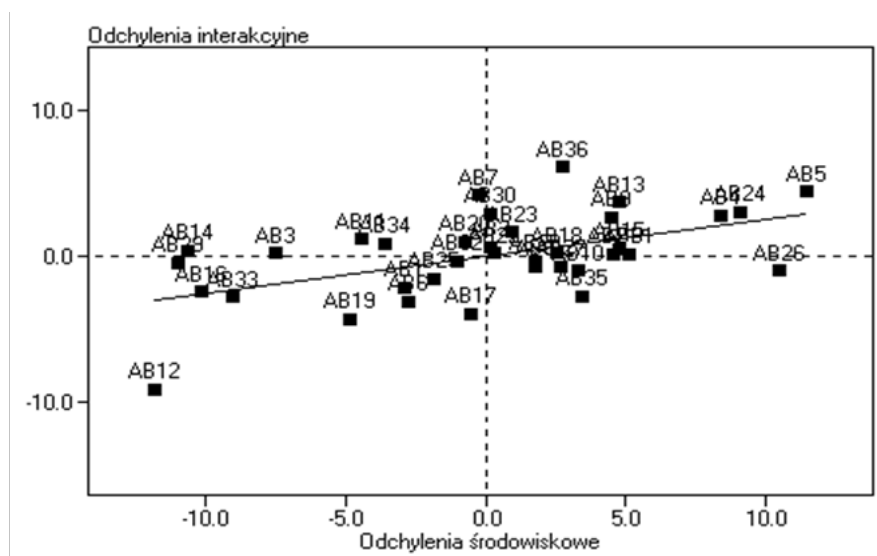
Testowanie regresji interakcji poszczególnych genotypów względem środowiska dla plonu ziarna
Testing of regression interaction for genotypes regarding to environment for grain yield

Odmiana Cultivar	Przeciętny poziom uprawy (a1) Average level of cultivation				Intensywny poziom uprawy (a2) Intensive level of cultivation				
	współczynnik ratio of		statystyka F dla interakcji z stat. F for interaction with		współczynnik ratio of		statystyka F dla interakcji z: stat. F for interaction with		
	regresji regression	determin. (%) determination	regresji regression	odchyleń deviation	regresji regression	determin. (%) determination	regresji regression	odchyleń deviation	
Tonacja	-0,06	1,45	0,31	3,13**	-0,08	2,70	0,58	2,83**	
Finezja	-0,06	1,30	0,28	2,88**	-0,05	1,25	0,27	2,32**	
Bogatka	-0,16	6,47	1,45	4,73**	-0,05	0,59	0,12	5,17**	
Sakwa	0,10	2,20	0,47	5,68**	0,07	1,40	0,30	5,24**	
Mewa	-0,04	0,53	0,11	3,60**	-0,11	3,34	0,73	4,57**	
Zyta	-0,01	0,02	0,00	2,76**	-0,16	8,48	1,95	3,90**	
Kris	0,23	13,10	3,16	4,22**	0,18	11,46	2,72	3,22**	
Nutka	0,25	27,95	8,15**	2,01**	0,26	17,42	4,43*	4,14**	
Sukces	0,12	3,30	0,72	5,43**	0,04	0,32	0,07	5,62**	
Turnia	0,01	0,12	0,03	1,97**	0,32	30,89	9,38**	3,11**	
Flair	0,11	4,32	0,95	3,04**	0,05	1,43	0,31	2,53**	
Kobiera	-0,17	11,15	2,63	2,73**	-0,06	1,07	0,23	3,93**	
Nadobna	-0,15	9,47	2,20	2,75**	-0,06	1,55	0,33	3,45**	
Rapsodia	0,45	26,72	7,66*	6,64**	0,18	13,09	3,16	2,77**	
Rywalka	0,02	0,27	0,06	2,18**	-0,02	0,11	0,02	3,06**	
Trend	0,16	6,12	1,37	4,82**	0,04	0,55	0,12	4,74**	
Dorota	-0,10	3,63	0,79	3,04**	0,10	4,14	0,91	3,20**	
Fregata	-0,18	6,83	1,54	5,13**	-0,28	16,57	4,17	5,21**	
Muza	-0,19	13,72	3,34	2,81**	-0,23	27,46	7,95*	1,89**	
Smuga	-0,44	44,53	16,86**	2,91**	-0,27	20,28	5,34*	3,97**	
Zawisza	-0,06	0,89	0,19	4,39**	0,10	4,70	1,04	2,47**	
Legenda	0,00	0,00	0,00	3,96**	0,10	2,70	0,58	4,53**	
Wydma	0,15	4,79	1,06	5,71**	-0,07	1,47	0,31	4,17**	
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$			4,32	1,57	$\alpha=0,05$			4,32	1,57
Critical value $\alpha = 0.05$									
Wartość krytyczna $\alpha = 0,01$			8,02	1,88	$\alpha=0,01$			8,02	1,88
Critical value $\alpha = 0.01$									

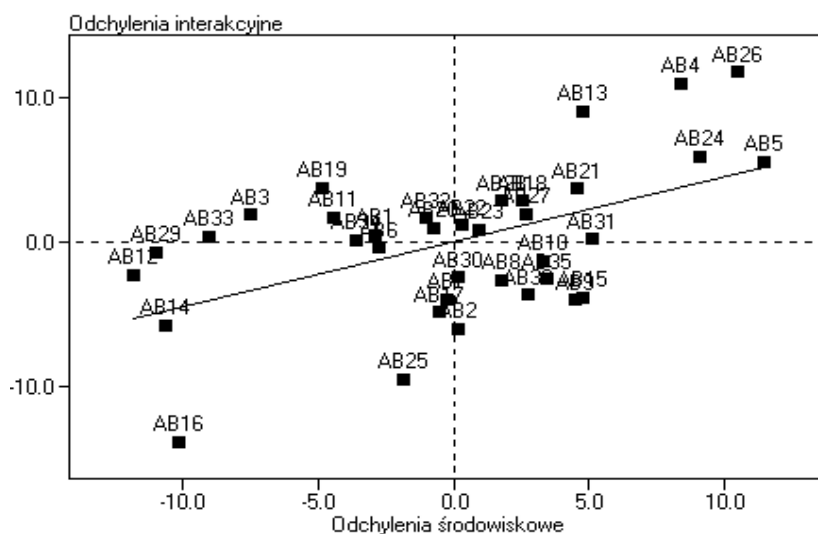
Na przeciętnym poziomie uprawy odmiany Nutka i Rapsodia wykazały istotne, dodatnie interakcje względem średniej środowiskowej. W świetle uzyskanych wyników można, zatem je uznać za odmiany intensywne, ponieważ wraz z poprawą warunków środowiska ich plon wzrasta (rys. 1 i 2). Odmianę Smuga na tym poziomie agrotechniki zaliczyć można do genotypów ekstensywnych ze względu na istotną ujemną regresyjną zależność w stosunku do średniej środowiskowej. W badanym trzyleciu odmianę Smuga, na poziomie a1, można uznać za taką, która wykazuje pozytywną interakcję ze środowiskami o przeciętnie niższych plonach, a negatywną ze środowiskami o przeciętnie wyższych plonach.

Na poziomie intensywnym odmiany Nutka i Turnia wykazały istotny dodatni współczynnik regresji, czyli wykazują pozytywną interakcję ze środowiskami o przeciętnie wyższych plonach (formy intensywne). Odmiany Muza i Smuga, na poziomie intensywnej

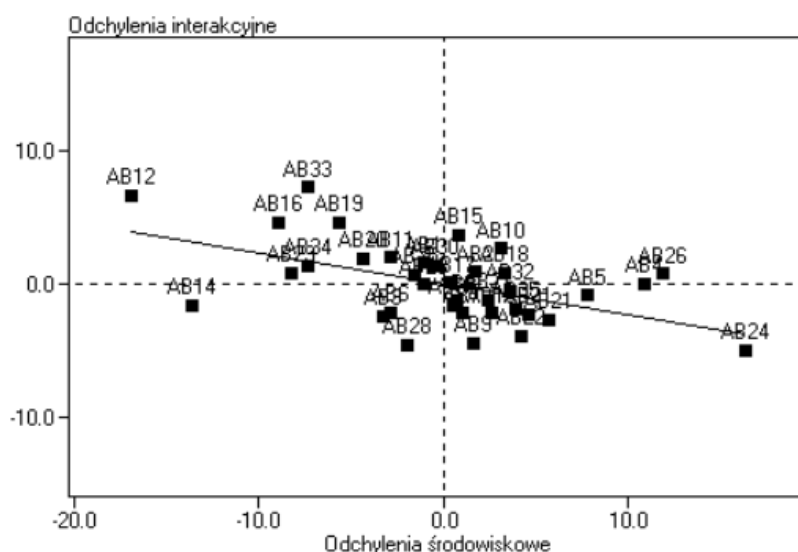
agrotechniki, zaliczyć można do genotypów ekstensywnych — wykazały istotnie ujemną interakcję ze środowiskami (rys. 3 i 4).



Rys. 1. Regresja efektów interakcyjnych odmiany Nutka względem środowiska na przeciętnym poziomie agrotechniki dla plonu ($b = 0,25$). AB1-AB36 środowiska jako kombinacje lat i miejscowości
Fig. 1. Regression of yield interaction effects for variety Nutka at the average level of cultivation ($b = 0,25$). Environments AB1-AB36 as combinations of years and places

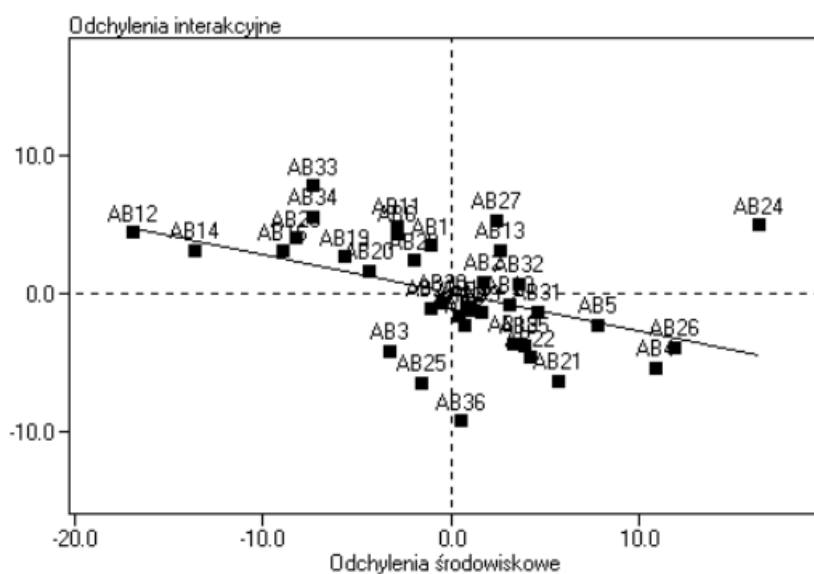


Rys. 2. Regresja efektów interakcyjnych odmiany Rapsodia względem środowiska na przeciętnym poziomie agrotechniki dla plonu ($b = 0,45$). AB1-AB36 środowiska jako kombinacje lat i miejscowości
Fig. 2. Regression of yield interaction effects for variety Rapsodia at the average level of cultivation ($b = 0,45$). Environments AB1 - AB36 as combinations of years and places



Rys. 3. Regresja efektów interakcyjnych odmiany Muza względem środowiska na intensywnym poziomie agrotechniki dla plonu ($b = -0,23$). AB1 - AB36 środowiska jako kombinacje lat i miejscowości

Fig. 3. Regression of yield interaction effects for variety Muza at the intensive level of cultivation ($b = -0,23$). Environments AB1-AB36 as combinations of years and places



Rys. 4. Regresja efektów interakcyjnych odmiany Smuga względem środowiska na intensywnym poziomie agrotechniki dla plonu ($b = -0,27$). AB1 - AB36 środowiska jako kombinacje lat i miejscowości

Fig. 4. Regression of yield interaction effects for variety Smuga at the intensive level of cultivation ($b = -0,27$). Environments AB1-AB36 as a combinations of years and places

Uzyskane wyniki, o znacznym udziale wariancji efektów interakcji odmian pszenicy ozimej ze środowiskami glebowo-klimatycznymi w zmiennych warunkach przyrodniczych Polski znajdują odzwierciedlenie w badaniach przeprowadzonych w oparciu o wyniki doświadczeń porejestrowych (Mądry, 2003; Weber i in., 2006; 2007; Drzazga i in., 2009; Derejko i in., 2011). Coraz częściej w opracowaniach dotyczących badania interakcji odmian ze środowiskiem spotyka się ocenę ich stopnia adaptacyjności do rejonu uprawy (Mądry, 2002; 2003; Mądry i in. 2006; Bujak i in., 2008 a; 2008 b). Ułatwia to wybór odmian o wąskiej adaptacji, przydatnych do mikrorejonizacji, a więc do rejonów lub podrejonów o określonych warunkach klimatyczno-glebowych (Grüneberg i in., 2005). Jednak znaczny udział interakcji odmian z miejscowością i latami w ogólnej zmienności plonów w tego typu doświadczeniach utrudnia wybór odmian odznaczających się szeroką adaptacją do określonych rejonów kraju (Mądry i in., 2006). Zróżnicowania reakcja odmian na warunki środowiskowe oraz duża rotacja odmian w doświadczeniach porejestrowych wskazują na konieczność badania nowych odmian pod kątem ich interakcji ze środowiskami i stabilności plonowania.

WNIOSKI

1. Wykazano istotne zróżnicowanie badanych odmian pszenicy ozimej dla plonu oraz ich interakcję z latami, miejscowościami i środowiskami na obydwu poziomach intensywności uprawy.
2. Niezależnie od poziomu agrotechniki, najlepiej plonowały odmiany Rapsodia i Bogatka. Odmiana Kris charakteryzowała się najwyższym przyrostem plonu spowodowanym podwyższeniem intensywności agrotechniki.
3. Niezależnie od zastosowanej agrotechniki wszystkie badane odmiany wykazały istotną interakcję ze środowiskiem klimatyczno-glebowym, co wskazuje na małą stabilność plonowania w latach.
4. Wśród odmian o istotnej interakcji genotypowo-środowiskowej wysoko plonowały na obydwu poziomach agrotechnicznych Bogatka, Kris, Flair i Trend oraz Rapsodia i Nadobna w warunkach intensywnej agrotechniki.
5. Istotnie dodatnie wartości współczynnika regresji plonów względem środowiska u odmiany Nutka na obydwu poziomach agrotechniki oraz u odmiany Turnia na poziomie intensywnej agrotechniki pozwalają na ich zaliczenie do odmian intensywnych, czyli silnie reagujących wzrostem plonów spowodowanych poprawą warunków siedliskowych. Odmiana Smuga na obydwu poziomach agrotechniki uzyskiwała ujemne wartości współczynnika regresji, co świadczy o tym, że jest odmianą ekstensywną.

LITERATURA

- Annicchiarico P., Russi L., Piano E., Veronesi F. 2006. Cultivar adaptation across Italian locations in four turf grass species. *Crop Sci.* 46: 264 — 272.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008 a. Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod. *Biul. IHAR* 250: 189 — 201.

- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008 b. Zastosowanie metody rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności do badania stabilności plonowania odmian żyta. *Biul. IHAR* 250: 217 — 224.
- Caliński T. 1967. Model analizy wariancji dla doświadczeń wielokrotnych. *Roczn. Nauk Rol. Seria A*, 93: 549 — 579.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P. 2003. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 4. Metodyka statystyczna i obsługa programu SERGEN (Wersja 4 dla Windows) przeznaczonego do analizy serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych. Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.
- Derejko A., Mądry W., Gozdowski D., Rozbicki J., Golba J., Piechociński M., Studnicki M. 2011. Wpływ odmian, miejscowości i intensywności uprawy oraz ich interakcji na plon pszenicy w doświadczeniach PDO. *Biul. IHAR* 259: 131 — 146.
- Drzazga T., Paderewski J., Mądry W., Krajewski P. 2009. Ocena rodzajów reakcji plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach PDO na przestrzenne zmienne warunki przyrodnicze kraju. *Biul. IHAR* 253: 71 — 82.
- Elandt R. 1956. O pewnych testach interakcji w doświadczeniach wieloletnich i wielokrotnych. *Zagadnienie rejonizacji. Zast. Mat.*: 38 — 45.
- Gacek E. 1998. Program porejestrowego doświadczalnictwa odmianowego w Polsce. *Hodowla Roślin i Nasiennictwo* 3: 32 — 34.
- Gacek E., Behnke M. 1999. Stan realizacji porejestrowego doświadczalnictwa odmianowego w Polsce. *Hod. Rośl. Nasien.* 3: 42 — 47.
- Gacek E., Behnke M. 2006. Wdrażanie postępu biologicznego do praktyki rolniczej w warunkach gospodarki rynkowej. *Biul. IHAR* 240/241: 83 — 90.
- Grüneberg W. J., Manrique K., Hang D., Hermann M. 2005. Genotype $\times$ environment interactions for a diverse set of sweet potato clones evaluated across varying ecogeographic conditions in Peru. *Crop Sci.* 45: 2160 — 2171.
- GUS. 2009. Użytkowanie gruntów, powierzchnia zasiewów i pogłowie zwierząt gospodarskich w 2009 r. Warszawa: 80 ss.
- Ignaczak S. 2000. Rośliny zbożowe. Wyd. Uczelniane Akademii Techniczno-Rolniczej, Bydgoszcz.
- Iwańska M., Mądry W., Rajfura A., Drzazga T. 2009. Porównanie syntetycznych wskaźników stopnia szerokiej adaptacji odmian na przykładzie serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą. *Biul. IHAR* 253: 31 — 45.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. *Roczn. AR w Poznaniu. Rozprawy Naukowe* 155.
- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Rol., seria A*, 116: 11 — 24.
- Mądry W. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska. Cz. II. Model mieszany Shukli i model regresji łącznej. *Coll. Biom.*: 207 — 220.
- Mądry W., Talbot M., Ukalski K., Drzazga T., Iwańska M. 2006. Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 13 — 32.
- Mądry W., Mańkowski D. R., Kaczmarek Z., Krajewski P., Studnicki M. 2010. Metody statystyczne oparte na modelach liniowych w zastosowaniach do doświadczalnictwa, genetyki i hodowli roślin. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR* 34/2010: 13 — 163.
- Navabi A., Yang R. C., Helm J., Spaner D. M. 2006. Can spring wheat - growing mega environments in the Northern Great Plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Sci.* 46: 1107 — 1116.
- Rothkaehl J. 2009. Rynek pszenicy w Polsce. Jakość pszenicy zwyczajnej i system jej oceny. FAPA Warszawa.
- Weber R., Zalewski D. 2006. Wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej na plonowanie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 33 — 42.
- Weber R., Zalewski D., Kotecki A., Kaczmarek J. 2007. Ocena przydatności punktów doświadczalnych do przeprowadzenia PDO na Dolnym Śląsku. *Biul. IHAR* 245: 5 — 16.

WIESŁAW MĄDRY
MARZENA IWAŃSKA

Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, SGGW w Warszawie

Ilościowe miary szerokiej adaptacji odmian i ich zastosowanie w doświadczeniach wstępnych z pszenicą ozimą

Quantitative measures of the cultivar wide adaptation degree and their using in preliminary yield trials for winter wheat

W pracy wprowadzono trzy nowe koncepcje stopnia szerokiej adaptacji odmiany, odpowiednio w sensie I, II oraz III. Uznano, że stopień szerokiej adaptacji odmiany w określonym sensie może być charakteryzowany ilościowo za pomocą wskaźników statystycznych, nazywanych ilościowymi miarami stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie I, II i III. Tymi wskaźnikami są odpowiednio miara nadrzędności plonu odmiany, P_i , miara niezawodności przewagi plonu odmiany, R_i oraz miara niezawodności przewagi o $d > 0$ plonu odmiany, $R_i(d)$. Wysunięto hipotezę, że wymienione miary oceniają wzajemnie zgodnie, w sensie porządkowym, stopień szerokiej adaptacji badanych odmian, chociaż wyrażają go za pomocą różnych wielkości. Hipotezę sprawdzano na podstawie danych dla plonu ziarna z 15 wstępnych serii doświadczeń z pszenicą ozimą, przeprowadzonych w latach 1993-2007. Stwierdzono, że badane miary stopnia szerokiej adaptacji w sensie I, II i III porządkują zgodnie odmiany pszenicy ozimej w różnych zbiorach obiektów oraz warunkach przyrodniczych Polski i sezonach wegetacyjnych (latach). Do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian według każdej z trzech koncepcji, wystarczy jedna z rozważanych miar, która pozwala na wykrycie odmian o możliwie najwyższym lub bardzo wysokim stopniu szerokiej adaptacji w sensie I, II i III w rozpatrywanym rejonie uprawy. Ocena przydatności badanych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian, oparta na analizie danych empirycznych dla plonu ziarna pszenicy ozimej, odnosi się przede wszystkim do tego gatunku. Jednakże, stanowi ona też wstępne wskazanie o podobnej przydatności tych miar dla innych gatunków roślin uprawnych.

Słowa kluczowe: doświadczenia wstępne, koncepcje stopnia szerokiej adaptacji odmiany, ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji, plon ziarna, pszenica ozima

In this paper three new concepts of cultivar's wide adaptation degree in I, II and III sense, respectively were presented. It was recognized that cultivar's wide adaptation degree in any considered sense can be measured using some statistical indices (measures) called quantitative measures of cultivar's wide adaptation degree in I, II and III sense. To do this, adequate quantitative measures like superiority measure, P_i , Eskridge's yield reliability measure, R_i and Eskridge's yield reliability function, $R_i(d)$ were selected. A hypothesis was formulated that the three measures of cultivar's wide adaptation degree can evaluate consistently, in order sense, wide adaptation degree of the tested cultivars although it is described by each of them in a specific way. The hypothesis was tested using

the data for grain yield of winter wheat from 15 of preliminary yield trials carried out across the years 1993–2007. As a result of the empirical studies good agreements were proved (high Spearman rank correlation coefficients) between each of pairs of quantitative measures of cultivar's wide adaptation degree in I, II and III sense within all sets of cultivars. Then, one may conclude that in evaluating wheat cultivar's wide adaptation degree only one of the considered measures could be sufficient. The conducted studies, as based on winter wheat grain yield data delivered new results regarding the investigated crop species. However, the conclusions also deliver important primary viewing on usefulness of the measures for evaluating adaptation degree of cultivars in other crops.

Key words: concepts of cultivar's wide adaptation degree, grain yield, preliminary yield trials, winter wheat, quantitative measures of the degree of cultivar wide adaptation

WPROWADZENIE

Ważną kategorią w hodowli roślin jest interakcja genotypowo-środowiskowa (GEI) dla danej cechy roślin (np. plonu), jest ona zjawiskiem ujawniającym się jako niejednakowe zróżnicowanie tej cechy odmian w różnych środowiskach. Wynika z tego, że interakcja GEI jest to różna (nierównoległa) reakcja danej cechy badanych odmian (np. plonu) na zmienne warunki środowiskowe (Basford i Cooper, 1998; Kang, 1998; Annicchiarico, 2002 a, b). Rozpatruje się trzy podejścia do interakcji GEI w hodowli roślin. Interakcję GEI można: 1) zignorować (Kang, 1998; Blanche i in., 2009), 2) wykorzystać do wyboru odmian o specyficznej adaptacji (Gauch i Zobel, 1997; Cooper, 1999; Annicchiarico, 2002 a, b) lub 3) wykorzystać brak interakcji GEI u niektórych odmian przy wyborze odmian o szerokiej adaptacji (Braun i in., 1996, 1998; Cooper, 1999; Annicchiarico, 2002 b; Scapim i in., 2010). W niniejszej pracy oraz w hodowli roślin najczęściej jest stosowane podejście trzecie do interakcji GEI. Głównym celem hodowli roślin rolniczych jest tworzenie nowych odmian o szerokiej zdolności adaptacyjnej do zmiennych środowisk w miejscowościach (agroekosystemów) w rozpatrywanym rejonie uprawy, a więc odmian, które jednocześnie plonują średnio wysoko w stosunku do innych odmian oraz ich plonowanie jest stabilne (Eskridge, 1990; Eskridge i Johnson, 1991; Eskridge i in., 1991; Rajfura i Mądry, 2001; Mądry, 2002; Yan i Kang, 2003).

Szeroką adaptacją odmiany nazywamy zdolność odmiany do tworzenia plonu na relatywnie wysokim poziomie w zmiennych warunkach środowiskowych rejonu uprawy, albo w latach lub w różnych systemach uprawy (Annicchiarico, 2002 a, b; Yan i Kang, 2003; Gauch i in., 2008). Pojęcie szerokiej adaptacji odmiany mimo częstego stosowania w teorii i praktyce hodowli oraz uprawy roślin, nie zostało dotychczas sformalizowane (Cooper i Byth, 1996; Joshi i in., 2007 b). W literaturze hodowlanej i biometrycznej spotyka się zwykle trzy aspekty heurystycznego traktowania szerokiej adaptacji odmian. W pierwszym aspekcie szeroka adaptacja odmiany jest traktowana jako jej plonowanie bliskie najwyżej plonujących odmian w większości środowisk rejonu uprawy (Eskridge, 1990; Fox i in., 1990; Eskridge i in., 1991; Braun i in., 1996, 1998; Blanche i in., 2009; Scapim i in., 2010). W drugim aspekcie szeroka adaptacja odmiany jest przeważaniem jej plonu o dowolną wartość nad średnimi środowiskowymi w większości środowisk rejonu uprawy, zaś w trzecim aspekcie jest ona traktowana jako przeważanie plonu odmiany o przynajmniej pewną wartość nad średnimi środowiskowymi w większości środowisk rejonu uprawy (St-

Pierre i in., 1967; Eskridge i Mumm, 1992; Eskridge i in., 1993; Braun i in., 1996; Herring i O'Brien, 2000; Kaut i in., 2009). Z przedstawionych rozważań wynika, że szeroka adaptacja odmiany, jako ważny atrybut rolniczy odmiany, wymaga lepszego sprecyzowania i sformalizowania, zgodnego z trzema podanymi wyżej aspektami. Rozsądnym podejściem był pomysł stopniowania szerokiej adaptacji odmiany. Zatem, w niniejszej pracy wprowadzamy trzy nowe koncepcje stopnia (natężenia) szerokiej adaptacji odmiany, tj. koncepcję stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie (aspekcie) I, II oraz III.

- **Stopniem szerokiej adaptacji odmiany w sensie I** nazywamy podobieństwo reakcji plonu tej odmiany na środowiska do reakcji plonu maksymalnego w środowiskach.
- **Stopniem szerokiej adaptacji odmiany w sensie II** nazywamy prawdopodobieństwo (częstość) plonowania tej odmiany powyżej średnich środowiskowych w zbiorze środowisk.
- **Stopniem szerokiej adaptacji odmiany w sensie III** jest częstość plonowania tej odmiany powyżej średnich środowiskowych o wartość przynajmniej $d > 0$ w zbiorze środowisk.

Autorzy pracy uznali, że stopień szerokiej adaptacji odmiany w sensie I, II i III może być charakteryzowany ilościowo (mierzony) za pomocą pewnych wskaźników statystycznych. Wskaźniki te nazwiemy ilościowymi miarami stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie I, II i III. Ilościową miarą stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie I jest miara nadrzędności plonowania odmiany, P_i (ang. *superiority measure*) — (Lin i Binns, 1988; Piepho, 1995). Jako ilościową miarę stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie II przyjęto miarę niezawodności przewagi plonowania odmiany, R_i (ang. *Eskridge's yield reliability measure*) — (Eskridge i Mumm, 1992; Eskridge i in., 1993; Piepho, 1998). Natomiast, ilościową miarą stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie III jest miara niezawodności przewagi o $d > 0$ plonu odmiany, $R_i(d)$ (ang. *Eskridge's yield reliability function*) — (Eskridge, 1990; Eskridge i in., 1993). Każda z podanych miar jest oparta na parametrach modelu mieszanego (Shukla, 1972; Mądry, 2003).

Celem przeprowadzonych badań jest:

- przedstawienie statystycznych podstaw ilościowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian w sensie I, II i III.
- empiryczne sprawdzenie hipotezy statystycznej, że trzy ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji oceniają wzajemnie zgodnie, w sensie porządkowym, stopień szerokiej adaptacji badanych odmian

Postawioną hipotezę sprawdzono na podstawie danych dla plonu ziarna pszenicy ozimej z 15 serii doświadczeń wstępnych, przeprowadzonych w latach 1993–2007.

MATERIAŁ I METODY BADAŃ

Material

W badaniach wykorzystano dane dla plonu ziarna z 15 serii doświadczeń wstępnych z odmianami pszenicy ozimej, pochodzącymi z różnych ośrodków hodowlanych w Polsce (tab. 1). Doświadczenia, te przeprowadzono w latach 1993–2007, w koordynacji z IHAR,

Oddział w Krakowie. Pojedyncze doświadczenia jednoczynnikowe były zakładane w układzie bloków niekompletnych rozkładalnych. Liczba powtórzeń wynosiła 4 w latach 1993–2000, a od roku 2001 została zredukowana do 3. Wielkość poletek wynosiła 10 m² (10 m × 1 m). Liczba odmian w badanych seriach była różna, zmieniała się od 53 do 86. Testowane odmiany w każdej serii doświadczeń stanowią w przybliżeniu próbę reprezentatywną zbioru odmian pszenicy ozimej, wytwarzanych w Polsce. Liczba miejscowości w latach zmieniała się od 14 do 7, były one wybierane spośród 16 miejscowości, reprezentujących główne rejony uprawy pszenicy ozimej w Polsce. W poszczególnych latach stosowano różne odmiany wzorcowe, tj. Emikę, Almari, Kobrę, Elenę, Tonację i Turkus (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka 15 serii doświadczeń wstępnych z pszenicą ozimą w latach 1993–2007
Characteristic of the 15 preliminary yield trials for winter wheat cultivars carried out across the years 1993–2007

Rok Year	Liczba odmian No. of cultivars	Liczba miejscowości i ich kody No. of locations and their codes	Odmiany wzorcowe Check cultivars	Liczba powtórzeń No. of replicates
1993	53	14 BOA, DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD POP, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, ULC	Emika, Almari	4
1994	61	14 BOA, DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, ULC	Emika, Almari	4
1995	63	14 BOA, DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, ULC	Emika, Almari	4
1996	64	14 BOA, DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, ULC	Almari, Elena	4
1997	62	14 BOA, DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, ULC	Almari, Elena	4
1998	59	14 DAD, DED, KOC, KOH, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, STH, SZD, ULC	Almari, Elena	4
1999	67	11 DAD, DED, KOC, MIB, NAD, OLH, OZH, POB, SMH, SOD, SZD	Kobra, Elena	4
2000	71	7 DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Elena	4
2001	77	8 DAD, DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Elena	3
2002	78	8 DED, KOC, LAD, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Tonacja	3
2003	86	8 DED, KOC, LAD, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Tonacja	3
2004	56	7 DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Tonacja	3
2005	57	7 DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Tonacja	3
2006	59	7 DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Kobra, Tonacja	3
2007	64	7 DED, KOC, NAD, POB, SMH, STH, SZD	Turkus, Tonacja	3

Wyjaśnienie kodów miejscowości: BOA-Borów, DAD-Dańków, DED-Dębina, KOC-Kobierzyce, KOH-Kończewice, LAD-Laski, MIB-Mikulice, NAD-Nagradowice, OLH-Oleśnica, OZH-Ożańsk, POB-Polanowice, SMH-Smolice, SOD-Sobótka, STH-Strzelce, ULC-Ułhówek, SZD-Szelejewo

Explanation of location codes: BOA-Borów, DAD-Dańków, DED-Dębina, KOC-Kobierzyce, KOH-Kończewice, LAD-Laski, MIB-Mikulice, NAD-Nagradowice, OLH-Oleśnica, OZH-Ożańsk, POB-Polanowice, SMH-Smolice, SOD-Sobótka, STH-Strzelce, ULC-Ułhówek, SZD-Szelejewo

Model statystyczny

Do analizy średnich poprawionych, $\bar{y}_{ij}$, dla plonu ziarna z serii doświadczeń wstępnych zastosowano model mieszany analizy wariancji (Shukla, 1972; Caliński i in., 1997; Mądry 2003):

$$\bar{y}_{ij} = m + g_i + e_j + ge_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (1)$$

gdzie:

$\bar{y}_{ij}$ jest średnią poprawioną obserwacji plonu z n powtórzeń dla i -tej odmiany ($i=1,2,\dots,I$) w j -tej miejscowości ($j=1,2,\dots,J$), m jest średnią ogólną, g_i jest stałym efektem głównym i -tej odmiany, e_j jest losowym efektem głównym j -tej miejscowości, ge_{ij} jest losowym efektem interakcji i -tej odmiany z j -tą miejscowością, $\bar{\varepsilon}_{ij}$ jest średnim błędem doświadczalnym dla (i,j) -tej kombinacji odmiany i miejscowości.

Analiza statystyczna danych

Dla danych dotyczących plonu ziarna z serii doświadczeń wstępnych przeprowadzono dwustopniową analizę statystyczną. W pierwszym kroku, wykonano analizę wariancji danych z pojedynczych doświadczeń, oddzielnie w miejscowościach. Obliczono średnie poprawione za pomocą estymatora BLUE dla odmian oraz średnie kwadraty odchyłeń dla błędu doświadczalnego. Przy estymacji średnich poprawionych dla odmian przyjęto restrykcje ważone na efekty odmianowe, aby były one jednoznacznie estymowalne (Patterson i Williams 1976, Pilarczyk 1988). Do analizy danych z doświadczeń pojedynczych zastosowano program Eksplan wersja 2. W drugim kroku, wykonano łączną analizę wariancji według mieszanego modelu (1) dla średnich poprawionych w klasyfikacji odmiany $\times$ miejscowości w każdej serii doświadczeń, posługując się programem Statgraphics Plus wersja 4.1. Za pomocą programu Statgraphics obliczono sumy kwadratów odchyłeń dla efektów głównych odmian i miejscowości oraz interakcji GE. Oszacowano trzy ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmian w sensie I, II i III w każdej serii doświadczeń. Wszystkie trzy ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmian obliczono za pomocą własnych aplikacji w arkuszu kalkulacyjnym Excel, na podstawie średnich poprawionych w dwukierunkowej klasyfikacji odmiany $\times$ miejscowości. Statystyczne badanie zgodności tych miar wykonano za pomocą analizy korelacji rang Spearmana w każdej serii doświadczeń. Badanie to polegało na ocenie współczynników korelacji rang pomiędzy każdą parą spośród trzech miar, posługując się programem statystycznym Statgraphics Plus wersja 4.1. Oceniono także powtarzalność współczynników korelacji rang w rozpatrywanych seriach doświadczeń, wykorzystując odchylenie standardowe, obliczone w arkuszu kalkulacyjnym Excel. Powtarzalność współczynników korelacji rang jest tym większa, im mniejsza jest wartość odchylenia standardowego dla tego parametru w seriach doświadczeń.

WYNIKI I DYSKUSJA

**Podstawy ilościowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie I, II i III
Miara nadrzędności plonowania i -tej odmiany, P_i**

Definicja. Miara P_i jest połową średnich kwadratów różnic plonu i -tej odmiany od plonu maksymalnego w środowiskach, czyli (Lin i Binns, 1988):

$$P_i = \sum_{j=1}^J (\bar{y}_{ij} - M_j)^2 / 2J \quad (2)$$

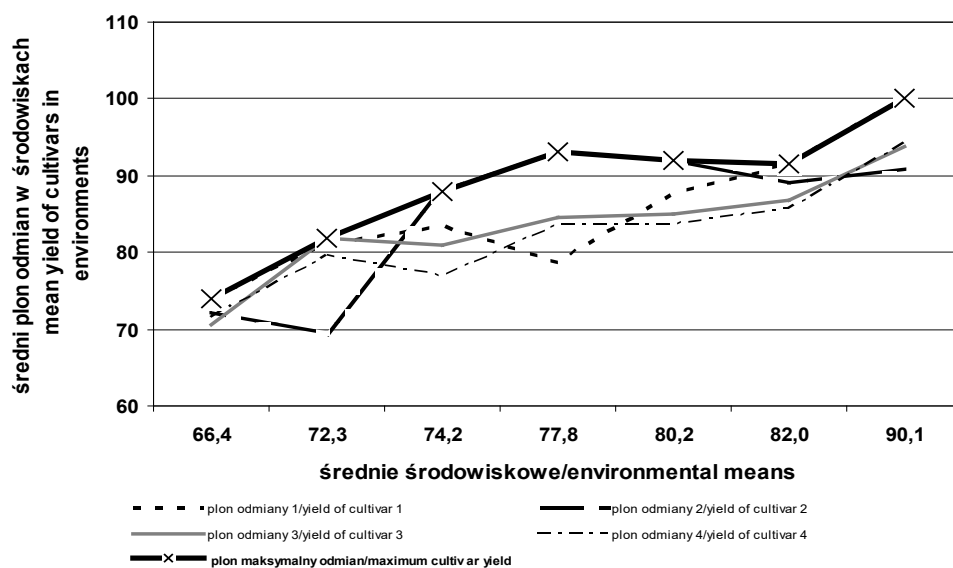
gdzie:

$\bar{y}_{ij}$ jest średnim plonem i -tej odmiany z n powtórzeń w j -tym środowisku, M_j jest średnim plonem maksymalnym w j -tym środowisku, J jest liczbą badanych środowisk.

P_i jest parametryczną miarą, opartą na teorii statystyki opisowej i estymatorach parametrów modelu (1).

Interpretacja. Odmiana ma tym większy stopień szerokiej adaptacji w sensie I, im jej plonowanie jest bliższe maksymalnemu plonowaniu w miejscowościach, czyli środowiskowa reakcja plonu tej odmiany jest bardziej podobna do reakcji plonu maksymalnego. Wynika stąd, że im wartość miary nadrzędności plonowania i -tej odmiany, P_i , jest mniejsza (bliższa zera), tym odmiana posiada wyższy stopień szerokiej adaptacji w sensie I.

Ilustracja interpretacji miary. Na rysunku 1 zobrazowano reakcję plonowania czterech odmian pszenicy ozimej wybranych z pewnej serii doświadczeń wstępnych w siedmiu miejscowościach.



Rys. 1. Ilustracja interpretacji miary nadrzędności plonowania odmiany, P_i
Fig. 1. Graphical illustration of superiority measure, P_i

Na osi 0X przedstawiono miejscowości w postaci średnich środowiskowych dla plonu, zaś na osi 0Y, podano plon odmian. Każda linia łamana pokazuje plonowanie danej odmiany w miejscowościach. Linia z krzyżykami łączy plony najwyższej plonujących odmian w miejscowościach, czyli jest reakcją plonu maksymalnego na środowiska. Miara nadrzędności plonowania odmiany jest oceną podobieństwa reakcji plonu każdej z odmian w miejscowościach do reakcji plonu maksymalnego. Z wizualizacji podobieństwa obu tych reakcji wynika, że dwie odmiany (1 i 2) plonowały w siedmiu miejscowościach bardziej podobnie (w mniejszej odległości) w stosunku do reakcji plonu maksymalnego, niż dwie inne odmiany (3 i 4). Dla odmian 1 i 2 wartość P_i jest mniejsza, niż dla odmian 3 i 4. Zatem, odmiany 1 i 2 mają większy stopień szerokiej adaptacji w sensie I, niż odmiany 3 i 4.

Miara niezawodności przewagi plonowania odmiany, R_i

Definicja. Miara R_i jest prawdopodobieństwem plonowania i -tej odmiany powyżej średnich środowiskowych w zbiorze miejscowości, czyli (Eskridge i Mumm 1992):

$$R_i = P\{(m_i - m_e) \geq 0\} \quad (3)$$

gdzie:

$P(\cdot)$ jest prawdopodobieństwem zdarzenia, m_i jest plonem i -tej odmiany w zbiorze miejscowości, m_e jest średnią środowiskową plonu w miejscowościach.

R_i jest parametryczną miarą, opartą na probabilistycznej teorii statystyki matematycznej i parametrach modelu (1).

Interpretacja. Odmiana posiada tym większy stopień szerokiej adaptacji w sensie II, im większe jest prawdopodobieństwo jej plonowania powyżej średnich środowiskowych w zbiorze miejscowości. Im wartość miary R_i jest bliższa 1, tym odmiana posiada wyższy stopień szerokiej adaptacji w sensie II. Odmiana, dla której miara R_i jest równa 1 plonuje zawsze powyżej średnich środowiskowych w zbiorze miejscowości. Zatem, taka odmiana wykazuje najwyższy możliwy stopień szerokiej adaptacji w sensie II.

Estymacja. Do oszacowania R_i na podstawie średnich dla klasyfikacji odmiany $\times$ miejscowości, zastosujemy estymator $\hat{R}_i$ o postaci:

$$\hat{R}_i = \frac{l_i}{J} \quad (4)$$

gdzie:

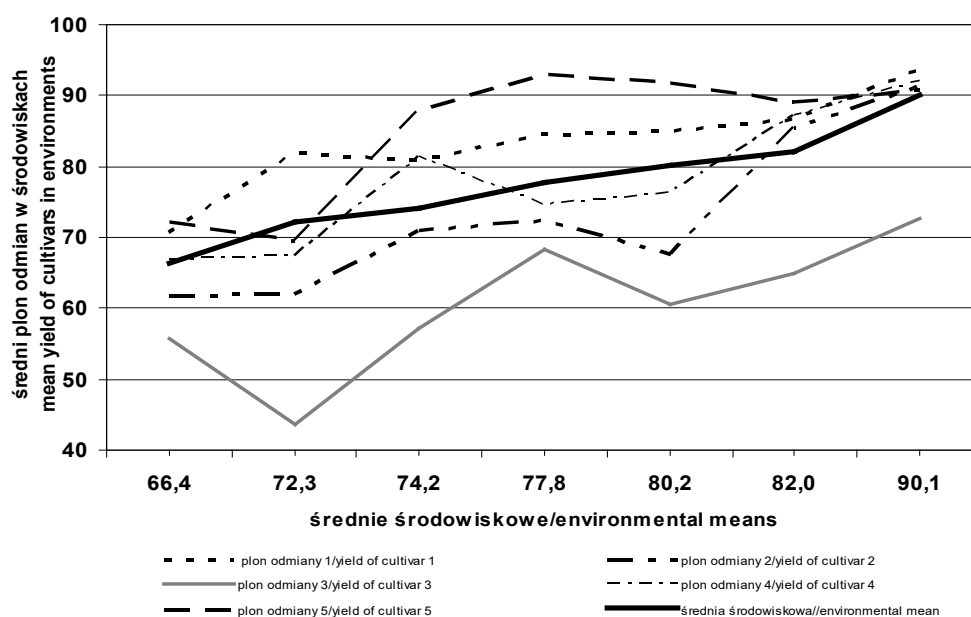
l_i jest liczbą miejscowości, w których plon i -tej odmiany,

$\bar{y}_{ij}$, przekroczył średni plon środowiskowy $\bar{y}_{\cdot j}$,

J jest liczbą badanych miejscowości w serii doświadczeń.

Ilustracja interpretacji miary. W sytuacji doświadczalnej estymatorem miary R_i jest częstość przewagi plonu i -tej odmiany $\bar{y}_{ij}$ ponad średni plon środowiskowy $\bar{y}_{\cdot j}$ (równanie 4). Na rysunku 2 zobrazowano środowiskową reakcję plonowania pięciu odmian pszenicy ozimej, wybranych z pewnej serii doświadczeń wstępnych, wykonanej w siedmiu miejscowościach. Każda linia łamana pokazuje plonowanie danej odmiany w miejscowościach, czyli reakcję plonu na środowiska w miejscowościach. Pogrubiona podwójnie ciągła linia łączy średnie środowiskowe dla plonu w miejscowościach i stanowi środowiskową średnią reakcję badanych odmian na środowiska lub krótko jest nazywana średnią

środowiskową. Rozpatrzmy częstości przekraczania plonu każdej odmiany ponad średnią środowiskową w miejscowościach, czyli wartości estymatora miary R_i . Odmiana 1 plonowała we wszystkich miejscowościach powyżej średniej środowiskowej (linii ciągłej podwójnie pogrubionej), więc częstość przekraczania jej plonu ponad średnią środowiskową wynosi 1. Odmiana 5 plonowała w 6 na 7 miejscowości ponad średnią środowiskową, czyli częstość przekraczania jej plonu ponad średnią środowiskową wynosi 0,87. Dwie odmiany, 4 i 2, plonowały powyżej średniej środowiskowej z częstością znacznie niższą, równą 0,57 i 0,30. Odmiana 3 plonowała we wszystkich 7 miejscowościach poniżej średniej środowiskowej, czyli częstość przekraczania plonu tej odmiany ponad średnią środowiskową wynosi 0. Zatem, odmiana 1 wykazuje najwyższy możliwy stopień szerokiej adaptacji w sensie II, równy 1. Odmiany 5, 4 i 2 odznaczają się coraz niższym stopniem szerokiej adaptacji w sensie II. Natomiast, odmiana 3 nie posiada ewidentnie szerokiej adaptacji w sensie II.



Rys. 2. Ilustracja estymatora miary niezawodności przewagi plonu odmiany, $\hat{R}_i$

Fig. 2. Graphical illustration of the estimator of Eskridge's yield reliability measure, $\hat{R}_i$

Miara niezawodności przewagi o d_i plonu odmiany, $R_i(d)$

Definicja. Miara $R_i(d)$ jest prawdopodobieństwem plonowania i -tej odmiany powyżej średnich w środowiskach o przynajmniej wartość $d > 0$ w zbiorze miejscowości, czyli (Eskridge i in., 1993):

$$R_i(d) = P\{(m_i - m_e) \geq d\} \quad (5)$$

gdzie:

$P(\cdot)$ jest prawdopodobieństwem zdarzenia,

m_i jest plonem i -tej odmiany w zbiorze miejscowości,

m_e jest średnią środowiskową plonu w miejscowościach,

$d \in \langle 0, d_{max} \rangle$ jest wartością minimalnej przewagi plonu odmiany nad średnią środowiskową, określaną *a posteriori* przez specjalistów, na podstawie zróżnicowania średnich genotypowych plonu w badanym zbiorze odmian, w taki sposób, aby nawet dla górnej wartości przewagi (d_{max}), miara $R_i(d)$ była jeszcze kryterium różnicującym badane odmiany.

Interpretacja. Odmiana posiada tym większy stopień szerokiej adaptacji w sensie III, im większe jest prawdopodobieństwo jej plonowania powyżej średnich środowiskowych o przynajmniej wartość $d > 0$ w zbiorze miejscowości. Im wartość miary niezawodności przewagi o d plonu odmiany, $R_i(d)$, jest bliższa 1, tym odmiana posiada wyższy stopień szerokiej adaptacji w sensie III.

Estymacja. Przed oszacowaniem miary niezawodności przewagi o $d > 0$ plonu i -tej odmiany, $R_i(d)$, konieczne jest określenie wartości d . W niniejszej pracy przyjmujemy wartość $d = 0,25 (\bar{y}_{i_{max}} - \bar{y}_{..})$, gdzie $\bar{y}_{i_{max}}$ jest maksymalną średnią genotypową plonu wśród badanych odmian, $\bar{y}_{..}$ jest średnią ogólną plonu dla danej serii doświadczeń odmianowych (Iwańska i in., 2008). Wybrana wartość przewagi plonu d tworzy umiarkowanie podniesioną normę („poprzeczkę”) wysokości plonu dla oceny stopnia szerokiej adaptacji w sensie III u badanych odmian. Do oszacowania miary niezawodności przyjętej przewagi o d plonu i -tej odmiany, zastosujemy estymator: $\hat{R}_i(d)$ o postaci:

$$\hat{R}_i(d) = \frac{l_{i(d)}}{J} \quad (6)$$

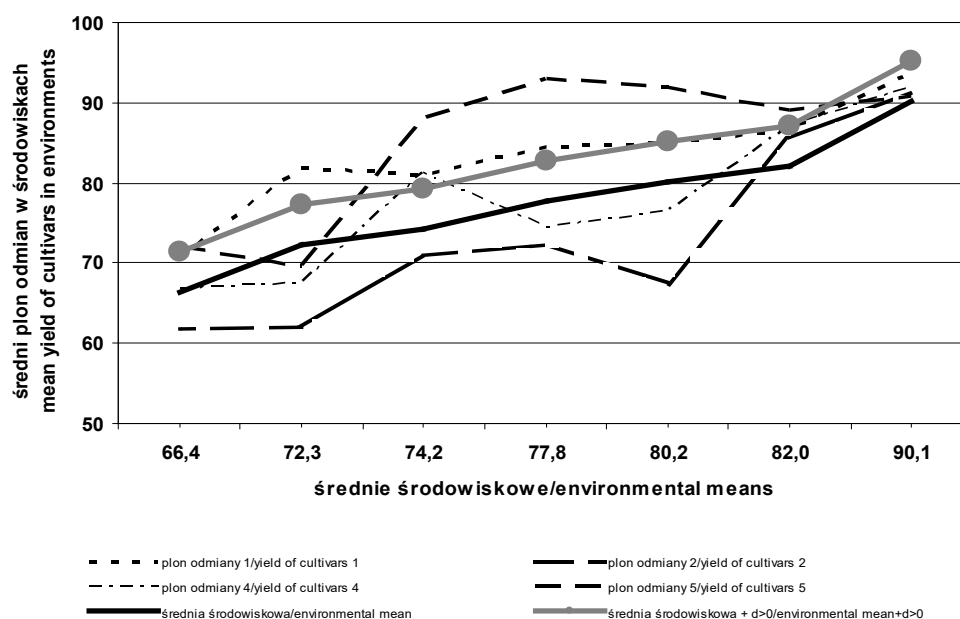
gdzie:

$l_{i(d)}$ jest liczbą miejscowości, w których plon i -tej odmiany przekroczył średni plon środowiskowy o przynajmniej wartość $d > 0$, J jest liczbą badanych miejscowości w serii doświadczeń.

Ilustracja interpretacji miary

Na rysunku 3, dotyczącym tych samych odmian w serii doświadczeń, co na rysunku 2, rozpatrujemy częstości przekraczania plonu każdej z czterech odmian ponad średnią środowiskową o przynajmniej wartość $d > 0$, wybraną arbitralnie (ciągła linia z kropkami) w miejscowościach. Wykluczono odmianę 3, bo plonowała ona zawsze poniżej średniej środowiskowej (rys. 2). Odmiana 5 plonowała w 4 spośród 7 miejscowości powyżej średniej środowiskowej o przynajmniej wartość $d > 0$ (linii z kropkami), czyli częstość rozpatrywanej przewagi plonowania tej odmiany wynosi 0,57. Dwie odmiany, 1 i 4,

plonowały ponad średnią środowiskową o przynajmniej wartość $d>0$ z częstością odpowiednio równą 0,43 i 0,14. Odmiana 2 nie plonowała powyżej $d>0$ od średniej środowiskowej we wszystkich 7 miejscowościach ($\hat{R}_i(d) = 0$). Zatem, nie posiadała ona szerokiej adaptacji w sensie III. Odmiana 5 wykazuje najwyższy stopień szerokiej adaptacji w sensie III, wśród czterech rozpatrywanych odmian, chociaż jest on daleki od maksymalnego stopnia tego rodzaju szerokiej adaptacji. Odmiany 1 i 4 odznaczają się niższym stopniem szerokiej adaptacji w sensie III, niż odmiana 5.



Rys. 3. Ilustracja estymatora miary niezawodności przewagi o $d>0$ plonu odmiany, $\hat{R}_i(d)$

Fig. 3. Graphical illustration of the estimator of Eskridge's yield reliability function, $\hat{R}_i(d)$

WYNIKI BADAŃ EMPIRYCZNYCH

Łączna analiza wariancji według modelu mieszanego (1) dla plonu ziarna

Łączna analiza wariancji dla średnich poprawionych plonu ziarna odmian pszenicy ozimej wykazała istotne efekty główne dla odmian i miejscowości oraz istotne efekty interakcji GEI w każdej serii doświadczeń (tab. 2). Wskazuje to, że badane odmiany w seriach doświadczeń były zróżnicowane pod względem średnich plonów oraz kształtu ich reakcji plonowania na zmienne warunki środowiskowe. Także z racji na zróżnicowanie ich średnich genotypowych, porównywane odmiany w obrębie serii doświadczeń wykazywały różny stopień szerokiej adaptacji. Wobec tego, uzasadniona jest ocena porównawcza ich stopnia szerokiej adaptacji za pomocą proponowanych miar i badanie podobieństwa wyników tej oceny, dokonanej przez rozpatrywane miary.

Tabela 2

Łączna analiza wariancji według modelu (1) dla plonu ziarna pszenicy ozimej z 15 serii doświadczeń wstępnych, wykonanych w latach 1993-2007

Combined analysis of variance according to the model (1) for winter wheat grain yield from 15 preliminary yield trials carried out across the years 1993-2007

Źródła zmienności Sources of variation	Rok/Year 1993			Rok/Year 1994			Rok/Year 1995			Rok/Year 1996		
	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.
Odmiana G Cultivar G	52	167,73	**	60	162,70	**	62	180,42	**	63	162,38	**
Miejscowość E Location E	13	10491,46	**	13	9099,62	**	13	8254,69	**	13	8138,85	**
Interakcja G×E G×E interaction	676	29,61	**	780	23,56	**	806	21,20	**	819	29,92	**
Błąd średni Mean error	1792	7,56		2128	5,88		2212	5,35		2254	5,18	
Źródła zmienności Sources of variation	Rok/Year 1997			Rok/Year 1998			Rok/Year 1999			Rok/Year 2000		
	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.
Odmiana G Cultivar G	61	352,40	**	58	109,57	**	66	122,06	**	70	81,08	**
Miejscowość E Location E	13	6675,18	**	13	10987,38	**	10	6063,93	**	6	3807,33	**
Interakcja G×E G×E interaction	793	31,69	**	754	20,46	**	660	18,57	**	420	20,48	**
Błąd średni Mean error	2170	5,04		2044	4,95		1826	4,75		1246	6,24	
Źródła zmienności Sources of variation	Rok/Year 2001			Rok/Year 2002			Rok/Year 2003			Rok/Year 2004		
	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.
Odmiana G Cultivar G	76	153,38	**	77	72,87	**	85	197,40	**	55	118,78	**
Miejscowość E Location E	7	6152,24	**	7	4012,34	**	7	32834,14	**	6	3268,20	**
Interakcja G×E G×E interaction	532	24,63	**	539	22,35	**	595	46,18	**	330	21,50	**
Błąd średni Mean error	1024	7,30		1040	5,81		1144	6,79		623	6,65	
Źródła zmienności Sources of variation	Rok/Year 2005			Rok/Year 2006			Rok/Year 2007					
	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.	df	MS	Istot.			
Odmiana G Cultivar G	56	90,38	**	58	115,24	**	63	77,56	**			
Miejscowość E Location E	6	4564,62	**	6	3412,12	**	6	4577,67	**			
Interakcja G×E G×E interaction	336	22,88	**	348	35,48	**	378	22,40	**			
Błąd średni Mean error	980	9,31		1022	6,24		1127	5,93				

Istot. — Istotność; Significance

** Oznacza istotne efekty przy poziomie istotności $\alpha = 0,01$, $P < 0,01$

** Denotes significant effects at the significance level of $\alpha = 0.01$, $P < 0.01$

Badanie zgodności ilościowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian w sensie I, II i III

Na podstawie średnich ocen współczynników korelacji rang z 15 serii doświadczeń pomiędzy każdą parą spośród trzech ilościowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian w sensie I, II i III ($\bar{r}_s$) wraz z odchyleniami standardowymi ocen tych współczynników korelacji, SD (tab. 3), zbadano zgodność uporządkowania odmian pszenicy ozimej pod względem każdej pary tych ilościowych miar. Stwierdzono silne korelacje pomiędzy każdą parą tych miar ilościowych (średnie współczynniki korelacji były następujące: dla P_i i $\hat{R}_i$, $\bar{r}_s = -0,91$, dla P_i i $\hat{R}_i(d)$, $\bar{r}_s = -0,87$ oraz dla $\hat{R}_i$ i $\hat{R}_i(d)$, $\bar{r}_s = 0,90$). Oceny tych współczynników korelacji pomiędzy każdą parą spośród trzech miar ilościowych były zawsze duże co do wartości bezwzględnej i istotne oraz powtarzalne (podobne) we wszystkich seriach doświadczeń (małe wartości odchylenia standardowego, odpowiednio równe: $SD = 0,03; 0,03; 0,03$).

Tabela 3

Średnie oceny współczynników korelacji rang między ilościowymi miarami stopnia szerokiej adaptacji i odchylenia standardowe ocen tych współczynników korelacji z 15 serii doświadczeń wstępnych z pszenicą ozimą, w latach 1993–2007

Mean estimates of rank correlation coefficients between the quantitative measures of the degree of wide adaptation and standard deviations of the estimates of these correlation coefficients from 15 preliminary yield trials for winter wheat across the years 1993–2007

Miary stopnia szerokiej adaptacji Measures of the degree of wide adaptation	Parametry Parameters	$\hat{P}_i$	$\hat{R}_i$
$\hat{R}_i$	$\bar{r}_s$	-0,91	
	SD	0,03	
$\hat{R}_i(d)$	$\bar{r}_s$	-0,87	0,90
	SD	0,03	0,03

$\bar{r}_s$ — Średni współczynnik korelacji rang, SD — odchylenie standardowe ocen współczynników korelacji rang

$\bar{r}_s$ — Mean Spearman's rank correlation coefficients; SD — standard deviation of rank correlations coefficients

Wyniki tych badań potwierdzają empirycznie, postawioną w rozprawie hipotezę, że trzy oceniane ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmian porządkują podobnie badane zbiory odmian pszenicy ozimej pod względem stopnia szerokiej adaptacji w sensie I, II i III. Oznacza to, że odmiany wykazujące duży stopień szerokiej adaptacji w sensie I, posiadają przeważnie duży stopień szerokiej adaptacji w sensie II oraz w sensie III. Zatem, odmiany plonujące blisko plonu maksymalnego w zbiorze miejscowości (można to poznać po małej wartości P_i , co wskazuje na wysoki stopień szerokiej adaptacji w sensie I), także często plonują powyżej średniej środowiskowej w tych miejscowościach, a także bardzo często plonują wyżej o przynajmniej wartość d od średniej środowiskowej w tych miejscowościach (można to poznać po wartościach R_i i $R_i(d)$, równych 1 lub bardzo bliskich 1, co wskazuje na wysoki stopień szerokiej adaptacji w sensie II i III). Zatem, do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian w każdym rozpatrywanym sensie, wystarczy jedna z trzech miar, tj. P_i , R_i lub $R_i(d)$. Inaczej mówiąc, te trzy miary mogą być stosowane alternatywnie zarówno do ilościowej, jak i porządkowej oceny stopnia szerokiej adaptacji

odmian w każdym z podanych wyżej aspektów. Jest to poważny walor teoretyczny i aplikacyjny rozpatrywanych aspektów i koncepcji stopnia szerokiej adaptacji odmian.

WNIOSKI

1. Ilościowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmiany w sensie I, II i III są prosto interpretowalnymi oraz przydatnymi charakterystykami liczbowymi szerokiej adaptacji według każdej z trzech koncepcji,
2. Badane miary porządkują zgodnie odmiany pszenicy ozimej w różnych zbiorach odmian, warunkach przyrodniczych Polski oraz sezonach wegetacyjnych (latach),
3. Do uporządkowania odmian pod względem stopnia szerokiej adaptacji według każdej z trzech koncepcji, wystarcza jedna z rozpatrywanych miar, która pozwala przez to na wykrycie odmian o relatywnie najwyższym stopniu szerokiej adaptacji w sensie I, II i III,
4. W praktyce hodowlanej nie jest konieczne stosowanie jednocześnie wszystkich trzech miar do ilościowej oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian, chociaż może być to uzasadnione dla wszechstronnej charakterystyki natężenia szerokiej adaptacji odmian,
5. Ocena przydatności badanych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian, oparta na analizie danych empirycznych dla plonu ziarna pszenicy ozimej, odnosi się przede wszystkim do tego gatunku oraz przyjętej wartości d , dla miary $R_i(d)$, jednak stanowi ona także wstępne wskazanie o podobnej przydatności tych miar dla innych gatunków roślin.

LITERATURA

- Annicchiarico P. 2002 a. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmes. In: Kang M.S. (Ed.) Quantitative genetics, genomics and plant breed. CABI, Wallingford, UK: 165–183.
- Annicchiarico P. 2002 b. Genotype- environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO Plant Production and Protection Paper No. 174. Food and Agriculture Organization, Rome.
- Basford K. E., Cooper M. 1998. Genotype $\times$ environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. Austr. J. Agric. Res. 49: 153 — 174
- Blanche S. B., Utomo H. S., Wenefrida I., Myers G. O. 2009. Genotype $\times$ environment interactions of hybrid and varietal rice cultivars for grain yield and milling quality. Crop Sci. 49: 2011 — 2018
- Braun H. J., Ekiz H., Eser V., Keser M., 1998. Breeding priorities of winter wheat programs. In: Braun HJ, Altay F, Kronstad WE, Beniwal SPS, McNab A et al (eds) Wheat: prospects for global improvement. Kluwer, Dordrecht: 553 — 560.
- Braun H.J., Rajaram S., van Ginkel M. 1996. CIMMYT's approach to breeding for wide adaptation. Euphytica 92: 175 — 183
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype-environment interactions. W: Krajewski P., Kaczmarek Z (Eds), Advances in Biometrical Genetics, Poznań: 3 — 14.
- Cooper M. 1999. Concepts and strategies for plant adaptation research in rainfed lowland rice. Field Crops Res. 64: 13 — 34.

- Cooper M., Byth D. E. 1996. Understanding plant adaptation to achieve systematic applied crop improvement — a fundamental challenge. In: Cooper M., Hammer G.L. (Eds.), *Plant Adaptation, Crop Improvement*. CAB International/International Rice Research Institute (IRRI)/International Crops Research Institute for Semi Arid Tropics (CRISAT), Wallingford, UK/Los Banos, Laguna, Philippines/Hyderabad, India: 5–24.
- Eskridge K. M. 1990. Selection of stable cultivars using a safety — first rule. *Crop Sci.* 30: 369 — 374.
- Eskridge K. M., Johnson B. E. 1991. Expected utility maximization and selection of stable plant cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 81: 825 — 832.
- Eskridge K. M., Byrne P. F., Crossa J. 1991. Selection of stable varieties by minimizing the probability of disaster. *Field Crops Res.* 27:169 — 181.
- Eskridge K.M., Mumm R.F. 1992. Choosing plant cultivars based on the probability of outperforming a check. *Theor. Appl. Genet.* 84: 494 — 500.
- Eskridge K. M., Smith O. S., Byrne P. F. 1993. Comparing test cultivars using reliability functions of test — check differences from on — farm trials. *Theor. Appl. Genet.* 87: 60 — 64.
- 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.
- Gauch H. G., Piepho H. P., Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Sci.* 48:866 — 889.
- Gauch H.G., Zobel R.W. 1997. Identifying mega — environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37:311 — 326.
- Herring M. R., O'Brien L. 2000. A regional adaptation analysis of oats in New South Wales and southern Queensland for grain yield and dry matter production. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 961 — 970
- Iwańska M., Mądry W., Drzazga T., Rajfura A. 2008. Zastosowanie miar statystycznych do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie serii doświadczeń przedrejestrowych. *Biul. IHAR* 250: 67 — 86.
- Joshi K.D., Musa A.M., Johansen C., Gyawali S., Harris D., Witcombe J.R. 2007b. Highly client — oriented breeding, using local preferences and selection, produces widely adapted rice varieties. *Field Crops Res.* 100: 107 — 116.
- Kang M. S. 1998. Using genotype — by environment interaction for crop cultivar development. *Adv. Agron.* 62: 199 — 253.
- Kaut A. H. E. E., Mason H. E., Navabi A., O'Donovan J. T., Spaner D. 2009. Performance and stability of performance of spring wheat variety mixtures in organic and conventional management systems in western Canada. *J. Agric. Sci.* 147: 141–153.
- Krajewski P., Kaczmarek Z., Czajka S. 2006. EKSPLAN wersja 2. Planowanie i analiza statystyczna doświadczeń hodowlanych. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań.
- Lin C. S., Binns M. R. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Can. J. Plant Sci.* 68: 193 — 198.
- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Roln. Seria A.* 116:11 — 24.
- Mądry W. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy × środowiska. Część II. Model mieszany Shukli i model regresji łącznej. *Coll. Biom.* 33: 207 — 220.
- Patterson H. D., Williams E. R. 1976. A new class of resolvable block design. *Biometrika* 63: 83 — 92.
- Piepho H. P. 1995. Assessing cultivar adaptability by multiple comparison with the best. *Agron. J.* 87:1225 — 1227.
- Piepho H. P. 1998. Methods for comparing the yield stability of cropping systems — A review. *J. Agron. Crop Sci.* 180:193 — 213.
- Pilarczyk W. 1988. Planowanie i analiza doświadczeń — teoria i praktyka. *Wiadomości Odmianoznawcze* 2/39.
- Rajfura A., Mądry W., 2001. Metoda wyboru genotypów o szerokiej adaptacji wykorzystująca zarówno ich średnie w rejonie jak i stabilność plonowania. *Coll. Biom.*: 169–182.
- Scapim C. A., Pacheco C. A., Amaral A. T., Vieira R. A., Pinto R. J., Conrado T. V. 2010. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica* 174:209 — 218.

- Shukla G. K. 1972. Some aspects of partitioning genotype -environmental components of variability. *Heredity* 28: 237 — 245.
- St -Pierre C. A., Klinck H. R., Gauthier F. M. 1967. Early generation selection under different environments as it influences adaptation of barley. *Can. J. Plant Sci.* 47: 507 — 517.
- Yan W., Kang M. S. 2003. *GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists.* Boca Raton, FL, CRC Press.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy pracy serdecznie dziękują dr Tadeuszowi Drzazdze z Małopolskiej Hodowli Roślin, Oddział Nasiona Kobierzyc w Kobierzycach za udostępnienie danych z doświadczeń wstępnych z pszenicą ozimą.

TADEUSZ ADAMSKI ¹
ZYGMUNT KACZMAREK ¹
MARIA SURMA ¹
ANETTA KUCZYŃSKA ¹
KAROLINA KRYSTKOWIAK ¹
BOLESŁAW SALMANOWICZ ¹
RENATA TRZECIAK ¹
ZOFIA BANASZAK ²
BOGUSŁAWA ŁUGOWSKA ²
MAŁGORZATA MAJCHER ³
WIKTOR OBUCHOWSKI ³

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

² DANKO Hodowla Roślin, Sp. z o.o.

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Wielocechowa analiza wybranych cech jakości ziarna pszenicy ozimej*

Multivariate analysis of some quality traits of winter wheat grain

Jakość ziarna pszenicy zależy od wielu cech, spośród których twardość ziarna uważana jest za jedną z ważniejszych. Rezultaty wielu badań wskazują, że twardość ziarna ma związek z wymiářowością oraz z podstawowymi wskaźnikami wartości wypiekowej, jak wodochłonność mąki, test sedymentacyjny i objętość chleba. Praca przedstawia wyniki badań cech technologicznych oraz twardości ziarna 104 rodów pszenicy ozimej polskiej hodowli. Rody te oraz odmiany wzorcowe Muszelka i Bogatka badane były w doświadczeniach polowych w dwóch miejscowościach. Określano — używając aparatu NIR System Infratec 1241 Analizer (Foss, Hillerød, Denmark) — na 600-gramowych próbach pełnego ziarna relatywną twardość ziarna, zawartość białka, gluten mokry, liczbę sedymentacji Zeleny'ego oraz parametr alweograficzny. Uzyskane dane analizowano statystycznie stosując wielozmienną analizę wariancji i pokrewne metody wielu zmiennych. Utworzono teoretyczną linię charakteryzującą się najkorzystniejszymi wartościami analizowanych cech, z którą porównywano badane rody, zarówno pod względem poszczególnych cech, jak i wszystkich cech traktowanych łącznie. Zastosowane metody pozwoliły wyodrębnić grupę rodów nie różniących się istotnie od najlepszej linii pod względem wszystkich analizowanych parametrów jakościowych. Zaproponowane podejście może być wykorzystane w programach hodowli pszenic jakościowych.

Słowa kluczowe: pszenica ozima, rody hodowlane, twardość ziarna, parametry jakościowe, analiza wielozmienna

* Praca wykonana w ramach projektu badawczo-rozwojowego nr R12 016 03 Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Wheat grain quality depends on several traits, among which grain hardness is considered as a very important. Results of many research indicate that grain hardness is connected with flour yield and with the main indices of technological properties, such as flour water absorption, sedimentation value and final loaf volume. The paper presents results of experiment, in which 106 advanced Polish breeding lines of winter wheat were analysed in regard to grain hardness and technological properties. These lines along with standard cultivars Bogatka and Muszelka were observed in field experiments conducted in two localities. 600-g samples of whole grains were analysed with the use of NIR System Infratec 1241 Analyzer (Foss, Hillerød, Denmark). Relative grain hardness, protein content, wet gluten, Zeleny sedimentation value and alveograph parameter were recorded. The obtained data were statistically processed by multivariate analysis of variance and related methods. Besides, a theoretical line characterized by the most advantageous values of analysed traits was created and the contrasts between that line and the studied breeding lines were estimated and tested in regard to all traits treated simultaneously and individually. Applied methods permitted to identify breeding lines similar to theoretical line in terms of all analysed parameters. Proposed statistical approach may be helpful in selection of wheat genotypes with improved grain quality.

Key words: winter wheat, advanced breeding lines, grain hardness, quality parameters, multivariate analysis

WSTĘP

Jakość ziarna pszenicy zależy od wielu cech, spośród których za najważniejsze uważa się zawartość białka, skład jakościowy wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych oraz twardość ziarna. W polskich ośrodkach hodowlanych podstawą selekcji pszenic jakościowych najczęściej są takie wskaźniki jak test sedymentacyjny Zeleny'ego, liczba opadania i zawartość białka, natomiast w większości krajów europejskich oraz w Kanadzie i USA we wczesnych etapach hodowli określana jest twardość ziarna. Rezultaty wielu badań wskazują bowiem, że twardość ziarna ma istotny wpływ na jego cechy technologiczne, w szczególności wyrażające się łatwością przesiewania i sortowania mlewa, stopniem uszkodzenia skrobi podczas przemiału, wodochłonnością wytwarzanego ciasta, podatnością na działanie enzymów amylolitycznych, lepszą zdolnością fermentacyjną i w konsekwencji lepszą wartością wypiekową (Shewry i in., 1992; Autron i in., 1997; Martin i in., 2001; Gross i in., 2004; Ceglińska i in., 2007).

Twardość ziarna można zdefiniować jako właściwość wyrażającą się odpornością na odkształcenia plastyczne i pęknięcia przy działaniu siły skupionej na powierzchnię danego ciała. Złożoność budowy anatomicznej, struktury i własności mechanicznych poszczególnych części ziarna oraz odmienność zasad, na których oparta jest ocena twardości są powodem znacznego zróżnicowania uzyskiwanych wyników (Obuchowski i in., 1981). Stopień powiązania oceny twardości ziarna z określonymi wyróżnikami oceny technologicznej ziarna pszenicy jest także zróżnicowany. Techniki oznaczania twardości ziarna są bardzo różne (Gąsiorowski i Poliszko, 1977; Obuchowski i in., 1981, 2010), przy czym dla hodowców najbardziej interesująca jest metoda oznaczania za pomocą techniki bliskiej podczerwieni (NIR), ponieważ jest łatwa, szybka i nie niszczy materiału (Martin i in., 2001; Osborne, 2006; Obuchowski i in., 2010).

Celem przeprowadzonych badań była analiza zmienności polskich rodów hodowlanych pszenicy ozimej pod względem twardości ziarna oraz wybranych cech warunkujących jakość ziarna oznaczonych z wykorzystaniem techniki bliskiej podczerwieni.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły 104 rody pszenicy ozimej oraz dwie odmiany wzorcowe Bogatka i Muszelka. Rody pochodziły z DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o. Rody te badano w serii dwóch doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem przeprowadzonych w miejscowościach Dębina i Laski. Po zbiorach, na 600-gramowych próbach pełnego ziarna oznaczono relatywną twardość ziarna (NIT), zawartość białka, gluten mokry, liczbę sedymentacji Zeleny'ego oraz wartość parametru alweograficznego W, za pomocą NIR System Infratec 1241 Analizer (Foss, Hillerød, Denmark).

W celu wyróżnienia rodów odznaczających się dobrymi właściwościami technologicznymi zastosowano najpierw wielozmienną analizę wariancji opartą na ogólnej teorii o blokach niekompletnych (Ceranka i in., 1976) oraz pokrewne metody wielozmienne (Caliński i in., 1976; Seber, 1984), a następnie dokonano testowania istotności porównań poszczególnych rodów z teoretyczną linią najlepszą. Biorąc pod uwagę najwyższe wartości średnie z dwóch miejscowości dla każdej z obserwowanych w doświadczeniach cech utworzono linię teoretyczną charakteryzującą się najlepszymi parametrami jakościowymi, jakimi w tych warunkach powinna odznaczać się linia „idealna”. Badane w doświadczeniach rody porównano z linią teoretyczną (LTN) pod względem wszystkich analizowanych cech łącznie poprzez ocenę odpowiednich wielocechowych kontrastów, których istotność testowano za pomocą statystyki F . Przeprowadzono dodatkową charakterystykę badanych rodów obliczając wartości średnie, rozstęp, współczynniki zmienności oraz współczynniki korelacji między analizowanymi cechami. Dla twardości ziarna dokonano podziału rodów na grupy wewnętrznie jednorodne, przeprowadzonego zgodnie z metodyką podaną przez Gabriela (1964). Jako najlepszy uważany jest ten podział, dla którego wewnętrzna suma kwadratów odchyłeń przyjmuje minimum. Jako kryterium jednorodności wewnątrzgrupowej przyjęto wartość statystyki F dla testowania hipotezy o równości średnich wewnątrz grup.

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie wartości badanych cech dla rodów i odmian wzorcowych oraz współczynniki zmienności przedstawiono w tabeli 1. Zróznicowanie rodów i odmian pod względem wszystkich cech było istotne. Największe różnice wystąpiły w odniesieniu do twardości ziarna — wartość statystyki F będącej miarą mocy dyskryminacyjnej cech jak również współczynnik zmienności dla tej cechy były najwyższe. Współczynniki zmienności dla pozostałych cech były zbliżone i mieściły się w granicach od 6,32% dla zawartości białka do 10,53% dla parametru alweograficznego.

Tabela 1

Wartości średnie, rozstęp oraz współczynniki zmienności wybranych cech jakościowych badanych rodów i odmian pszenicy ozimej
Means, ranges and variation coefficients for selected quality traits of studied wheat breeding lines and cultivars

Genotypy Genotypes	Średnia Mean	Rozstęp Range	Współczynnik zmienności Variation coefficient (%)
Twardość ziarna — Grain hardness, (F = 4,14) ¹			
Rody Breeding lines	30,0	9,7–54,4	26,75
cv. Bogatka	32,7		
cv. Muszelka	27,5		
LTN ²	50,6		
Zawartość białka (%) — Protein content, (F = 1,94)			
Rody Breeding lines	12,5	10,8–14,5	6,32
cv. Bogatka	12,6		
cv. Muszelka	12,3		
LTN	14,4		
Gluten mokry (%) — Wet gluten, (F = 2,21)			
Rody Breeding lines	24,1	19,6–29,2	7,70
cv. Bogatka	25,1		
cv. Muszelka	24,9		
LTN	29,0		
Liczba sedymentacji Zeleny'ego — Zeleny sedimentation value, (F = 2,05)			
Rody Breeding lines	33,2	24,3–44,9	10,01
cv. Bogatka	32,8		
cv. Muszelka	32,7		
LTN	43,3		
Parametr alweograficzny — Alveograph parameter, (F = 3,16)			
Rody Breeding lines	244,7	190,2–311,4	10,53
cv. Bogatka	270,3		
cv. Muszelka	232,3		
LTN	307,8		

¹ W nawiasach podano moc dyskryminacyjną cech — in brackets discrimination power is given

² LTN — linia teoretyczna; LTN — theoretical line

Twardość ziarna była dodatnio istotnie skorelowana ze wszystkimi pozostałymi cechami; wartość współczynnika korelacji najniższa była dla zawartości białka ($r = 0,243$), najwyższa dla parametru alweograficznego ($r = 0,493$). Również współczynniki korelacji między wszystkimi pozostałymi cechami okazały się istotne, przy czym najsilniejszy związek wystąpił między zawartością białka, glutenem, liczbą sedymentacji i parametrem alweograficznym (tab. 2).

Badane rody podzielono na grupy jednorodne pod względem twardości ziarna. Przeprowadzona analiza statystyczna pozwoliła na dokonanie podziału badanych form na dwie różniące się istotnie grupy: jedna ze średnią wartością NIT = 35,0 i druga ze średnią 23,9. Oznacza to, że grupa pierwsza obejmuje rody o ziarnie istotnie twardszym niż grupa druga, jednakże nie można ich zaliczyć do pszenic twardych *sensu stricto* (tzn. takich, jak

Triticum durum). Liczebność obu grup była zbliżona i wynosiła odpowiednio 54 i 52 (tab. 3).

Tabela 2

Współczynniki korelacji między badanymi cechami jakościowymi ziarna pszenicy
Correlation coefficients between wheat quality traits studied

Cecha Trait	Zawartość białka Protein content	Gluten mokry Wet gluten	Liczba sedymentacji Zeleny'ego Zeleny sedimentation value	Parametr alweograficzny Alveograph parameter
Twardość ziarna Grain hardness	0,243**	0,349**	0,344**	0,493**
Zawartość białka Protein content		0,948**	0,893**	0,603**
Gluten mokry Wet gluten			0,859**	0,696**
Liczba sedymentacji Zeleny'ego Zeleny sedimentation value				0,539**

** P<0,01

Tabela 3

Grupy jednorodne rodów pszenicy pod względem twardości ziarna
Homogeneous groups of wheat breeding lines in regard to grain hardness

Grupa 1 — group 1 Średnia 35,01 — mean 35.01	Grupa 2 — group 2 Średnia 23,90 — mean 23.90
C1, C2, C3, C4, C5, C7, C9, C12, C14, C15 , C16, C17, C18, C19 , C20, C21, C22, C23, C24, C25 , C30, C32, D36, D37, D38, D39 , D41, D43, D44, D45, D47, D48, D49 , D50, D51, D55, D56, D60, D65, D66, D67, D69, D72, D75, D76, L85, L87, L94, L96, L100 , L101, L103, L104, B	C6, C8, C10, C11, C13, C26, C27, C28, C29, C31, C33, D40, D42, D46, D52, D53, D54, D57, D58, D59, D61, D62, D63, D64, D68, D70, D71, D73, D74, D77, L80, L81, L82, L83, L84, L86, L88, L89, L90, L91, L92, L93, L95, L97, L98, L99, L102, M
Całkowita wewnątrzgrupowa suma kwadratów — 4037,01, wartość krytyczna — 4102,34 Total within group sum of squares — 4037.01, critical value — 4102.34	

Pogrubioną czcionką zaznaczono rody nie różniące się od linii teoretycznej pod względem wszystkich analizowanych cech łącznie; Breeding lines not differing significantly from theoretical line in regard to all traits treated together are marked by bold

Porównanie poszczególnych rodów z linią teoretycznie najlepszą wykazało, że pod względem wszystkich cech traktowanych łącznie 10 rodów nie różniło się istotnie od linii teoretycznie najlepszej (tab. 4), przy czym wszystkie te rody zaliczone były do grupy form o ziarnie twardym (tab. 3). W tabeli 4 podano wartości kontrastów między linią teoretycznie najlepszą a wybranymi rodami. Można zauważyć, że aczkolwiek różnice pod względem kompleksu cech były nieistotne, to jednak nie stwierdzono żadnego rodu, który nie różniłby się istotnie od linii teoretycznej pod względem wszystkich pięciu analizowanych cech. Spośród 10 rodów wyszczególnionych w tabeli 4 dwa, L100 i D38, różniły się istotnie od LTN w odniesieniu do jednej tylko cechy (odpowiednio liczby sedymentacji i twardości ziarna), natomiast rody C15, D37 i D49 w odniesieniu do wszystkich pięciu analizowanych cech. Biorąc pod uwagę oba kryteria, to jest wartość statystyki *F* dla porównania pod względem wszystkich cech traktowanych łącznie, jak i istotność różnic dla poszczególnych cech można wyróżnić ród L100 jako najbardziej

zbliżony do linii o najlepszych parametrach. Na uwagę zasługuje także ród D38, który wprowadzie odznaczał się istotnie mniejszą twardością ziarna od LTN, jednak pozostałe parametry jakościowe kształtowały się podobnie jak u LTN.

Tabela 4

Porównanie wybranych rodów pszenicy z linią teoretycznie najlepszą (LTN)
Comparison of selected wheat breeding lines with theoretical line (LTN)

Kontrast Contrast	Wartość kontrastu Contrast value					Stat. <i>F</i> dla wszystkich cech łącznie ¹ <i>F</i> statistic for all traits together ¹
	twardość ziarna grain hardness	zawartość białka protein content	gluten mokry wet gluten	liczba sedymentacji Zeleny'ego Zeleny sedimentation value	parametr alweograficzny alveograph parameter	
LTN — C1	1,00	1,10	3,25*	5,15*	34,30	2,17
LTN — C19	13,00*	1,50*	3,65*	7,70**	33,85	2,22
LTN — C25	12,55*	1,10	2,45	6,30*	41,70*	1,95
LTN — D39	10,10*	1,30*	2,90*	4,90	49,90**	1,60
LTN — L100	7,40	0,95	1,90	5,35*	13,10	1,28
LTN — C14	6,35	1,75**	3,90**	8,40**	46,80*	2,54*
LTN — C15	12,20*	1,40*	4,25**	7,85**	42,35*	3,05*
LTN — D37	12,00*	1,20*	3,05*	5,75*	61,05**	2,47*
LTN — D38	15,50**	0,50	0,85	3,015	17,50	2,71*
LTN — D49	16,80**	1,50*	3,00*	5,80*	43,25*	3,00*

* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$

¹ $F_{0,05} = 2,30$; $F_{0,01} = 3,20$

Na rysunku 1 przedstawiono wzajemne położenie badanych rodów scharakteryzowanych wszystkimi analizowanymi cechami traktowanymi łącznie. Można zauważyć, że formy zaliczone do dwóch klas twardości tworzą oddzielne skupienia, odmiana Bogatka znalazła się w grupie form twardych, a Muszelka w grupie form miękkich. Linia L100, wyodrębniona jako forma najbardziej zbliżona do linii teoretycznie najlepszej, zajmuje odrębną pozycję od wszystkich pozostałych rodów. W tej samej ćwiartce układu współrzędnych znajduje się 8 spośród 10 rodów o kompleksie cech nie różniącym się istotnie od linii teoretycznej, z których dwa, D38 i D49, okazały się najbardziej zbliżone do odmiany wzorcowej Bogatka. Spośród badanej grupy form wyróżnia się bardzo wyraźnie ród C24. Odznaczał się on jedną z najwyższych ocen twardości ziarna przy jednocześnie niskiej zawartości białka (12%) i relatywnie niskich wartościach pozostałych cech. Należy jednak zaznaczyć, że graficzna prezentacja wyników na rysunku 1 obciążona jest znaczącą stratą informacji (33,69%) wynikającą z przejścia z przestrzeni wielowymiarowej do dwóch wymiarów.

Twardość ziarna określona w tej pracy za pomocą techniki bliskiej podczerwieni daje tylko relatywne wartości, jednak — jak wykazano wcześniej — są one istotnie skorelowane ze rzeczywistymi wskaźnikami oceny twardości, takimi jak moment skręcający (dodatnio), WHI (Wheat Hardness Index, dodatnio) i PSI (Particle Size Index, ujemnie) (Obuchowski i in., 2010). Wartości NIT w połączeniu z oceną innych wskaźników jakości ziarna

4. Ocena twardości oraz innych wyznaczników jakości ziarna za pomocą techniki bliskiej podczerwieni może stanowić podstawę selekcji form pszenicy ozimej o dobrych parametrach technologicznych.

LITERATURA

- Autron J. C., Hammer R. J., Plijter J. J., Pogna N. E. 1997. Exploring and improving the industrial use of wheats. *Cereal Foods World* 4: 216 — 227.
- Caliński T., Dyczkowski A., Kaczmarek Z. 1976. Testowanie hipotez w wielozmiennej analizie wariancji i kowariancji. *Algorytmy Biometryczne i Statystyczne ABS* 45: 77 — 114.
- Ceglińska A., Szajewska A., Haber T. 2007. Mechaniczne uszkodzenie skrobi a wartość wypiekowa mąki. *Przegl. Zboż.-Młyn.* 10: 13 — 14.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1976. Wielozmienna analiza wariancji dla układu bloków niekompletnych. *Algorytmy Biometryczne i Statystyczne ABS* 43: 39 — 48.
- Gąsiorowski H., Poliszko St. 1977. A wheat endosperm microhardness index. *Acta Alim.* 6: 113 — 117.
- Gross C., Bervas E., Charmet G. 2004. Genetic analysis of grain protein content, grain hardness and dough rheology in a hard $\times$ hard bread wheat progeny. *J. Cereal Sci.* 40: 93 — 100.
- Martin J. M., Froberg R. C., Morris C. F., Talbert L. E., Giroux M. J. 2001. Milling and bread baking traits associated with puroindoline sequence type in hard red spring wheat. *Crop Sci.* 41: 228 — 234.
- Gabriel K. R. 1964. A procedure for testing the homogeneity of all sets of means in analysis of variance. *Biometrics* 20: 459 — 477.
- Obuchowski W., Gąsiorowski H., Kołodziejczyk P. 1981. Twardość ziarna pszenicy jako kryterium jego jakości. *Post. Nauk Rol.* 5: 97 — 108.
- Obuchowski W., Salmanowicz B., Banaszak Z., Adamski T., Surma M., Kaczmarek Z., Majcher M., Ługowska B., Kuczyńska A., Krystkowiak K. 2010. Grain hardness of wheat bred in Poland and its relationship to starch damage during milling. *International Agrophysics* 24 (1): 69 — 74.
- Osborne B. G. 2006. Applications of near infrared spectroscopy in quality screening of early-generation material in cereal breeding programmes. *J. Near Infrared Spectrosc.* 14: 93 — 101.
- Seber G. A. F. 1984. *Multivariate observations*. Wiley, New York.
- Shewry P. R., Halford N. G., Tatham A.S. 1992. High molecular weight subunits of wheat glutenin. *J. Cereal Sci.* 15: 105 — 120.

KAROLINA KRYSTKOWIAK**TADEUSZ ADAMSKI****MARIA SURMA****ZYGMUNT KACZMAREK****ANETTA KUCZYŃSKA****AGATA BURTONA****RENATA TRZECIAK**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Zmienność wybranych cech technologicznych ziarna mieszańców pszenicy ozimej w zależności od składu podjednostek białek gluteninowych u form rodzicielskich

Variability of chosen technological traits of winter wheat hybrids in relation to composition of HMW glutenin subunits in parental forms

Celem badań była analiza zmienności wybranych cech technologicznych ziarna w populacjach mieszańców pszenicy ozimej o tym samym składzie alleli *Glu-1* przy jednoczesnym uwzględnieniu podobieństwa genetycznego odmian rodzicielskich. Materiał do badań stanowiło 18 odmian pszenicy ozimej oraz 76 mieszańców pokolenia F₂. Dokonano charakterystyki form wyjściowych pod względem składu wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych (HMW). Zbadano także zróżnicowanie genetyczne pomiędzy parami form rodzicielskich przy użyciu markerów molekularnych typu SSR. Dla mieszańców i ich form wyjściowych określono zawartość białka w s.m. ziarna oraz wykonano analizy farinograficzne przy użyciu aparatu Brabendera. Mieszańce (rodziny) podzielono na grupy o tym samym składzie podjednostek gluteninowych, a następnie grupy te porównano pod względem parametrów technologicznych. Określono zmienność fenotypową między grupami rodzin o różnym składzie alleli *Glu-1* oraz przeprowadzono wielowymiarową ocenę wyróżnionych grup. Tworzące poszczególne grupy rodziny, mimo takiego samego składu alleli *Glu-1* różniły się pod względem analizowanych cech technologicznych ziarna. Nie stwierdzono związku pomiędzy odległością genetyczną par form rodzicielskich tworzących rodziny wchodzące w skład poszczególnych grup a podobieństwem fenotypowym tych grup.

Słowa kluczowe: analiza statystyczna, cechy technologiczne ziarna, odległości Mahalanobisa, pszenica ozima, wysokocząsteczkowe podjednostki gluteninowe

The aim of the study was to analyze variability of selected technological properties in winter wheat hybrids of diverse allele composition in *Glu-1* loci in connections with genetic similarity of parental cultivars evaluated by molecular markers. Material for the study included 18 winter wheat cultivars and

their 76 F₂ hybrids obtained after crossing in a line x tester scheme. Protein content and rheological dough parameters, evaluated using the Brabender farinograph, were determined in parents and hybrids. Additionally, parental cultivars were analyzed in regard to the composition of high molecular weight (HMW) glutenin subunits and polymorphism of microsatellite markers (SSR), on the basis of which genetic distances between them were evaluated. Hybrid families were divided into groups with the same composition of HMW glutenins and afterwards these groups were compared in terms of rheological parameters. Phenotypic variability between family groups was estimated and multivariate evaluation of these groups was performed. It was found that hybrid families belonging to the same group, i.e. with the same HMW composition, differed in dough properties. No relationship was ascertained between genetic distances of parental cultivars of hybrid families belonging to groups of the same HMW composition and phenotypic similarity of hybrids within these groups.

Key words: dough properties, protein content, Mahalanobis distances, winter wheat, HMW glutenin subunits

WSTĘP

W hodowli pszenic jakościowych, selekcję we wczesnych etapach hodowli, przeprowadza się najczęściej na podstawie znajomości składu wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych (HMW) oraz zawartości białka. Podjednostki HMW identyfikowane są najczęściej w nasionach za pomocą elektroforezy na żelu poliakryloamidowym (SDS). Alternatywną metodą jest zastosowanie allelospecyficznych markerów molekularnych w reakcji PCR (AS-PCR) (Anderson, 1994; D'Ovidio i in., 1995; Ahmad, 2000; De Bustos i in., 2000; Lei i in., 2006) co pozwala na identyfikację podjednostek HMW już w stadium siewki. Payne (1987) przypisał poszczególnym podjednostkom białek gluteninowych określoną wartość, a sumując wartości podjednostek występujących w danej odmianie można oszacować jej potencjalną wartość wypiekową.

O właściwościach wypiekowych mąki pszenicznej wnioskować można pośrednio na podstawie składu podjednostek HMW, nie determinują one jednak w sposób jednoznaczny właściwości technologicznych pszenicy. Wiele badań wskazuje bowiem, iż również inne rejony genomu są odpowiedzialne za cechy jakościowe ziarna (Sourdille i in., 1996; Galande i in., 2001). Dlatego też określenie zróżnicowania genetycznego krzyżowanych odmian przy zastosowaniu markerów molekularnych związanych z QTL dla cech jakościowych może być informacją pomocną w procesie selekcji pszenic jakościowych. Zastosowanie w pracy markerów molekularnych sprzężonych z zawartością białka, strukturą i twardością ziarna oraz parametrami mikrograficznymi pozwala założyć, że znaczna część obserwowanej zmienności (odległości genetycznej między odmianami) będzie związana z *loci* determinującymi te cechy. Należy również pamiętać, iż odmiany pszenicy o dobrych właściwościach technologicznych są na ogół mniej plenne (Calderini i Slafer, 1999; De Vita i in., 2007), dlatego też w pracy wykorzystano również markery molekularne identyfikujące QTL związane z plonowaniem.

Celem pracy było określenie zmienności rodzin pokolenia F₂ pszenicy w grupach o tym samym składzie białek gluteninowych, pod względem cech technologicznych ziarna, na tle zróżnicowania genetycznego form rodzicielskich.

MATERIAŁY I METODY

Materiał do badań stanowiło 18 odmian pszenicy ozimej: Alidos, Aristos, Aron, Batis, Begra, Borenos, Bussard, Charger, Carolus, Dad 76, Elena, Flair, Kobra, Kornett, Kris, Mikon, Pegassos i Rektor oraz ich mieszańce pokolenia F_2 uzyskane w 76 kombinacjach krzyżowań. Formy rodzicielskie oraz mieszańce badano w doświadczeniu polowym (Krystkowiak i in., 2009). Określano zawartość białka w s.m. ziarna oraz wykonano analizy farinograficzne przy użyciu aparatu Brabendera, na podstawie których określono wodochłonność mąki, czas rozwoju i rozmięczenie ciasta.

Zróżnicowanie genetyczne form rodzicielskich badano z zastosowaniem 26 markerów molekularnych związanych z QTL dla twardości i tekstury ziarna, plonowaniem, zawartością białka oraz niektórymi parametrami reologicznymi, które wybrano na podstawie danych literaturowych (tab. 1). Sekwencje starterów oraz temperatury i przebieg reakcji PCR zastosowano według procedury podanej w pracach Röder i in. (1998), Pestova i in. (2000), Gupta i in. (2002), Sommers i in. (2004) i Sourdille i in. (2004). Reakcje PCR przeprowadzono w termocyklerze Gene AMP PCR system 9700 (Applied Biosystem). Produkty reakcji PCR rozdzielano na Analizatorze Genetycznym Applied Biosystem, pracującym w oparciu o techniki elektroforezy kapilarnej i detekcji fluorescencyjnej. Do obliczenia wartości podobieństwa genetycznego pomiędzy badanymi odmianami zastosowano formułę Nei i Li (1979), które zostały następnie przekształcone w odległości genetyczne.

Formy rodzicielskie zostały scharakteryzowane pod względem składu wysoko-cząsteczkowych podjednostek gluteninowych za pomocą markerów allelospecyficznych (D'Ovidio, Anderson, 1994; Lafiandra i in., 1997; Ahmad, 2000; De Bustos i in., 2000; Lei i in., 2006). Sekwencje użytych markerów allelospecyficznych podano w tabeli 2. Genomowy DNA wyizolowano z dwutygodniowych siewek za pomocą zestawu Kit Promega. Mieszanina reakcyjna zawierała 1x PCR bufor (Qiagen), 2mM $MgCl_2$, 300 μg każdego dNTP, 0,2 μg każdego primera, 50 ng DNA i 0,5 U HotStar Taq DNA polimerazy (Qiagen). Produkty PCR rozdzielano na 1,5% żelu agarozowym z wykorzystaniem bromku etydyny.

Na podstawie wyników analizy składu podjednostek HMW u form rodzicielskich mieszańce z 76 analizowanych kombinacji krzyżówkowych podzielono na 22 grupy. Do tej samej grupy zaliczano populacje F_2 (zdefiniowane w pracy jako rodziny), uzyskane ze skrzyżowania form rodzicielskich o tym samym składzie podjednostek białek gluteninowych (w rodzinach tworzących grupę segregowały te same allele *Glu-1*). Do utworzonych w ten sposób grup wchodziły rodziny składające się z roślin zarówno homo- jak i heterozygotycznych pod względem składu podjednostek HMW.

Wychodząc z założenia jednakowego w każdej grupie występowania osobników homo- jak i heterozygotycznych (w F_2 50% homozygot), oraz znając z literatury zależności między składem białek gluteninowych a wartością wypiekową mąki (mierzonej wartościami Payne'a), możliwe okazało się określenie teoretycznej wartości wypiekowej każdej z 22 utworzonych grup genotypów.

Tabela 1

Charakterystyka zastosowanych markerów mikrosatelitarnych
Characteristic of applied microsatellite markers

Starter SSR — SSR markers	Sekwencja — Sequence	Literatura — Reference
Xgwm16	F: 5' GCT TGG ACT AGC TAG AGT ATC ATA C 3' R: 5' CAA TCT TCA ATT CTG TCG CAC GG 3'	Röder i in. (2002)
Xgwm55	F: 5' GCA TCT GGT ACA CTA GCT GCC 3' R: 5' TCA TGG ATG CAT CAC ATC CT 3'	Perretant i in. (2000)
Xgwm60	F: 5' TGT CCT ACA CGG ACC ACG T 3' R: 5' GCA TTG ACA GAT GCA CAC G 3'	Korzun i in. (1997)
Xgwm63	F: 5' TCG ACC TGA TCG CCC CTA 3' R: 5' CGC CCT GGG TGA TGA ATA GT 3'	Röder i in. (2002)
Xgwm124	F: 5' GCC ATG GCT ATC ACC CAG 3' R: 5' ACT GTT CGG TGC AAT TTG AG 3'	Crepieux i in. (2005)
Xgwm130	F: 5' AGC TCT GCT TCA CGA GGA AG 3' R: 5' CTC CTC TTT ATA TCG CGT CCC 3'	Perretant i in. (2000)
Xgwm190	F: 5' GTG CTT GCT GAG CTA TGA GTC 3' R: 5' GTG CCA CGT GGT ACC TTT G 3'	Turner i in. (2004)
Xgwm192	F: 5' GGT TTT CTT TCA GAT TGC GC 3' R: 5' CGT TGT CTA ATC TTG CCT TGC 3'	Turner i in. (2004)
Xgwm205	F: 5' CGA CCC GGT TCA CTT CAG 3' R: 5' AGT CGC CGT TGT ATA GTG CC 3'	Turner i in. (2004)
Xgwm210	5' TGC ATC AAG AAT AGT GTG GAA G 3' 5' TGA GAG GAA GGC TCA CAC CT 3'	Röder i in. (2002)
Xgwm261	5' CTC CCT GTA CGC CTA AGG C 3' 5' CTC GCG CTA CTA GCC ATT G 3'	Narasimhamoorthy i in. (2006)
Xgwm296	5' AAT TCA ACC TAC CAA TCT CTG 3' 5' GCC TAA TAA ACT GAA AAC GAG 3'	Röder i in. (2002)
Xgwm325	F: 5' TTT CTT CTG TCG TTC TCT TCC C 3' R: 5' TTT TTA CGC GTC AAC GAC G 3'	Kuchel i in. (2006)
Xgwm358	F: 5' AAA CAG CGG ATT TCA TCG AG 3' R: 5' TCC GCT GTT GTT CTG ATC TC 3'	Turner i in. (2004)
Xgwm437	F: 5' GAT CAA GAC TTT TGT ATC TCT C 3' R: 5' GAT GTC CAA CAG TTA GCT TA 3'	Huang i in. (2002)
Xgwm497	F: 5' GTA GTG AAG ACA AGG GCA TT 3' R: 5' CCG AAA G TT GGG TGA TAT AC 3'	Campbell i in. (2001)
Xgwm498	F: 5' GGT GGT ATG GAC TAT GGA CAC T 3' R: 5' TTT GCA TGG AGG CAC ATA CT 3'	Paillard i in. (2003)
Xgwm550	F: 5' CCC ACA AGA ACC TTT GAA GA 3' R: 5' CAT TGT GTG TGC AAG GCA C 3'	Paillard i in. (2003)
Xgwm642	F: 5' ACG GCG AGA AGG TGC TC 3' R: 5' CAT GAA AGG CAA GTT CGT CA 3'	Boeuf i in. (2003)
Xwmc41	F: 5' TCC CTC TTC CAA GCG CGG ATA G 3' R: 5' GGA GGA AGA TCT CCC GGA GCA 3'	Prasad i in. (1999)
Xwmc182	F: 5' TCC TTG ACC CCT TGC ACT AAC T 3' R: 5' ATG GTT GGG AGC ACT AGC TTG G 3'	Somers i in. (2004)
Xwmc221	F: 5' ACG ATA ATG CAG CGG GGA AT 3' R: 5' GCT GGG ATC AAG GGA TCA AT 3'	Somers i in. (2004)
Xwmc489	F: 5' CGA AGG ATT TGT GAT GTG AGT A 3' R: 5' GGA CAA CAT CAT AGA GAA GGA A 3'	Somers i in. (2004)
Xwmc503	F: 5' GCA ATA GTT CCC GCA AGA AAA G 3' R: 5' ATC AAC TAC CTC CAG ATC CCG T 3'	Gupta i in. (2002)
Xwmc630	F: 5' ATA ATG CAC GGT AGG ACT GAG G 3' R: 5' CAT ACT GAG ACA ATT TGG GGG T 3'	Somers i in. (2004)
XGdm33	F: 5' GGC TCA ATT CAA CCG TTC TT 3' R: 5' TAC GTT CTG GTG GCT GCT C 3'	Campbell i in. (2001)

Tabela 2

Charakterystyka zastosowanych markerów allelospecyficznych dla podjednostek gluteninowych
Characteristic of applied allelospecific markers for glutenin unites

Starter Primer	Podjednostka gluteninowa Glutenin subunit	Sekwencja straterów Sequence of the primers	Literatura Reference
AS1	AxNull	F:ACGTTCCCTACAGGTACTA R:TATCACTGGCTAGCCGACAA	Lafiandra i in. 1997
AS2	Ax2*	F:CCGATTTTGTCTTCTCACAC R:CACCAAGCGAGCTGCAGAT	De Bustos i in. 2000
AS3	Ax2* Ax1/AxNull	F:CCATCGAAATGGCTAAGCGG R:GTCCAGAAGTTGGGAAGTTGC	Lafiandra i in. 1997
AS4	Bx7	F:ATGGCTAAGCGCCTGGTCCT R:TGCCTGGTCGACAATGCGTCGCTG	Ahmad, 2000
AS6	By8	F:TTAGCGCTAAGTGCCGTCT TTGTCCTATTTGCTGCCCTT	Lei i in. 2006
AS8	By20* By8,By8*, By18* By9	F:TTCTCTGCATCAGTCAGGA R:AGAGAAGCTGTGTAATGCC	Lei i in. 2006
AS9	Dx5	F:GCCTAGCAACCTTCACAATC R:GAAACCTGCTGCGGACAAG	D'Ovidio, Anderson 1994
AS10	Dy10 Dy12	F:GTTGGCCGGTCGGCTGCCATG R:TGGAGAAGTTGGATAGTACC	D'Ovidio, Anderson 1994

Równocześnie przeprowadzono analizy technologiczne wchodzących w skład każdej grupy rodzin (zdefiniowanych jako potomstwo jednej kombinacji krzyżówkowej). Pozwoliło to na określenie zakresu zmienności cech technologicznych między rodzinami w obrębie każdej z badanych grup. W dalszej kolejności badano, czy istnieje związek między odległością genetyczną par form rodzicielskich tworzących rodziny w obrębie każdej z grup a zakresem zmienności cech technologicznych tworzących daną grupę rodzin.

Analizę statystyczną uzyskanych wyników wykonano za pomocą metod jedno- i wielowymiarowych (Caliński, Kaczmarek, 1973). Przeprowadzono jednoczynnikową analizę wariancji (ANOVA). Istotność różnic w obrębie poszczególnych grup między rodzinami (rodzina obejmuje mieszańce F₂ z tej samej kombinacji krzyżówkowej) określono na podstawie wartości najmniejszej istotnej różnicy (NIR). Do oceny grup rodzin pod względem wszystkich cech łącznie zastosowano analizę zmiennych kanonicznych (Caliński, Kaczmarek, 1973; Morrison, 1976). Obliczono ponadto odległości Mahalanobisa, które pozwoliły wnioskować o wielocechowym podobieństwie grup. Porównanie grup rodzin o różnym składzie alleli Glu-1 pod względem każdej z badanych cech przeprowadzono poprzez ocenę i testowanie odpowiednich kontrastów.

WYNIKI

Zróżnicowanie genetyczne badanych odmian pszenicy

Do określania zróżnicowania genetycznego badanych odmian pszenicy wykorzystano 26 markerów mikrosatelitarnych. W wyniku przeprowadzonych reakcji otrzymano 140 alleli. Średnia liczba alleli uzyskanych przy użyciu jednego startera alleli wynosiła 5,4. Najbardziej zróżnicowane na poziomie molekularnym okazały się pary Elena-Alidos,

Dad76-Borenos oraz Charger-Bussard, dla których współczynniki odległości genetycznej wynosiły odpowiednio 0,89 oraz 0,88. Największym podobieństwem pod względem molekularnym odznaczały się pary Begra-Aron, Charger-Aristos, Kobra-Alidos oraz Mikon-Borenos, dla których współczynnik odległości genetycznej wynosił 0,21. Pary form rodzicielskich tworzące rodziny o tym samym składzie podjednostek gluteninowych różniły się znacznie pod względem odległości genetycznych. Odległość genetyczna między formami rodzicielskimi w grupach odznaczających się najlepszymi pod względem technologicznym składem podjednostek gluteninowych wahała się od 0,21 do 0,86. W grupach linii o potencjalnie niskiej wartości technologicznej zróżnicowanie genetyczne par form rodzicielskich mieściło się w podobnych granicach: od 0,22 do 0,89 (tab. 4).

Analiza składu wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych

Wykorzystane do krzyżowań odmiany różniły się składem alleli w loci *Glu-A1*, *Glu-B1* oraz *Glu-D1*. W przypadku locus *Glu-A1* wykazano obecność allela null oraz allela kodującego podjednostkę 1. W locus *Glu-B1* wystąpiły allele kodujące trzy typy podjednostek gluteninowych: Bx7+By8, Bx7+By9 oraz Bx6+By8, natomiast w locus *Glu-D1* allele kodujące podjednostki Dx2+Dy12 oraz Dx5+Dy10 (tab. 3).

Tabela 3

Charakterystyka odmian rodzicielskich pod względem składu podjednostek gluteninowych i alleli w loci *Glu-1*

Characteristic of parental cultivars in term of glutenin composition in *Glu-1* loci

Odmiana Cultivar	HMW podjednostki gluteninowe HMW glutenin subunits	Allele — Alleles		
		<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>
Alidos	N/ 6+8/ 5+10	c	d	d
Aristos	1/ 7+9/ 5+10	a	c	d
Aron	N/ 7+9/ 5+10	c	c	d
Batis	1/ 7+9/ 5+10	a	c	d
Begra	N/ 7+9/ 5+10	c	c	d
Borenos	N/ 7+9/ 5+10	c	c	d
Bussard	N/ 7+8/ 5+10	c	b	d
Charger	N/ 6+8/ 2+12	c	d	a
Carolus	1/ 7+8/ 5+10	a	b	d
Dad76	N/ 6+8/ 2+12	c	d	a
Elena	N/ 7+9/ 2+12	c	c	a
Flair	N/ 6+8/ 2+12	c	d	a
Kobra	N/ 7+8/ 5+10	c	b	d
Kornett	N/ 7+9/ 5+10	c	c	d
Kris	N/ 7+9/ 2+12	c	c	a
Mikon	1/ 7+9/ 5+10	a	c	d
Pegassos	1/ 7+9/ 5+10	a	c	d
Rektor	1/ 7+9/ 5+10	a	c	d

Badane rodziny mieszańcowe podzielono na 22 grupy- w rodzinach tworzących grupę segregowały takie same allele *Glu-1* (tab. 4). Wartości Payne'a dla poszczególnych grup wahały się od 5,5 do 10,5. Korzystnym składem wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych (Ax1/Bx7+By8/Dx5+Dy10 lub Ax1/Bx7+By9/Dx5+Dy10) charakteryzowało się sześć spośród 22 grup rodzin, co znalazło odbicie w sumarycznej wartości Payne'a wynoszącej dla tych grup od 9 do 10,5.

Tabela 4

**Charakterystyka mieszańców F₂ pod względem składu jakościowego podjednostek białek
gluteninowych alleli w *loci Glu 1* oraz wartości Payne'a**
Characteristic of F₂ hybrids in term of glutenin composition in *Glu-1 loci* and Payne' value

Grupa (kombinacja krzyżówkowa) Group (cross combination)	Odległość genetyczna par form rodzicielskich Genetic distances of parents	Glu- A1		Glu- B1		Glu- D1		Sumaryczna wartość Payne'a Summary Payne value
		allel/pod- jednostka allel /subunit	wartość Payne'a Payne value	allel/pod- jednostka allel /subunit	wartość Payne'a Payne value	allel/pod- jednostka allel /subunit	wartość Payne'a Payne value	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.(Mikon × Carolus)	0,68	a (1)	3	c,b (7+9/7+8)	2,5	d (5+10)	5	10,5
2.(Mikon × Aristos)	0,32	a (1)	3	c (7+9)	2	d (5+10)	5	10
3.(Mikon × Alidos)	0,29	a, c (1/Null)	2	c,d (7+9/6+8)	1,5	d (5+10)	5	8,5
4. (Charger × Carolus, Dad76 × Carolus, Flair × Carolus)	0,53 - 0,87	c,a (Null/1)	2	d,b (6+8/7+8)	2	a,d (2+12/5+10)	3,5	7,5
5. (Charger × Aristos, Dad76 × Aristos, Flair × Aristos, Charger × Batis, Charger × Pegassos, Charger × Rektor, Dad76 × Batis, Dad76 × Pegassos, Dad76 × Rektor, Flair × Batis, Flair × Pegassos, Flair × Rektor)	0,21 – 0,69	c,a (Null/1)	2	d,c (6+8/7+9)	1,5	a,d (2+12/5+10)	3,5	7
6. (Charger × Alidos, Dad76 × Alidos, Flair × Alidos)	0,32 – 0,50	c (Null)	1	d (6+8)	1	a,d (2+12/5+10)	3,5	5,5
7. (Charger × Bussard, Dad76 × Bussard, Flair × Bussard)	0,27 – 0,88	c (Null)	1	d,b (6+8/7+8)	2	a,d (2+12/5+10)	3,5	6,5
8. (Charger × Aron, Charger × Borenos, Dad76 × Aron, Dad76 × Borenos, Flair × Aron, Flair × Borenos, Charger × Kornett, Dad76 × Kornett, Flair × Kornett)	0,45 – 0,88	c (Null)	1	d,c (6+8/7+9)	1,5	a,d (2+12/5+10)	3,5	6
9. (Kobra × Carolus)	0,83	c,a (Null/1)	2	b (7+8)	3	d (5+10)	5	10
10. (Kobra × Aristos, Kobra × Batis, Kobra × Pegassos, Kobra × Rektor, Mikon × Bussard)	0,33 – 0,61	c,a (Null/1)	2	b,c (7+8/7+9)	2,5	d (5+10)	5	9,5
11. (Kobra × Alidos)	0,21	c (Null)	1	b,d (7+8/6+8)	2	d (5+10)	5	8
12. (Kobra × Bussard)	0,86	c (Null)	1	b (7+8)	3	d (5+10)	5	9
13. (Kobra × Aron, Kobra × Borenos, Kobra × Kornett, Begra × Bussard)	0,22 – 0,46	c (Null)	1	b,c (7+8/7+9)	2,5	d (5+10)	5	8,5

c. d. Tabela 4

1	2	3	4	5	6	77	8	9
14. (Elena × Carolus, Kris × Carolus)	0,42-0,77	c,a (Null/1)	2	c,b (7+9/7+8)	2,5	a,d (2+12/5+10)	3,5	8
15. (Elena × Aristos, Kris × Aristos, Elena × Batis, Elena × Pegassos, Elena × Rektor Kris × Batis, Kris × Pegassos Kris × Mikon)	0,34 – 0,77	c,a (Null/1)	2	c (7+9)	2	a,d (2+12/5+10)	3,5	7,5
16. (Elena × Alidos, Kris × Alidos)	0,31 – 0,89	c (Null)	1	c,d (7+9/6+8)	1,5	a,d (2+12/5+10)	3,5	6
17. (Elena × Bussard, Kris × Bussard)	0,31 – 0,53	c (Null)	1	c,b (7+9/7+8)	2,5	a,d (2+12/5+10)	3,5	7
18. (Elena × Aron, Elena × Borenos, Kris × Aron, Kris × Borenos, Elena × Komettt, Kris × Komettt)	0,22 – 0,48	c (Null)	1	c (7+9)	2	a,d (2+12/5+10)	3,5	6,5
19. (Begra × Carolus)	0,43	c,a (Null/1)	2	c,b (7+9/7+8)	2,5	d (5+10)	5	9,5
20. (Begra × Aristos, Begra × Batis, Begra × Pegassos, Begra × Rektor, Mikon × Aron, Mikon × Borenos)	0,21- 0,52	c,a (Null/1)	2	c (7+9)	2	d (5+10)	5	9
21. (Begra × Alidos)	0,37	c (Null)	1	c,d (7+9/6+8)	1,5	d (5+10)	5	7,5
22. (Begra × Aron, Begra × Borenos, Begra × Komettt)	0,21 – 0,46	c (Null)	1	c (7+9)	2	d (5+10)	5	8

Średnie wartości cech badanych grup genotypów

Wartości średnie badanych cech dla grup utworzonych z rodzin, jak i wartości skrajne dla rodzin tworzących grupę zamieszczono w tabeli 5. Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne zróżnicowanie grup pod względem badanych cech (tab. 6). Większość rodzin w obrębie każdej grupy różniła się istotnie od siebie pod względem co najmniej jednej cechy, o czym świadczą oszacowane wartości NIR.

Średnia wodochłonność mąki dla badanych grup kształtowała się w granicach od 53,7% w grupie 11 do 58,6% w grupie 19. Wartość Payne'a dla tych grup wynosiły odpowiednio 8 i 9,5. Rodziny w obrębie grup odznaczały się stosunkowo wysokim wyrównaniem pod względem tej cechy — tylko w 5 grupach (nr 4, 5, 8, 14, 15) różnice między rodzinami były istotne (tab. 5).

Średnie wartości czasu rozwoju ciasta dla grup rodzin wahały się od 1,78 (grupa 20) do 2,83 min. (grupa 12). Rodziny mieszańców w obrębie grup w większości przypadków różniły się istotnie, o czym świadczą istotne różnice między wartościami skrajnymi (tab. 5). Nie stwierdzono wyraźnych zależności między składem podjednostek HMW a wartościami tej cechy; grupy rodzin o najwyższych (grupa 12) i o najniższych (grupa 20)

wartościach czasu rozwoju ciasta odznaczały się podobnie korzystnym składem białek gluteninowych — dla obu grup wartość Payne’a wynosiła 9,0.

Tabela 5

Średnie wartości badanych cech w grupach mieszańców F₂ pszenicy ozimej wyróżnionych na podstawie kompozycji alleli w loci *Glu-1*
Mean value of analyzed traits in groups of F₂ winter wheat hybrids distinguished according to allele compositions in *Glu-1* loci

Grupa rodzin Family group	Liczba rodzin w grupie Number of families in group	Wodochłonność mąki (%) Water absorption (%)				Czas rozwoju ciasta (min.) Dough development (min)				Zawartość białka (%) Protein content (%)			
		średnia wartość cechy dla grupy mean values of trait in group	zakres średnich wartości dla rodzin w grupie range of mean values in group		NIR LSD	średnia wartość cechy dla grupy mean values of trait in group	zakres średnich wartości dla rodzin w grupie range of mean values in group		NIR LSD	średnia wartość cechy dla grupy mean values of trait in group	zakres średnich wartości dla rodzin w grupie range of mean values in group		NIR LSD
			min.	maks.			min.	maks.			min.	maks.	
1	1	58,2	-	-	-	2,57	-	-	-	13,3	-	-	-
2	1	55,6	-	-	-	2,71	-	-	-	12,3	-	-	-
3	1	55,5	-	-	-	2,13	-	-	-	13,8	-	-	-
4	3	55,6	53,8	57,8	3,66	2,19	1,9	2,7	1,04	13,7	13,2	14,2	0,69
5	12	55,3	51,8	57,7	3,59	2,01	1,4	2,4	0,79	13,0	11,2	14,2	1,42
6	3	53,8	51,7	55,4	4,55	2,17	1,9	2,3	0,38	13,5	13,2	13,7	0,36
7	3	55,3	54,2	57,4	4,21	2,01	1,9	2,4	0,74	13,4	13,0	14,2	0,91
8	9	55,7	53,3	57,2	2,89	2,15	1,5	2,7	0,78	13,9	13,0	14,5	0,61
9	1	58,2	-	-	-	2,77	-	-	-	14,1	-	-	-
10	5	55,3	53,5	56,6	3,41	1,95	1,4	2,7	0,96	13,4	13,1	13,8	0,39
11	1	53,7	-	-	-	2,00	-	-	-	13,0	-	-	-
12	1	57,7	-	-	-	2,83	-	-	-	14,1	-	-	-
13	4	54,9	54,3	55,9	2,48	2,26	1,6	2,9	0,98	13,2	12,5	14,2	0,96
14	2	57,4	56,8	58,0	0,51	2,38	1,8	2,9	1,68	13,8	13,3	14,2	0,78
15	8	56,6	54,0	58,9	3,74	2,01	1,4	2,5	0,68	13,1	12,0	14,2	1,02
16	2	57,1	54,6	59,6	5,93	2,18	1,9	2,5	0,77	13,3	12,0	14,6	2,88
17	2	54,6	54,4	54,8	1,40	2,02	2,0	2,0	0,21	13,1	12,4	13,4	0,78
18	6	55,4	55,1	57,9	3,03	2,17	1,5	2,5	0,20	13,2	11,7	14,3	1,31
19	1	58,6	-	-	-	2,23	-	-	-	14,4	-	-	-
20	6	55,2	55,3	57,0	3,93	1,78	1,3	2,2	0,65	12,8	11,9	13,4	0,84
21	1	56,8	-	-	-	2,03	-	-	-	13,6	-	-	-
22	3	55,9	54,9	57,3	2,44	2,01	1,7	2,2	0,71	13,8	13,2	14,5	0,89

Średnia zawartość białka dla badanych grup kształtowała się w granicach od 12,3% (grupa 2) do 14,4% (grupa 19). Obie grupy odznaczały się zbliżonymi i wysokimi wartościami Payne’a wynoszącymi odpowiednio 10 i 9,5. Różnice między rodzinami o wartościach skrajnych w obrębie każdej z grup były na ogół wyższe od oszacowanych wartości NIR, co wskazuje na ich istotne zróżnicowanie (tab. 5).

Tabela 6

Analiza wariancji dla wodochłonności mąki, rozwoju ciasta, zawartość białka oraz rozmiękczenia ciasta dla badanych grup pszenic
Analysis of variance for water absorption, dough development, protein content and degree of softening of analyzed wheat groups

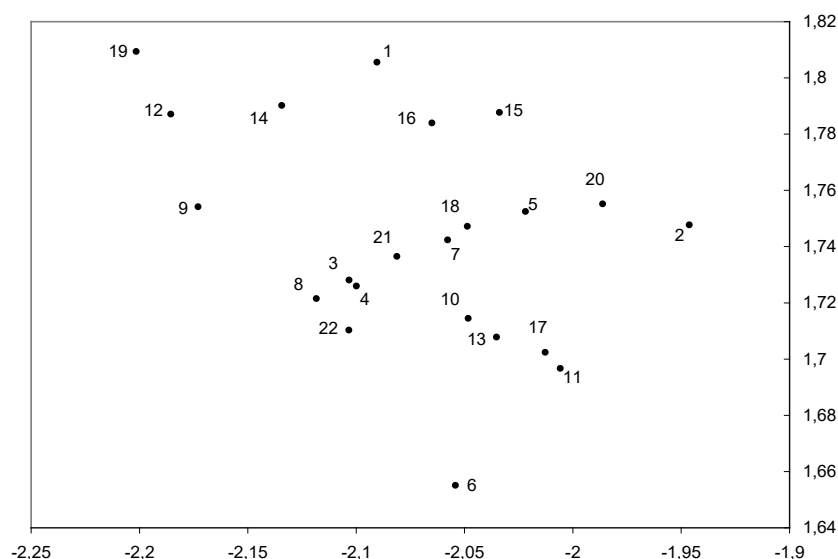
Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Cecha — Traits							
		wodochłonność mąki water absorption		rozwój ciasta dough development		zawartość białka protein content		rozmiękczenie ciasta degree of softening	
		średni kwadrat mean square	F. obl F _{cal}	średni kwadrat mean square	F. obl F _{cal}	średni kwadrat mean square	F. obl F _{cal}	średni kwadrat mean square	F. obl F _{cal}
Grupy rodzin Group of hybrid families	21	9,723	2,584**	0,366	1,764*	1,715	4,965*	476,4	1,535
Błąd Error	206	3,763		0,208		0,364		310,6	

* p<0.05

** p< 0.01

Podobieństwo badanych grup pod względem wszystkich cech łącznie

Podobieństwo badanych rodzin pod względem wszystkich cech łącznie przedstawiono na rysunku 1.

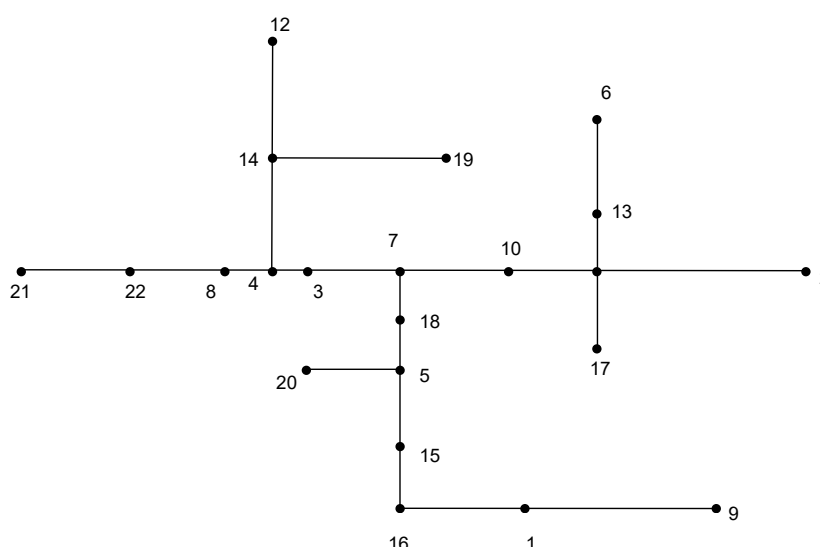


Rys. 1. Położenie grup pszenic w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych V₁ i V₂

Fig. 1. Configuration of wheat groups in the space of two first canonical variables

Wyraźnie odrębne położenie w stosunku do pozostałych przyjęły grupy 1, 2, 9, 12, 19 i 20, charakteryzujące się wysokimi sumarycznymi wartościami Payne'a (powyżej 9). Interesujące z hodowlanego punktu widzenia wydają się grupy 1 i 9 (o wartościach Payne'a

odpowiednio 10,5 i 10). Wartość technologiczna ziarna określona procentową zawartością białka, czasem rozwoju ciasta i wodochłonnością mąki traktowanych łącznie dla obu tych grup rodzin była wysoka. Rozpatrując każdą cechę oddzielnie można zauważyć, że nie różniły się one istotnie (na poziomie $P = 0,01$) od najwyższych wartości tych cech obserwowanych w innych grupach. Podobieństwo grupy 1 i 9 pod względem wszystkich cech łącznie znalazło odbicie w ich położeniu na dendrycie najkrótszych połączeń, wykreślonym na podstawie odległości Mahalanobisa (rys. 2); spośród wszystkich analizowanych grup 1 i 9 znalazły się najbliżej siebie. Widoczne jest również odmienne położenie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych grup charakteryzujących się niskimi sumarycznymi wartościami Payne'a (5,5 i 6), co w szczególności widoczne jest na przykładzie grupy 6 i 16. Pozostałe grupy o średnich wg Payne'a wartościach technologicznych przyjmowały centralne położenie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych (rys. 1).



Rys. 2. Dendryt najkrótszych połączeń między grupami pszenic o różnym składzie alleli *Glu-1* wykreślony na podstawie odległości Mahalanobisa

Fig. 2. Dendrite of the shortest connections between wheat groups of different allele composition in *Glu-1* locus based on Mahalanobis distances

DYSKUSJA

Wartość technologiczna mąki u pszenicy zależy od wielu czynników, między innymi od składu wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych. Przyjmuje się, że wysokocząsteczkowe podjednostki gluteninowe warunkują około 50–70% zmienności cech technologicznych, dlatego podjęte w pracy badania miały na celu stwierdzenie, czy grupy roślin o tym samym składzie HMW różniły się znaczenie pod względem

analizowanych cech technologicznych. Dla szerszej oceny wykorzystano również markery mikrosatelitarne identyfikujące QTL wybranych cech technologicznych, co związane jest z faktem, że wartość technologiczna pszenicy jest cechą złożoną, na którą wpływ mają zarówno zawartość białka, twardość ziarna jak i inne właściwości oceniane za pomocą farinografu i alweografu.

W pracy formy wyjściowe analizowano pod kątem składu jakościowego podjednostek gluteninowych kodowanych przez loci *Glu-1*. Identyfikację alleli przeprowadzono za pomocą markerów allelospecyficznych (AS-PCR). Reakcja AS-PCR jest wydajną i wiarygodną metodą umożliwiającą badanie składu wysokocząsteczkowych glutenin (D'Ovidio i Anderson, 1994; D'Ovidio i in., 1995; Lafandra i in., 1997; Ahmad, 2000; De Bustos i in., 2000; Radovanovic i Cloutier, 2003). Istotną zaletą tej metody jest możliwość przeprowadzania oceny materiału roślinnego pod względem HMW już na etapie siwki. Pozwala to na wybór form homozygotycznych o pożądanym składzie wysokocząsteczkowych białek gluteninowych bez konieczności czekania na uzyskanie z tych roślin ziarniaków (Gupta i in., 1999; Gale, 2005). Z kolei w przypadku hodowli pszenicy z wykorzystaniem linii podwojonych haploidów (DH), dzięki analizie składu podjednostek gluteninowych u haploidów możliwe jest pominięcie kosztownego procesu podwajania liczby chromosomów u form o niepożądanym składzie HMW. W przeciwieństwie do metody AS-PCR analiza wysokocząsteczkowych podjednostek białek gluteninowych przy użyciu metody SDS-PAGE jest możliwa do zastosowania jedynie, wtedy gdy materiał do badań stanowią ziarniaki, co nie pozwala na przeprowadzenie wczesnej selekcji linii hodowlanych przed osiągnięciem dojrzałości pełnej. Formy rodzicielskie badane w pracy posiadały łącznie siedem różnych alleli w locus *Glu-1* (*Glu-1A*: a, c, *Glu-1B*: b, c, d, *Glu-1D*: a, d). Kolejnym etapem była ocena wpływu podjednostek gluteninowych na wartość wypiekową pszenicy. Przyjmuje się, że największy wpływ na kształtowanie się cech jakościowych mają podjednostki Dx5 + Dy10 oraz Ax1 i Ax2* (Weegels i in., 1996; Ivanov i in., 1998). W badaniach przeprowadzonych przez Bronneke i in. (2000) stwierdzono, że najlepszą jakością charakteryzowały się odmiany pszenic o składzie podjednostek Ax1/Bx7+By9/Dx5+Dy10. W pracy Rodriguez-Quijano i in. (2001) stwierdzono korzystny wpływ podjednostki Dx5 na wartość testu sedymentacji SDS. Pośród podjednostek gluteninowych kodowanych przez *Glu-B1* duże znaczenie przypisuje się podjednostce Bx7, która związana jest z jedną z dwóch podjednostek By8 lub By9. Obie pary alleli wzbogacają dodatkowo dobrą wartość wypiekową poprzez wzrost elastyczności ciasta (Ahmad, 2000). Potwierdzono również niekorzystny wpływ podjednostek Bx6+By8 na kształtowanie się parametrów technologicznych pszenic (Waga i Cygankiewicz, 1996) oraz istnienie związku pomiędzy białkami gluteninowymi kodowanymi przez gen *Glu-A1* a stałością i elastycznością ciasta oraz liczbą sedymentacji (Waga 1996; Węgrzyn i Waga, 1999). Z tego punktu widzenia najkorzystniejszym składem podjednostek wysokocząsteczkowych białek gluteninowych charakteryzowało się sześć form rodzicielskich: Aristos, Batis, Mikon, Pegassos, Rektor (Ax1/Bx7+By9/Dx5+Dy10) oraz Carolus: (Ax1/Bx7+By8/Dx5+Dy10). Należy jednak zaznaczyć, że wartość technologiczna mąki zależy od wielu innych parametrów (min. zawartości białka, twardości ziarna, właściwości ocenianych za pomocą farinografu i alweografu) nie zawsze

związanych ze składem wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (Gross i in., 2004; Kuchel i in., 2006; Salmanowicz i in., 2008). W pracy badano zmienność wybranych cech technologicznych ziarna u mieszańców (rodzin) pokolenia F₂ pszenicy uzyskanych ze skrzyżowania odmian o różnym składzie podjednostek gluteninowych. Średnie wartości dla wodochłonności mąki, czasu rozwoju ciasta i zawartości białka w grupach o korzystnym składzie HMW (o wysokich wartościach Payne'a) były na ogół wyższe niż u pozostałych. Potwierdza to znaczną rolę HMW w kształtowaniu wartości technologicznych mąki. Należy jednak zauważyć, że rodziny w obrębie grupy o tym samym składzie białek gluteninowych różniły się istotnie pod względem badanych cech jakościowych.

W pracy podjęto próbę znalezienia związku między zróżnicowaniem genetycznym par form rodzicielskich a zmiennością badanych cech technologicznych w obrębie grup o tym samym składzie białek gluteninowych. Badania prowadzono z wykorzystaniem markerów SSR zlokalizowanych w pobliżu QTL związanych z zawartością białka, strukturą oraz twardością ziarna, parametrami mikrograficznymi oraz plonowaniem (Prasad i in., 1999; Perretant i in., 2000; Pailard i in., 2003; Turner i in., 2004). Stwierdzono, że tworzące poszczególne rodziny formy rodzicielskie odznaczały się na ogół znacznym zróżnicowaniem na poziomie molekularnym. Nie stwierdzono jednak wystąpienia zależności między odległością genetyczną par form rodzicielskich a zmiennością badanych cech determinujących wartość technologiczną mąki. Może być to związane z faktem, że wykorzystane w pracy markery molekularne były sprzężone z innymi cechami, nie tylko wpływającymi na zawartość białka, wodochłonność mąki czy czas rozwoju ciasta cechami technologicznymi. Należy również zaznaczyć, iż cechy jakościowe ziarna pszenicy są kontrolowane przez wiele QTL, które ze względu na użycie w pracy ograniczonej ilości markerów mikrosatelitarnych, nie były analizowane.

Duża zmienność genetyczna, określona za pomocą markerów molekularnych związanych z wartością wypiekową pszenicy, jak również identyfikacja innych QTL mających wpływ na tą wartość, a wykorzystanych w pracy, stanowią główny kierunek w wczesnych etapach selekcji wygrywając z większością testów fenotypowych. Mimo, że wykorzystanie markerów mikrosatelitarnych identyfikujących różne QTL nie pozwoliło na uzyskanie zadawalającej odpowiedzi, daje jednak podstawy do dalszych, bardziej poszerzonych analiz.

WNIOSKI

1. Markery allelospecyficzne jako metoda alternatywna do SDS PAGE mogą być efektywnym narzędziem do selekcji pojedynczych roślin pszenicy o pożądanym genotypie na etapie dwutygodniowych siewek. Może to skutkować zawężeniem materiałów przeznaczonych do dalszych etapów hodowli, a tym samym obniżeniem jej kosztów.
2. Odległości genetyczne między odmianami określono z wykorzystaniem markerów sprzężonych z QTL warunkującymi wartość technologiczną. Można więc założyć, że zróżnicowanie genetyczne badanych odmian w znacznej mierze jest pochodną ich polimorfizmu genetycznego pod względem cech determinujących wartość wypiekową.

3. Nie stwierdzono związku między odległością genetyczną par form rodzicielskich, tworzących rodziny wchodzące w skład poszczególnych grup, a podobieństwem fenotypowym tych grup. Analizowane rodziny mimo identycznego składu alleli *Glu-1* różniły się pod względem analizowanych cech technologicznych ziarna takich jak zawartość białka w s.m. ziarna, wodochłonność mąki, czas rozwoju i rozmiękczenie ciasta. Wskazuje na to położenie rodzin w układzie dwóch zmiennych kanonicznych lub na dendrycie najkrótszych połączeń.

LITERATURA

- Ahmad M. 2000. Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers Theor. Appl. Genet. 101: 892 — 896.
- Boeuf C., Prodanovic S., Gay G., Bernard M. 2003. Structural organization of the group-1 chromosomes of two bread wheat sister lines. Theor. Appl. Genet. 106: 938 — 946.
- Bronneke V., Zimmermann G., Killermann B. 2000. Effect of high molecular weight glutenins and D-zone gliadins on bread-making quality in German wheat varieties. Cereal Res. Commun. 28: 187 — 194.
- Caalderini D. F., Szafer G. A. 1999. Has yield stability changed with genetic improvement of wheat yield? Euphytica 107: 1524 — 1532.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocieczowego. Trzecie Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN, Warszawa-Wrocław: 258 — 320.
- Campbell K. G., Finney P. L., Bergman C. J., Gualberto D. G., Anderson J. A., Giroux M. J., Siritunga D., Zhu J., Gendre F., Roue C., Verel A., Sorrells M. E. 2001. Quantitative trait loci associated with milling and baking quality in a soft x hard wheat cross. Crop Science 41: 1275 — 1285.
- Crepieux S., Lebreton C., Flament P., Charmet G. 2005. Application of a new IBD-based mapping method to common wheat breeding population: analysis of kernel hardness and dough strength. Theor. Appl. Genet. 111: 1409 — 1419.
- De Bustos A., Rubio P., Jouve N. 2000. Molecular characterisation of the inactive allele of the gene Glu-A1 and the development of a set of AS-PCR markers for HMW glutenins of wheat. Theor. Appl. Genet. 100: 1085 — 1094.
- De Vita P., Li Destori Nicosia O., Nigro F., Platini C., Riefolo C., Di Fonzo N., Cattivelli L. 2007. Breeding Progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. Europ. J. Agronomy 26: 39 — 53.
- D'Ovidio R., Anderson O. D. 1994. PCR analysis to distinguish between alleles of a member of a multigene family correlated with wheat breadmaking quality. Theor. Appl. Genet. 88: 759 — 763.
- D'Ovidio R., Masci S., Porcedu D. 1995. Development of a set of oligonucleotide primers specific for genes at the *Glu-1* complex of wheat. Theor. Appl. Genet. 89: 189 — 194.
- Gale K. R. 2005. Diagnostic DNA markers for quality traits in wheat. J. Cereal Sci. 41, 181 — 192.
- Galante A. A., Tiwari R., Ammiraju J. S. S., Santra D. K., Lagu M. D., Rao V. S., Gupta V. S., Misra B. K., Nagarajan S., Ranjekar P. K. 2001. Genetic analysis of kernel hardness in bread wheat using PCR-based markers. Theor. Appl. Genet. 103: 601 — 606.
- Gross C., Bervas E., Charmet G. 2004. Genetic analysis of grain protein content, grain hardness and dough rheology in a hard x hard bread wheat progeny. J. Cereal Sci. 40: 93 — 100.
- 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.
- Gupta P. K., Balyan H. S., Edwards K. J., Isaac P., Korzun V., Roder M., Gautier M. F., Joudrier P., Schlatter A. R., Dubcovsky J., De la Pena R. C., Khairallah M., Penner G., Hayden M. J., Sharp P., Keller B., Wang R. C. C., Hordouin J. P., Jack P., Leroy P. 2002. Genetic mapping of 66 new microsatellite (SSR) loci in bread wheat. Theor. Appl. Genet. 105: 413 — 422.
- Huang X.Q., Börner A., Röder M. S., Ganal M. W. 2002. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 105: 699 — 707.

- Ivanov P., Todorov I., Stoeva I., Ivanowa I. 1998. Biochemical and technological characteristics of *Triticum aestivum* lines from two crosses between high and low breadmaking quality cultivars. *Cereal Res. Commun.* 26 (4): 455 — 461.
- Korzun V., Boerner A., Worland A. J., Law C. N., Röder M. S. 1997. Application of microsatellite markers to distinguish inter-varietal chromosome substitution lines wheat *Triticum aestivum* L. *Euphytica* 95: 149 — 155.
- Krystkowiak K., Adamski T., Surma M., Kaczmarek Z. 2009. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 165: 419 — 434.
- Kuchel H., Langridge P., Mosionek L., Williams K., Jefferies S. P. 2006. The genetic control of milling yield, dough rheology and baking quality of wheat. *Theor. Appl. Genet.* 112: 1487 — 1495.
- Lafiandra D., Tucci G. F., Pavoni A., Turchetta T., Margiotta B. 1997. PCR analysis of x - and y - type genes present at the complex Glu-A1 locus in durum and bread wheat *Theor. Appl. Genet.* 94: 235 — 240.
- Lei Z. S., Gale K. R., He Z. H., Gianibelli C., Larroque O., Xia X. C., Butow B. J., Ma W. 2006. Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high-molecular weight glutenin alleles at the *Glu-B1* locus in hexaploid wheat. *J. Cereal Sci.* 43: 94 — 101.
- Morrison D. F. 1976. *Multivariate Statistical methods* 2nd ed., McGraw-Hill Kogakusha LTD, Tokyo.
- Narasimhamoorthy B., Gill S., Fritz A. K., Nelson J. C., Brown-Guedira G. L. 2006. Advanced backcross QTL analysis of a hard winter wheat × synthetic wheat population. *Theor. Appl. Genet.* 112: 787 — 796.
- Paillard S., Schnurbusch T., Winzeler M., Messmer M., Sourdille P., Abderhalden O., Keller B., Schachermayr G. 2003. An integrative genetic linkage map of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 107: 1235 — 1242.
- Payne P. I. 1987. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annual Review of Plant Physiology* 38: 141 — 153.
- Pestsova E., Gana M. W., Roder M. S. 2000. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome* 43: 689 — 697.
- Perretant M. R., Cadalen T., Charmet G., Sourdille P., Nicolas P., Boeuf C., Tixier M. H., Branlard G., Bernard S. 2000. QTL analysis of bread-making quality in wheat using a doubled haploid population, *Theor. Appl. Genet.* 100: 1167—1175.
- Prasad M., Varshney R. K., Kumar A., Bollon H. S., Sharma P. C., Edwards K. J., Singh H., Dhaliwal H. S., Roy J. K., Gupta P. K. 1999. A microsatellite marker associated with a QTL for grain protein content on chromosome arm 2DL of bread wheat. *Theor. Appl. Genet.* 99: 341 — 345.
- Radovanovic N., Cloutier S. 2003. Gene-assisted selection for high molecular weight glutenin subunits in wheat doubled haploid breeding programs. *Molecular Breeding* 12: 51 — 59.
- Rodriguez-Quijano M., Nieto-Taladriz M. T., Gomez M., Vazquez J. F. 2001. Quality influence comparison of some x- and y-type HMW glutenin subunits coded by GLU-D1 locus. *Proceedings of the 6th International Wheat Conference*, 5–9 June 2000, Budapest, Hungary: 188 — 194.
- Röder M. S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M. H., Leroy P., Ganal M. W. 1998. A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149: 2007 — 2023.
- Röder M. S., Wendehake K., Korzun V., Bredemeijer G., Laborie D., Bertrand L., Isaac P., Rendell S., Jackson J., Cooke R. J., Vosmann B., Ganal M. W. 2002. Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 106: 67 — 73.
- Salmanowicz B. P., Surma M., Adamski T., Rębarz M. 2008. Effects of amounts of HMW glutenin subunits determined by capillary electrophoresis on technological properties in wheat doubled haploids. *J. Sci. Food Agric.* 88: 1716 — 1725.
- Sommers D. J., Isaac P., Edwards K. 2004. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 109: 1105 — 1114.
- Sourdille P., Perretant M. R., Charmet G., Leroy P., Gauteir M. F., Joudrier P., Nelson J. C., Sorrells M. E., Bernard M. 1996. Linkage between RFLP markers and genes affecting kernel hardness in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 93: 580 — 586.

- Sourdille P., Singh S., Cadalen T., Brown-Guedira G. L., Gay G., Qi L., Gill S., Dufour P., Murigneux A., Bernard M. 2004. Microsatellite-based deletion bin system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Funct. Integr. Genomics* 4: 12 — 25.
- Turner A. S., Bradburne R. P., Fish L., Snape J. W. 2004. New quantitative trait loci influencing grain texture and protein content in bread wheat. *J. Cereal Sci.* 40: 51 — 60.
- Waga J. 1996. Charakterystyka frakcji białek gliadynowych i gluteinowych odmian I rodów pszenicy ozimej z kolekcji IHAR I ich związek z liczbą sedymentacji. *Biul. IHAR* 197: 3 — 13.
- Waga J., Cygankiewicz A. 1996. Możliwości oszacowania jakości technologicznej ziarna pszenicy na podstawie wyników analiz elektroforetycznej białek gliadynowych i glutenionowych. *Biul. IHAR* 197: 15 — 20.
- Weegels P. L., Hamer R. J., Schofield J. D. 1996. Critical Review : Functional properties of wheat glutenin. *J. Cereal Sci.* 23: 1 — 18.
- Węgrzyn S., Waga J. 1999. Powiązanie białek gluteinowych ze zmiennością ważniejszych cech użytkowych odmian i rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 211: 55 — 68.

RYSZARD WEBER¹**HENRYK BUJAK²****JAN KACZMAREK²****EDWARD GACEK³**

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Herbologii i Technik Uprawy Roli, Wrocław

² Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa

³ COBORU Słupia Wielka

Plonowanie odmian pszenicy ozimej w Polsce południowo-zachodniej*

Analysis of yield variability in winter wheat cultivars in South-Western Poland

Celem pracy była ocena zmienności wybranych odmian pszenicy ozimej oraz ocena ich stabilności plonowania w poszczególnych stacjach doświadczalnych województwa Opolskiego i Śląskiego. Badania stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej przeprowadzono na podstawie wyników doświadczeń porejestrowych w tych województwach. Wybrano 7 miejscowości charakteryzujących się zróżnicowanymi warunkami glebowymi. Doświadczenia były założone w dwóch powtórzeniach metodą pasów prostopadłych. Pierwszym czynnikiem doświadczenia były dwa warianty uprawy (standardowy i intensywny) wewnątrz których rozlosowywano czynnik drugi — odmiany pszenicy ozimej. Do oceny zmienności plonowania analizowanych odmian pszenicy w poszczególnych miejscowościach wykorzystano wielowymiarowe metody analiz statystycznych dla doświadczeń wielokrotnych. Wysokie plony i stopień szerokiej adaptacji w analizowanym regionie dla odmian Boomer i Rapsodia wskazują, że odmiany te powinny być zalecane do uprawy w wariancie standardowym. Natomiast odmiany Finezja i Tonacja wykazywały niskie i niewyrównane plonowanie w obu systemach uprawy. Wykazana interakcja genotypowo-środowiskowa wskazuje, że dobór odmian do uprawy na obszarze województwa opolskiego i śląskiego powinien być uzależniony od mikrozmienności środowiskowej, którą określają warunki glebowo-klimatyczne panujące w określonej miejscowości.

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

The research was aimed at estimation of the variability of selected winter wheat cultivars and at assessment of their yield stability in particular experimental locations within two voivodeships: Opolskie and Śląskie. The analysis of yield stability in winter wheat cultivars was performed based on the results of post-registration variety testing trials carried out in the voivodeships mentioned. The study covered seven selected locations characterized by diverse soil conditions. The experiments had been set up in two replications by the method of split-block design, the standard tillage mode compared with

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

the intensive variant. To estimate the variability of yielding of the analyzed wheat cultivars at particular locations, multidimensional methods of statistical analysis for repeated experiments were applied. High yields as well as level of adaptation degree found for Boomer and Rapsodia indicate that these particular cultivars should be recommended for growing in the standard tillage mode. On the other hand, cultivars Finezja and Tonacja displayed low and uneven yielding values in both cultivation systems. The genotype-environment interaction revealed that the choice of cultivars for growing in the territories of the voivodeships of Opole and Silesia should depend on the environmental microvariability, which is determined by the edaphic and climatic conditions prevailing at a given site.

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

WSTĘP

Stale zwiększający się udział zbóż w strukturze zasiewów zmusza hodowców do poszukiwania nowych odmian odznaczających się szeroką adaptacją do zróżnicowanych warunków glebowych i klimatycznych. Obecnie pszenica uprawiana jest nie tylko na kompleksach pszennych, lecz również na glebach lżejszych zaliczanych do klasy IVa lub IVb. Odmiana pszenicy, która posiada dobre dostosowanie do warunków glebowo-klimatycznych rejonu docelowego uprawy powinna odznaczać się wysokim i stabilnym plonem w środowiskach tego rejonu oraz wykazywać wysoką stabilność plonowania w latach (Navabi i in., 2006). W doświadczalnictwie i hodowli roślin stopień szerokiej adaptacji odmian jest rozumiany jako połączenie oceny średniej genotypowej plonu i wariancji stabilności Shukli jako miary stopnia stabilności plonowania odmiany (Annicchiarico, 2002; Iwańska i in., 2009). Zmienne warunki atmosferyczne, (szczególnie zróżnicowana suma opadów w okresie wegetacji w miejscowościach w poszczególnych latach badań), w dużym stopniu ograniczają wyselekcjonowanie odmian odznaczających się niską interakcją genotypowo – środowiskową w danym rejonie uprawy (Roozeboom i in., 2008). Również reakcje odmian na warunki glebowo-przyrodnicze w poszczególnych stacjach doświadczalnych mogą być znacznie zróżnicowane (Drzazga i in. 2009). Czasami za pożądane odmiany uznaje się takie, które są lokalnie (wąsko) zaadaptowane do określonych warunków środowisk rolniczych i wykazują dużą powtarzalność w latach (Annicchiarico i in., 2006). Częsta uprawa pszenicy w płodozmianach lub w monokulturze spowodowała wyodrębnienie przez hodowców form (odmiany ścierniskowe) szczególnie przydatnych w zmianowaniu ze znacznym wysyceniem zbóż. (Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, 2006). Rozważamy najczęściej dwa rodzaje stabilności statyczną i dynamiczną. Odmiana stabilna dynamicznie w każdym ze środowisk daje plon różniący się od średniego plonu o stałą wielkość. Forma ta nie wykazuje interakcji genotypowo-środowiskowej. Natomiast odmiana stabilna statycznie zachowuje stałą wysokość plonu we wszystkich środowiskach (Jankowski i in., 2006). Celem pracy była analiza zmienności plonowania wybranych odmian pszenicy ozimej w dwóch poziomach intensywności uprawy - standardowym i intensywnym w latach 2007–2009. Przeprowadzono również ocenę stabilności plonowania badanych odmian w poszczególnych stacjach doświadczalnych województwa Opolskiego i Śląskiego.

MATERIAŁ I METODY

Badania stabilności plonowania dziewięciu odmian pszenicy ozimej przeprowadzono na podstawie wyników doświadczeń Porejstrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) w stacjach SDOO w województwie Opolskim i Śląskim. (tab. 1). Wybrane 7 miejscowości charakteryzowały się zróżnicowanymi warunkami glebowymi (tab1). Doświadczenia odmianowo-agrotechniczne przeprowadzono w latach 2006/2007 do 2008/2009. Powierzchnia poletka w każdym doświadczeniu wynosiła 15 m².

Tabela 1

Wartości średnie plonów w dt/ha z 3 lat odmian w doświadczeniach PDO
Mean yields of the tested genotypes (dt/ha) 2007–2009

Odmiana Cultivar	Miejscowości — Locations							Średnia Mean
	Głubczyce	Kochcice	Łosiów	Modzurów	Nieznanice	Pawłowice	Pągów	
	AB1;8;15	AB2;9;16	AB3;10;17	AB4;11;18	AB5;12; 19	AB6;13;20	AB7;14; 21	
	Wariant standardowy— Standard variant							
Anthus	99,4	81,9	88,0	90,0	84,3	81,9	85,33	87,26
Bogatka	98,8	84,8	81,4	100,7	81,00	89,8	88,32	89,24
Boomer	100,5	84,8	91,8	94,4	84,5	87,0	83,90	89,54
Cubus	100,6	83,4	87,8	96,4	83,2	83,3	86,72	88,78
Finezja	93,9	78,4	83,3	81,4	77,6	77,5	78,75	81,54
Rapsodia	107,5	89,1	94,9	95,8	92,6	89,9	92,68	94,63
Tonacja	89,2	81,3	82,3	90,6	80,7	79,8	83,27	83,87
Turkis	99,1	80,0	87,0	92,9	81,7	81,6	86,15	86,92
Wydma	94,9	76,6	84,8	84,2	87,0	79,6	86,88	84,84
Średnia Mean	98,2	82,2	86,8	91,8	83,6	83,4	85,78	87,40
	Wariant intensywny — Intensive variant							
Anthus	106,3	90,7	102,1	105,4	94,3	88,4	96,7	97,7
Bogatka	109,2	92,8	101,5	103,0	91,5	94,8	108,3	100,2
Boomer	105,6	96,6	100,3	113,7	89,8	90,9	96,7	99,1
Cubus	109,1	93,2	104,2	110,5	94,9	92,6	95,7	100,0
Finezja	102,9	88,9	100,1	97,8	85,7	88,1	94,4	94,0
Rapsodia	112,2	96,9	114,5	111,6	103,2	96,9	105,0	105,8
Tonacja	102,4	89,0	96,4	98,5	88,1	88,5	93,9	93,8
Turkis	112,1	91,4	100,0	105,4	91,5	89,7	94,3	97,8
Wydma	105,2	89,9	96,1	99,5	94,0	86,7	92,9	94,9
Średnia Mean	107,2	92,2	101,7	105,1	92,6	90,7	97,5	98,1

Oznaczenia: poszczególne cyfry przy literach AB oznaczają odpowiednio rok 2007; 2008 i 2009 w określonej miejscowości

Indications: specific numbers with the letters AB denote the year 2007, 2008 and 2009 in a particular location

Ciepła jesień i zima na przełomie 2006/2007 wpłynęła na dobre przezimowanie roślin. Jednak znaczne spadki temperatur w okresie kwietnia w połączeniu z brakiem opadów spowodowały słabe rozkrzewienie pszenicy. Znaczne opady deszczu o charakterze burzowym w pierwszej dekadzie lipca przyczyniły się do znacznego wylegania zbóż. Sprzyjające warunki atmosferyczne w październiku i listopadzie 2007 warunkowały jesienne krzewienie odmian. Stosunkowo ciepła zima i pierwsze miesiące wiosny spowodowały wczesne ruszenie wegetacji 2008 roku. Natomiast duży niedobór wody w maju i czerwcu był przyczyną znacznej zmienności plonowania w poszczególnych

miejsowościach. Pomimo sprzyjających warunków w miesiącach jesiennych i łagodnej zimy 2008/2009 plony pszenicy były niższe niż w poprzednim roku. Ostry niedobór opadów w kwietniu i maju był również przyczyną znacznej zmienności plonowania w analizowanych województwach. Reasumując, czynnikiem znacznie różnicującym plony badanych odmian w analizowanym trzyleciu były niewyrównane opady deszczu w badanych stacjach doświadczalnych. Doświadczenia dwuczynnikowe założono w dwóch powtórzeniach metodą pasów prostopadłych porównując wariant standardowy z intensywnym sposobem uprawy roli. Podblokami były dwa warianty uprawy roli, wewnątrz których rozlosowywano odmiany pszenicy. 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. Wytypowane odmiany badano w dwu powtórzeniach rozważając oddzielnie wariant intensywny lub podstawowy, jako metodę losowanych bloków. W celu oceny zmienności plonowania analizowanych odmian pszenicy w poszczególnych miejscowościach wykorzystano analizę statystyczną zaproponowaną przez Calińskiego i in. (1987). Obliczenia programem statystycznym *Sergen 4* przeprowadzono biorąc za podstawę średni plon uzyskany z każdego poletka z dwu powtórzeń w 7 miejscowościach przez okres 3 lat. W analizie statystycznej przyjęto następujący model:

$$Y_{ijk} = \mu_i + \alpha_i^E(j, k) + e_{ijk}$$

gdzie: μ_i oznacza przeciętny plon potencjalny odmiany „i” poprzez wszystkie miejscowości i lata, natomiast $\alpha_i^E(j, k)$ oznacza reakcję plonu odmiany „i” na warunki środowiskowe stacji doświadczalnej „j” oraz roku „k”. W analizie statystycznej przyjęto że μ_i jest efektem stałym modelu, a składniki $\alpha_i^E(j, k)$ oraz e_{ijk} są zmiennymi losowymi.

W celu oceny stabilności plonowania analizowanych odmian i ich adaptacji do docelowego rejonu uprawy wykorzystano wariancję stabilności wprowadzoną przez Shuklę (1972) oraz miarę Kanga (Kang, 1993, 1998; Mądry, 2002; Ober i in., 2004). Model mieszany analizy wariancji (Shukla, 1972) oraz jego modyfikacje były przedstawiane w innych pracach (Piecho, 1997, 1999; Mądry i Rajfura, 2003 a i b). Efekty interakcji w modelu Shukli można przedstawić w następującej postaci:

$$ge_{ij} = \beta_i e_j + d_{ij} \text{ (Eberhard i Russell, 1996; Piecho, 1999; Mądry, 2003).}$$

gdzie: β_i jest współczynnikiem regresji liniowej efektów interakcyjnych względem głównych efektów środowiskowych dla i-tej odmiany, natomiast d_{ij} jest nieobserwowaną resztą regresyjną dla i-tej odmiany w j-tym środowisku.

WYNIKI BADAŃ I DYSKUSJA

Wstępna analiza wariancji dla każdego środowiska (miejscowości) wykazała istotnie zróżnicowaną zmienności plonowania odmian w wariancie intensywnym i standardowym (tab. 2).

Tabela 2

Warunki w analizowanych środowiskach w latach 2007–2009
Environmental conditions in 2007–2009

Wyszczególnienie Specification	Głubczyce	Kochcice	Łosiów	Modzurów	Nieznanice	Pawłowice	Pągów
Kompleks gleb Soils comple	1	2	1	2	3	2	2
Klasa bonitacyjna gleby Soil bonitation class	II	IIIb	II	II	IVa	IIIb	IIIb
Zasobność gleby P ₂ O ₅ P ₂ O ₅ content in soil	30,3	31,0	—	—	20,0	9,2	23,6
Zasobność gleby K ₂ O K ₂ O content in soil	29,5	21,5	—	—	—	19,1	20,6
Zasobność gleby Mg Mg content in soil	10,2	13,8	—	—	—	7,6	10,1
pH gleby pH of soil	6,5	6,3	6,3	6,5	6,0	6,0	7,0
Nawożenie N na poziomie A1 Nitrogen rates A1 (kg/ha)	120	114	89	76	100	100	136
Nawożenie N na poziomie A2 Nitrogen rates A2 (kg/ha)	160	154	129	116	140	140	176
Nawożenie P ₂ O ₅ Phosphoric rates (kg/ha)	52	60	18	33	70	80	88
Nawożenie K ₂ O Potassium rate	78	99	48	88	105	132	120
Zaprawa nasienna Seed dressing	Sarfun T65	Funaben T	Funaben T	Sarfun T65	Oxafun	Oxafun	Premis 025 DS
Herbicyd Herbicide	Alister 165 1 l	Lentipur 2l	Alister 165 1 l	Carat 350 SD 0,75 l	Husar 0,2 kg	Cougar 1,3 l	Alister 165 1 l
Fungicydy na A2 Fungicide A2	Juvel 1,2 l Tango	Alert 1 l	Alert 375 SC 1 l	Alert 1 l	Amistar 1l Juvel	Juvel, Tango 1,2 l	Alert 1 l
Nawóz dolistny na A2 Foliar fertilisation — A2	Plonvit	Basfoliar	Basfoliar	Basfoliar	Basfoliar	Basfoliar	Plonvit Z

Analiza wariancji dla danych z serii doświadczeń PDO (tab. 3) umożliwiła ocenę zróżnicowania plonowania odmian w poszczególnych latach badań i środowiskach poprzez 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 interakcji odmian z latami — (środowiska),
- o braku interakcji odmiany × miejscowości × lata.

W badanych wariantach standardowym i intensywnym stwierdzono istotne efekty główne dla lat, miejscowości, i odmian na poziomie istotności $\alpha = 0,01$ lub $\alpha = 0,05$.

Wykazano również istotne współdziałanie lat z miejscowościami oraz istotną potrójną interakcję plonów badanych odmian z miejscowościami w poszczególnych latach badań dla każdego poziomu intensywności uprawy. Świadczy to o znaczny wpływ warunków atmosferycznych na plony badanych odmian w poszczególnych miejscowościach w latach 2007–2009. Na kompleksach pszennym dobrym i bardzo dobrym plony odmian były jednak wyższe niż w miejscowościach posiadających gleby klasy III lub IV.

Tabela 3

Średnie kwadraty zmienności plonu w łącznej analizie wariancji
Mean square variation of yields in the overall analysis of variances

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody No. of degrees of freedom	Wariant standardowy Standard variant	Wariant intensywny Intensive variant
		średni kwadrat — mean square	
Lata Years	2	5301,00**	6431,67**
Miejscowości Locations	6	883,02*	1193,67*
Lata × miejscowości Years × locations	12	723,75**	884,75**
Odmiany Cultivars	8	303,59*	298,50**
Odmiany × lata Cultivars × years	16	37,71	61,63
Odmiany × miejscowości Cultivars × locations	48	24,72	26,54
Odmiany × lata × miejscowości Cultivars × years × locations	96	34,15**	36,98**
Regresja wz. środowiska Regression on explanatory variable	8	15,21	72,12
Odchylenie od regresji Regression deviation	88	35,87**	33,79**
Błąd doświadczeń Experimental error	166	15,69	13,80

*- Istotne na poziomie istotności $\alpha = 0,05$; **- Istotne na poziomie istotności $\alpha = 0,01$

Różniące się warunki glebowo-klimatyczne w latach badań jak również zmienna ilość sumarycznych opadów w każdej miejscowości w okresie wegetacji roślin spowodowały, że plony badanych odmian były inne w każdym roku badań. Zróżnicowaną reakcję odmian na zmiany warunków środowiska nie można wyjaśnić poprzez regresję liniową plonów poszczególnych genotypów względem efektów środowiskowych — interakcja lata × miejscowości (tab. 3). Istotne odchylenia od regresji w wariancie standardowym i intensywnym wskazują, że interakcja genotypów z badanymi środowiskami nie może być opisana prostą zależnością regresyjną. Tabela 4 przedstawia średnie odchylenia plonów poszczególnych genotypów od średniej ogólnej oraz wielkości ich interakcji ze środowiskiem. W wariancie standardowym uprawy Boomem i Rapsodia odznaczały się dodatnim efektem głównym. Odmiany te w analizowanych środowiskach wykazywały istotnie wyższy plon w porównaniu do średniej ogólnej wszystkich badanych obiektów. Natomiast Tonacja i Finezja plonowały na niższym poziomie. Pozostałe genotypy nie wykazywały istotnych odchyleń plonów od średniej generalnej. Spośród badanych odmian

w wariancie standardowym Anthus, Boomem, Finezja i Tonacja odznaczały się wyższą stabilnością plonów. Natomiast wysokie wartości statystyki F dla interakcji odmian Turkis i Wydma z badanymi środowiskami wskazują, że odmiany te odznaczały się znaczną zmiennością plonowania w badanych miejscowościach. W wariancie intensywnym Rapsodia odznaczała się wyższym plonowaniem w porównaniu do pozostałych odmian. Natomiast Wydma, Tonacja i Finezja w warunkach zróżnicowanych kompleksów przydatności rolniczej gleb charakteryzowały się niższym plonowaniem niż pozostałe obiekty. W intensywnym wariancie uprawy Wydma i Tonacja wykazywały podwyższoną stabilność plonowania analizowanych warunkach środowiskowych. Nie stabilnym plonowaniem odznaczały się Turkis, Rapsodia i Finezja w poszczególnych latach badań i miejscowościach.

Tabela 4

Testowanie poszczególnych odmian i ich interakcji
Testing of particular cultivars and their interaction

Odmiana Cultivar	Wariant standardowy Standard variant			Wariant intensywny Intensive variant		
	ocena efektu głównego estimation of the main effect	stat. F dla efektu głównego F stat for the main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F stat. for interaction with environments	ocena efektu głównego estimation of the main effect	stat. F dla efektu głównego F stat for the main effect	stat. F dla interakcji z środowiskami F stat. for interaction with environments
Anthus	-0,141	0,03	1,14	-0,443	0,16	2,09
Bogatka	1,835	2,64	1,92	2,034	2,91	2,43
Boomer	2,141	6,35	1,09	0,959	0,47	3,35
Cubus	1,376	1,32	2,16	1,880	3,49	1,73
Finezja	-5,857	32,04	1,61	-4,155	8,86	3,33
Rapsodia	7,224	31,63	2,48	7,645	25,40	3,94
Tonacja	-3,536	12,43	1,51	-4,302	21,72	1,46
Turkis	-0,480	0,12	3,01	-0,365	0,05	4,82
Wydma	-2,562	2,12	4,66	-3,253	18,93	0,96
Wartości krytyczne Critical values $\alpha =$ 0.05		4,75	1,81		4,75	1,81

Istotne wartości wariancji stabilności w wariancie standardowym uprawy dla odmian Bogatka, Rapsodia i Wydma potwierdziły znaczne zróżnicowanie plonowania badanych odmian w analizowanych punktach doświadczalnych (tab. 5). Odmiana Anthus odznaczająca się niskim współczynnikiem regresji i wyższą wartością statystyki YS w porównaniu do wartości granicznej wykazuje ekstensywny trend środowiskowy i szeroką adaptację do warunków klimatyczno-glebowych Górnego Śląska. Na podstawie miary Kanga można zalecić na standardowym poziomie uprawy odmiany Boomer i Rapsodia wykazujące wyższe plony w porównaniu do średniej wartości plonowania badanych odmian.

W wariancie intensywnym uprawy, wśród odmian zakwalifikowanych do grupy szeroko dostosowanych do zmiennych warunków siedliskowych Boomer i Rapsodia odznaczały się niestabilnym trendem środowiskowym. Natomiast Cubus i Anthus

wykazywały stabilne plony nieróżniące od średnich plonów badanych odmian i dobre przystosowanie do uprawy na obszarze województwa opolskiego i terenie Górnego Śląska.

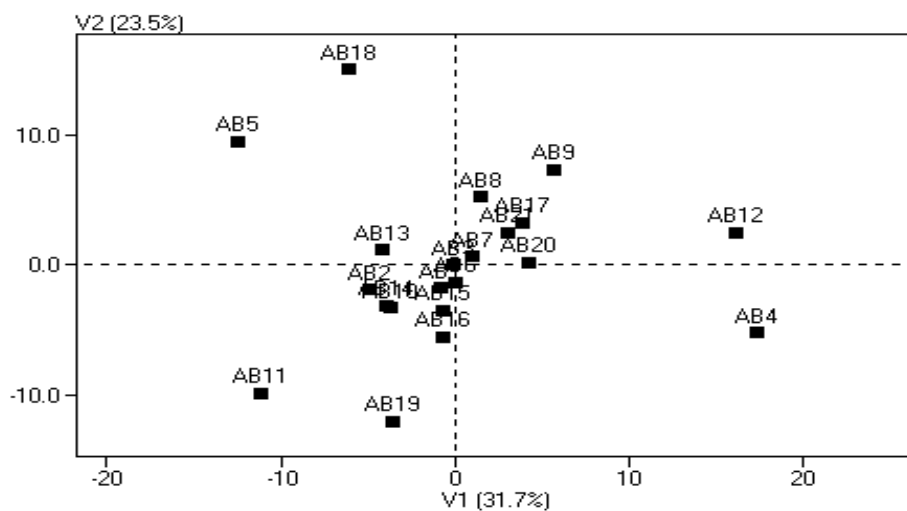
Tabela 5

Miary stabilności i adaptacji obiektów w standardowych i intensywnych warunkach uprawy
Measures of stability and adaptation for winter rye cultivars in standard and intensive agricultural conditions

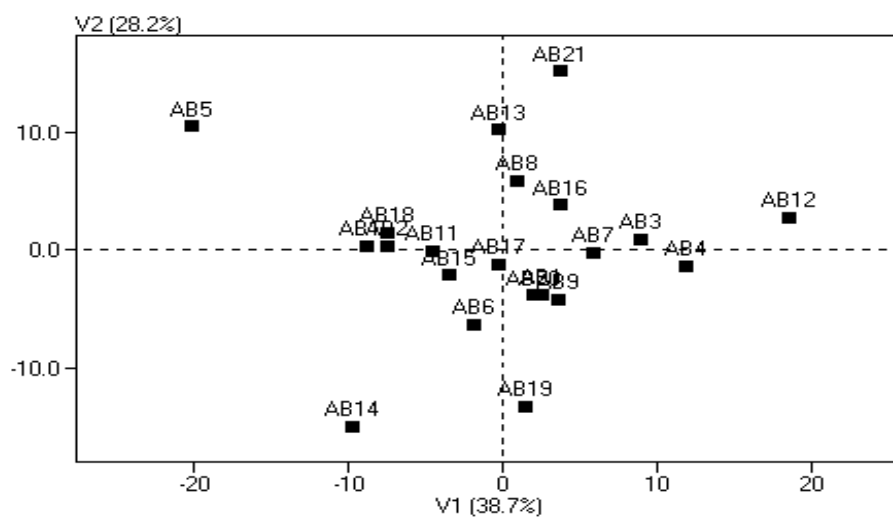
Odmiana Cultivar	Wariancja stabilności Stability of variance	Odchylenie od wariancji Deviation from variance	Współczynnik regresji Regression	Współczynnik determinacji Determination coefficient	Miara Kanga Measure YS	Ranking Kanga Kang rank
Poziom agrotechniki — The level of agricultural technology A1						
Anthus	16,63	11,72	0,19*	32,09*	4*	3
Bogatka	55,43**	47,27**	-0,11	3,58	1	5
Boomer	15,63	14,64	0,12	10,91	8*	1
Cubus	26,82*	24,63	0,08	3,78	3*	4
Finezja	25,39	20,90	-0,16	14,45	-2	8
Rapsodia	30,94**	27,15	0,11	6,29	6*	2
Tonacja	22,26	20,30	-0,11	7,16	1	6
Turkis	26,29	25,09	-0,02	0,31	1	7
Wydma	61,36**	52,21**	-0,11	3,10	-6	9
Wartość graniczna — Limit value YS = 1,8						
Poziom agrotechniki — The level of agricultural technology A2						
Anthus	19,24	17,21	0,12	13,58	3*	2
Bogatka	49,56**	43,91**	-0,06	1,87	1*	5
Boomer	55,19**	45,69**	0,14	7,43	-1	6
Cubus	16,36	17,34	0,03	1,29	8*	1
Finezja	40,09**	26,81*	-0,23*	27,52*	-8	9
Rapsodia	53,61**	47,62**	0,04	0,91	2*	3
Tonacja	21,49	17,30	-0,15	20,49	-1	7
Turkis	51,45**	37,99**	0,21	17,93	-4	8
Wydma	13,88	13,68	-0,10	11,93	2*	4
Wartość graniczna — Limit value YS = 0,2						

W celu graficznego przedstawienia zmienności plonowania odmian pszenicy ozimej w stacjach doświadczalnych wykorzystano analizę składowych głównych. Rysunki 1 i 2 przedstawiają rozmieszczenie miejscowości w poszczególnych latach badań na płaszczyźnie w układzie dwóch pierwszych składowych głównych. Miejscowość wysokim udziale w interakcji $G \times E$ odznacza się dużą odległością od początku układu współrzędnych. Plony odmian w tej stacji doświadczalnej różnią się znacznie od średnich plonów uzyskanych w analizowanych latach badań na Górnym Śląsku. Analizując wariant standardowy (rys. 1) można zauważyć, że najbardziej oddalone od początku układu są środowiska AB4, AB11 i AB18 oraz AB5, AB12 i AB19, oznaczające miejscowości Modzurów i Nieznanice. Środowiska te wykazują średni plon odmian znacznie odbiegający od średnich plonów odmian na Górnym Śląsku. Znaczne różnice w plonowaniu odmian w wymienionych doświadczeniach w porównaniu do pozostałych środowisk były spowodowane ze zmiennymi warunkami klimatycznymi panującymi w tych miejscowościach w latach 2007–2009. Szczególnie nierównomierne opady oraz przejściowe okresy suszy spowodowały znaczne różnice plonów badanych odmian w analizowanym trzyleciu. Świadczą o tym duże odległości pomiędzy analizowanymi

środowiskami w poszczególnych latach (AB4 — AB11 — AB18 lub AB5 — AB12 — AB19).



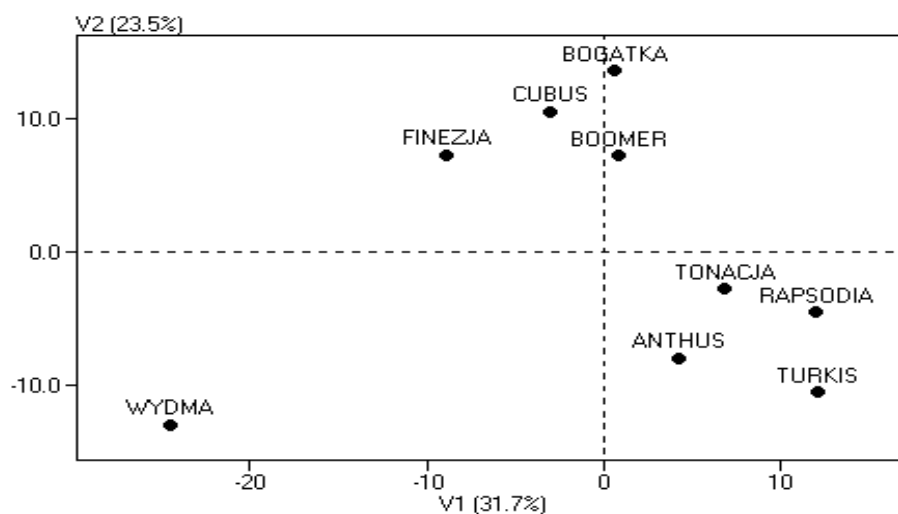
Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant standardowy
Fig. 1. Distribution of environments in the system of principal components — standard version



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

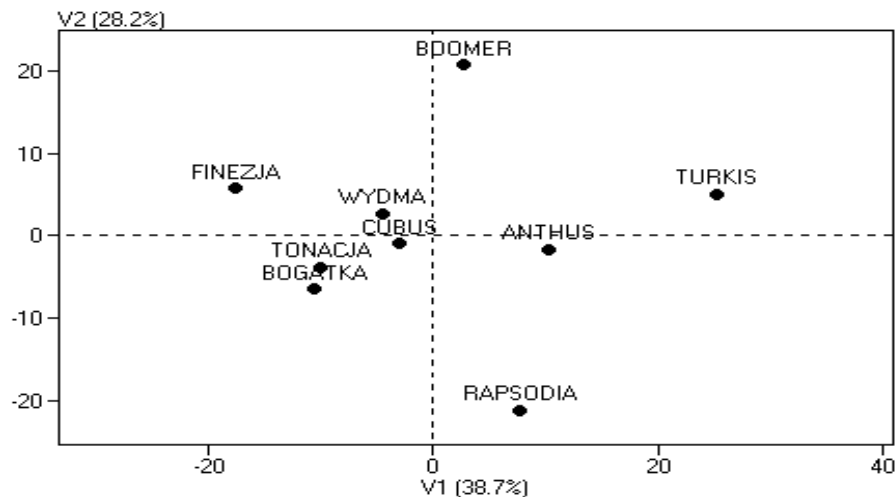
Rysunek 2 przedstawia miejscowości w danym roku badań w układzie dwu pierwszych składowych głównych dla wariantu intensywnego. Również i w tym wariacie uprawy punkty AB5, AB12 i AB19 określające miejscowość Nieznanice oraz punkty AB14 i AB21 oznaczające miejscowość Pągów wykazują znaczne oddalenie od początku układu współrzędnych. Wskazuje to na istotne różnice w plonowaniu odmian w tych stacjach doświadczalnych w porównaniu do średnich plonów badanych odmian pszenicy na Górnym Śląsku. Miejscowości te odznaczają się również znacznymi różnicami w plonowaniu pszenicy w poszczególnych latach badań, o czym świadczą znaczne odległości pomiędzy punktami AB5, AB12 i AB19 oraz AB14 i AB21. Porównując rysunek 1 z rozmieszczeniem środowisk w wariacie intensywnym można stwierdzić większe rozproszenie poszczególnych miejscowości w wariacie intensywnym. Zwiększona dawka nawożenia azotowego oraz pełna ochrona roślin przyczyniła się do wyższych plonów i ujawniła potencjalną zmienność genotypów w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych. Świadczą o tym znaczne różnice w plonowaniu badanych odmian w wariacie intensywnym i standardowym w miejscowości Pągów.

Posługując się analizą składowych dualnych można badać składniki interakcji $G \times E$ ze względu na genotypy. Genotypy w układzie składowych głównych dla wariantu standardowego przedstawiono na rysunku 3. Wielkość (udział) interakcji poszczególnych genotypów ze środowiskami przedstawia odcinek (wektor) wartości statystyki F wyprowadzony od każdego punktu do początku układu. Analiza punktów obrazujących zmienność plonowania badanych odmian potwierdziła wyniki z tabeli 4 i 5. Największym wpływem na sumę kwadratów odchyleń dla interakcji $G \times E$ odznacza się odmiana Wydma. Genotyp ten charakteryzuje się bardziej zróżnicowanymi plonami w badanych środowiskach niż pozostałe obiekty.



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

Natomiast wyższą stabilność plonowania wykazywały *Anthus* i *Boomer*. W wariancie intensywnym (rys. 4). *Rapsodia* i *Turkis* odznaczały się znacznym oddaleniem od początku układu współrzędnych, co wskazuje na dużą zmienność plonowania w badanych środowiskach. Natomiast *Cubus* i *Wydma* charakteryzowały się bardziej stabilnym plonem. Porównując odległości poszczególnych odmian od siebie w wariancie intensywnym i standardowym można zauważyć duże zróżnicowanie. Świadczy to o zmiennej reakcji odmian na dawki nawożenia azotowego, stosowane środki ochrony roślin i warunki atmosferyczne.



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

Zróżnicowany poziom nawożenia oraz intensywności ochrony chemicznej umożliwia wyróżnienie odmian do intensywnego modelu produkcji, których plony są wyższe od średniej środowiskowej a jednocześnie stabilne (Oleksiak i Mańkowski, 2005). W zmiennych warunkach przyrodniczych Polski oraz wielu innych krajów na świecie wariancja efektów interakcji (miejscowość $\times$ lata) wykazuje znaczny udział w zmienności plonu ziarna pszenicy ozimej. Natomiast efekty interakcji potrójnej (genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata) mają największe znaczenie wśród wszystkich efektów interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$). Jeśli wariancja genotypowa przeważa nad wariancją efektów interakcji (genotyp $\times$ punkt doświadczalny) to hodowca może uzyskać dobrą skuteczność selekcji rodów hodowlanych o wysokiej stabilności w danym rejonie. W sytuacji odwrotnej lepsza może się okazać strategia selekcji genotypów o wąskiej adaptacji. W takim przypadku dużą rolę może odegrać mikrorejonizacja, a więc podział rejonu na podrejon (powiat, gmina) o określonych warunkach klimatyczno-glebowych (Grüneberg i in., 2005). Odmiany o znacznej zmienności plonowania w makrorejonie mogą w utworzonych podregionach odznaczać się wysokim i stabilnym plonowaniem. Znaczny udział interakcji potrójnej (genotyp $\times$ miejscowość $\times$ lata) w ogólnej zmienności plonów w tego typu

doświadczeniach utrudnia selekcję odmian odznaczających się szeroką adaptacją w określonych rejonach kraju (Mądry i in., 2006). Głównym czynnikiem wpływającym na zmienność plonowania odmian w poszczególnych latach badań była zróżnicowana suma i rozkład opadów w trakcie wegetacji. Stres wodny może spowodować redukcję wszystkich składowych plonu w zróżnicowanych proporcjach uzależnionych od genotypu (Gonzalez i in., 2007). Niektóre odmiany odznaczają się jednak stabilnym plonowaniem pomimo dużych niedoborów wody w krytycznych fazach rozwoju roślin (Ahmad i in., 2003).

WNIOSKI

1. W warunkach standardowego poziomu uprawy szeroką adaptacją w analizowanym regionie odznaczały się odmiany pszenicy ozimej Boomer i Rapsodia. Wykazywały one wyższe plony w porównaniu do średniej wartości plonowania wszystkich badanych odmian.
2. W wariancie intensywnym uprawy, wśród odmian zakwalifikowanych do grupy o szerokiej adaptacji do zmiennych warunków siedliskowych Boomer i Rapsodia odznaczały się niestabilnym trendem środowiskowym. Natomiast Cubus i Anthus wykazywały stabilne plony nieróżniące od średnich plonów badanych odmian i dobre przystosowanie do uprawy na obszarze Górnego Śląska.
3. Wybór odmian do uprawy na obszarze województwa opolskiego i śląskiego powinien być uzależniony od położenia gospodarstwa rolnego w stosunku do analizowanych stacji doświadczalnych i wybranego systemu uprawy. Świadczą o tym znacznie odchylenia od średnich plonów badanych odmian w miejscowościach Modzurów i Nieznanice w systemie standardowym uprawy oraz Nieznanice i Pagów w wariancie intensywnym.

LITERATURA

- Ahmad R., Qadir S., Ahmad N., Hussain K. 2003. Yield potential and stability of nine wheat varieties under water stress conditions. *Int. J. Agr. Biol.* 5 (1): 7 — 9.
- Annicchiarico P. 2002. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmes. In M.S. Kang, ed. *Quantitative genetics, genomics, and plant breeding*: 365 — 383. Wallingford, UK, CABI.
- Annicchiarico P., Russi L., Piano E., Veronesi F. 2006. Cultivar adaptation across Italian locations in four turf grass species. *Crop Sci.* 46: 264 — 272.
- Caliniński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oceny Odm.* 10: 7 — 33.
- Caliniński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oceny Odm.* 10: 35 — 71.
- Drzazga T., Paderewski J., Madry W., Krajewski P. 2009. Ocena rodzajów reakcji plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach PDO na przestrzennie zmienne warunki przyrodnicze kraju. *Biul. IHAR* 253: 71 — 82.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- Gonzalez A., Martin I., Ayerbe L. 2007. Response of barley genotypes to terminal soil moisture stress: phenology, growth, and yield. *Aust. J. Agric. Res.* 58: 29 — 37.

- Iwańska M., Mądry W., Rajfura A., Drzazga T. 2009. Porównanie syntetycznych wskaźników stopnia szerokiej adaptacji odmian na przykładzie serii doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą. *Biul. IHAR* 253: 31 — 45.
- Grüneberg W. J., Manrique K., Hang D., Hermann M. 2005. Genotype $\times$ environment interactions for a diverse set of sweet potato clones evaluated across varying ecogeographic conditions in Peru. *Crop Sci.* 45: 2160 — 2171.
- Jankowski P., Zieliński A., Mądry W. 2006. Analiza interakcji genotyp środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE część I Metodyka. *Biul. IHAR* 240/241: 51 — 60.
- Kang M. S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: consequences for growers. *Agron. J.* 85: 754 — 757.
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Adv. Agronomy* 62: 200 — 252.
- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Roln. Seria A* 116:11 — 24.
- Mądry W., Talbot M., Ukalski K., Drzazga T., Iwańska M. 2006. podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 13 — 32.
- Navabi A., Yang R. C., Helm J., Spaner D. M. 2006. Can spring wheat — growing mega environments in the Northern Great Plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Sci.* 46: 1107 — 1116.
- Ober E.S., Clark C.J.A., Le Bloa M., Royal A., Jaggard K. W., Pidgeon J. D. 2004. Assessing the genetic resources to improve drought tolerance in sugar beet: agronomic traits of diverse genotypes under droughted and irrigated conditions. *Field Crops Research* 90: 213 — 234.
- Oleksiak T., Mańkowski D.R. 2005. Interakcja odmian pszenicy ozimej w zmiennych warunkach środowiskowych na podstawie wyników badań ankietowych. *Biul. IHAR* 235: 5 — 19.
- Roozeboom K. L., Schapaugh W. T., Tuinstra M. T., Vanderlip R. L., Milliken G. A. 2008. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. *Crop. Sci.* 48: 117 — 330.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype $\times$ environment components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft. 2006. Sortenversuche in Thüringen — Stoppelweizen: 1 — 5.

TADEUSZ DRZAZGA¹**PAWEŁ KRAJEWSKI**²**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**³**EWA ŚMIAŁEK**⁴¹ Małopolska Hodowla Roślin HBP, Oddział Nasiona Kobierzyc² Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu³ Zakład Roślin Zbożowych IHAR Kraków⁴ COBORU — Stacja Oceny Odmian Zybiszów

Ocena odmian pszenicy ozimej pod względem tolerancji na suszę*

Drought resistance assessment of winter wheat cultivars

Prognozy dla obszaru Polski przewidują pogłębianie się deficytu wody. Wpływ suszy na plon jako najważniejszego czynnika stresu środowiskowego będzie wzrastał i ograniczał plonowanie uprawianych gatunków. Wyniki analiz w oparciu o dane plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach porejestrowych — PDO wykazały brak odmian o podwyższonej tolerancji i odpornych na suszę w Rejestrze Odmian. Stąd potrzeba większego nacisku w pracach hodowlanych na selekcję odmian dostosowanych do warunków z często występującymi niedoborami wilgoci. Przedstawione wyniki pokazują, że w układzie doświadczeń przedrejestrowych wstępnych i porejestrowych — PDO występują środowiska o wysokiej intensywności stresu suszy, co pozwala hodowcom prowadzić bardziej skuteczną selekcję w kierunku odmian o podwyższonej odporności na suszę.

Słowa kluczowe: intensywność stresu, pszenica ozima, odporność na suszę

As the water deficit in the area of Poland is predicted to be increasing, the role of drought as the main stress factor will grow and will limit yields. Analyses done on the basis of the recommendation trials showed a lack of registered varieties tolerant to drought stress. Therefore, there is a need for more emphasis on selection of breeding material suited for conditions with frequent water deficits. The presented results show that in the system of pre- and post-registration trials there are locations characterized by a relative high stress index and therefore suitable for efficient selection of new varieties.

Key words: stress intensity, winter wheat, resistance to drought

* Badania współfinansowane przez Europejski Fundusz Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Innowacyjna Gospodarka 2007–2013, projekt POLAPGEN-BD WND-POIG.01.03.01-00-101/08

WSTĘP

Susza jest najważniejszym stresem środowiskowym w rolnictwie na całym świecie. Stąd, poprawa potencjału i stabilności plonowania w warunkach deficytu wody jest jednym z głównych celów hodowli roślin (Cattivelli i in., 2008). Złożoność uwarunkowania odporności i tolerancji genotypów na suszę oraz interakcja genotypowo-środowiskowa (GE) utrudnia selekcję odmian odpornych na suszę. W szczególności, wyższa wartość wariancji interakcji GE od wariancji genotypowej dla plonu świadczy o dużych różnicach w reakcji badanych genotypów na warunki środowiska, co ogranicza skuteczność selekcji i postęp genetyczny (Cooper i in., 1999; Verulkar i in., 2010). W takiej sytuacji program hodowli musi ujmować selekcję odmian o wąskiej adaptacji, przy czym podział rejonu produkcji na homogeniczne podstrefy o takiej samej rekomendacji odmian może odbyć się na podstawie znajomości rozkładu głównych czynników stresu (Bänziger i Cooper, 2001; Padi, 2004). W przypadku gdy wariancja GE jest mniejsza niż wariancja genotypowa, znaczenie hodowli odmian o wąskiej adaptacji zmniejsza się.

Efektywność hodowli zależy od posiadania skutecznej i zintegrowanej sieci miejscowości do szybkiej oceny linii hodowlanych w różnych warunkach środowiskowych. Zdefiniowanie zestawu środowisk, ich przestrzennej i czasowej zmienności, poznanie interakcji odmian ze środowiskiem pozwala na dostosowanie programu hodowlanego do produktywności danego obszaru (Heinemann i in., 2008).

Celem pracy było poznanie intensywności stresu występującego w warunkach stacji prowadzących doświadczenia przed i porejestrowe z pszenicą ozimą oraz ocena podatności badanych odmian na stres.

MATERIAŁ I METODY

W przedstawionych badaniach wzięto pod uwagę serie doświadczeń przedrejestrowych — wstępnych z rodami pszenicy ozimej pochodzącymi z różnych ośrodków hodowlanych w Polsce oraz serie porejestrowych doświadczeń odmianowych (PDO). Doświadczenia wstępne przeprowadzono w latach 2001–2010. Liczba rodów badanych w poszczególnych latach była różna, od 56 do 86; liczba miejscowości w latach wynosiła 7 lub 8. Doświadczenia były zakładane w układzie bloków niekompletnych w 3 lub 4 powtórzeniach. Z serii doświadczeń PDO wykorzystano wyniki plonowania odmian pszenicy ozimej badanych w latach 2005–2009. Doświadczenia należały do tzw. serii L (z szerokim doбором odmian ustalonym przez specjalistów COBORU) i były przeprowadzone na dwóch poziomach agrotechnicznych: A1 i A2. Poziom A1 (przeciętny) nie obejmuje zabiegów ochronnych, prowadzi się w nim standardowe nawożenie stosowane w warunkach danej stacji-punktu doświadczalnego. Na poziomie A2 (intensywnym) stosuje się zwiększone nawożenie azotowe o 40 kg/ha w porównaniu do poziomu A1 oraz ochronę przed chorobami i wyleganiem. Pozostałe zabiegi uprawowe i pielęgnacyjne są takie same dla obu poziomów agrotechnicznych. Liczba badanych odmian w latach była różna, od 36 do 41, natomiast liczba miejscowości w kolejnych latach wynosiła 21 lub 22. Doświadczenia zakładano w układzie split-block o blokach niekompletnych.

W ramach każdej jednorocznej serii doświadczeń, obserwacje z każdego doświadczenia analizowano oddzielnie za pomocą analizy wariancji w modelu uwzględniającym losowe efekty genotypów i bloków niekompletnych, oceniając wartości średnie dla odmian. Intensywność stresu D dla każdego ze środowisk wchodzących w skład serii była obliczona według formuły:

$$D = 1 - \frac{X}{X_p}$$

gdzie: X oznacza średni plon z doświadczenia, zaś X_p najwyższy średni plon z doświadczenia w ramach serii (Padi, 2004; Sinebo i in., 2002). Założono więc, że środowisko o najwyższym średnim plonie traktowane może być jako względnie „beztresowe”. Do oceny podatności odmian na stres w każdym ze środowisk wykorzystano indeks zaproponowany przez Fischera i Maurera (1978) postaci:

$$S = \frac{1 - \frac{Y}{Y_p}}{D}$$

gdzie: Y oznacza średni plon odmiany w danym środowisku, zaś Y_p średni plon odmiany w warunkach „beztresowych”; odmiany scharakteryzowano poprzez wartości średnie indeksu S dla wszystkich środowisk w serii jednorocznej doświadczeń. Na podstawie otrzymanych wartości S badane rody i odmiany pszenicy ozimej sklasyfikowano według następujących kryteriów:

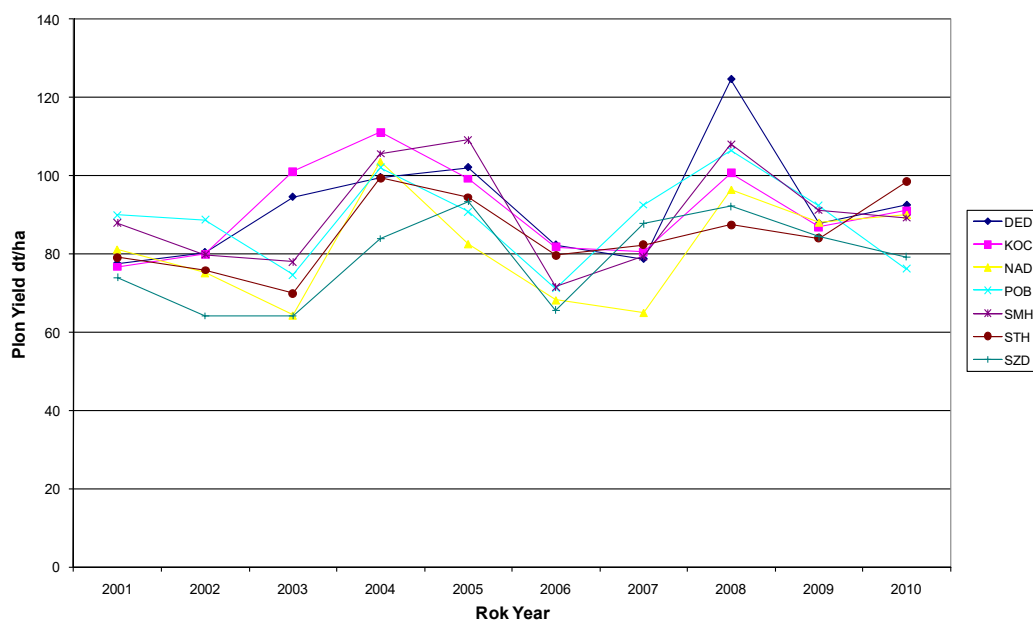
- $S < 0,50$ — wysoka tolerancja,
- $S > 0,50$ — 1,00 umiarkowana tolerancja,
- $S > 1,00$ — mała tolerancja.

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie plonowanie badanych rodów pszenicy w seriach doświadczeń wstępnych było zmienne w latach i wahało się od 74 q/ha w roku 2006 do 102 q/ha w roku 2008 (rys. 1). Najwyższe średnie ogólne plonu z doświadczeń otrzymano dla stacji DED (92 q/ha), KOC (91 q/ha), SMH (90 q/ha), a najniższe w warunkach stacji SZD (79 q/ha) i NAD (81 q/ha). Rekordowe plony świadczące o potencjale plonowania pszenicy ozimej w warunkach Polski uzyskano w sezonie 2007/2008 w stacji DED — Dębina. Średnia ogólna z tego doświadczenia wyniosła 125 q/ha, najlepsze rody uzyskały plon na poziomie 147 q/ha i 143 q/ha.

W warunkach Polski rozkład opadów w ciągu roku jest nierównomierny i można je podzielić na dwa okresy (tab. 1, rys. 2). Pierwszy okres od września do kwietnia charakteryzuje się nieco obniżonymi opadami, okres od maja do sierpnia — podwyższonymi opadami. Wielkości opadów występujące w miesiącach listopad, luty, marzec, kwiecień i maj w warunkach tych stacji były zbliżone, w pozostałych miesiącach poziom opadów był bardziej zróżnicowany. Opady występujące w okresie listopad — marzec stanowią rezerwuuar wilgoci dla rozwoju roślin w okresie wiosennym i ich wielkość w dużej mierze decyduje o poziomie plonowania zbóż ozimych. W warunkach miejscowości zakładających doświadczenia wstępne z pszenicą ozimą, najwyższe zapasy wody z

zimowego okresu występują w stacji KOC — Kobierzyce (196 mm), STH — Strzelce (191 mm), najniższe w POB — Polanowice (138 mm), DED — Dębina (145 mm) oraz SZD — Szelejewo (149 mm). Wykorzystanie tej wody przez rośliny zależy w dużej mierze od właściwości fizyko-chemicznych gleby. Bardzo duże zróżnicowanie opadów występuje w czerwcu. Miejscowości leżące w Pasie Wielkich Dolin, tj. NAD, SMH, STH i SZD, charakteryzują się najniższymi opadami. W warunkach Szelejewa problem niedoboru wody dotyczy również następnego miesiąca lipca.



Rys. 1. Plonowanie rodów pszenicy ozimej w siedmiu lokalizacjach w seriach doświadczeń wstępnych w latach 2001–2010

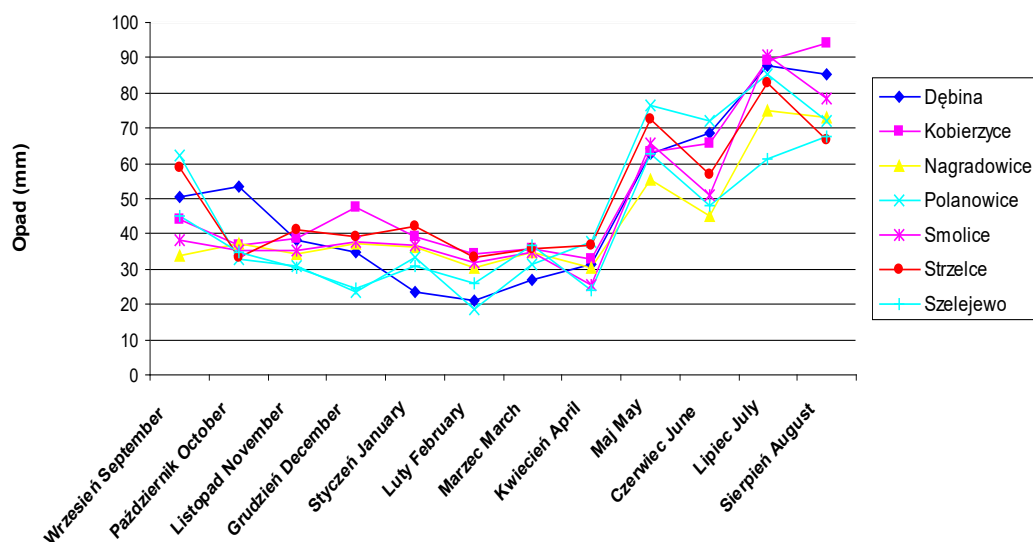
Fig. 1. Yield of winter wheat in seven locations in the series of pre-registration trials in the years 2001–2010

Tabela 1

Roczna suma opadów za okres 2001–2010 w warunkach stacji prowadzących doświadczenia wstępne z pszenicą ozimą

Total yearly precipitation in 2001–2010 at locations included in series of winter wheat pre-registration trials

Miesiąc Month	Stacja — Station						
	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
Suma opadów (XI–III) (mm) Sum of rainfall	145	196	173	138	176	191	149
Roczna suma opadów (mm) Annual rainfall	585	622	523	576	562	560	492



Rys. 2. Średnia miesięczna opadów dla stacji biorących udział w seriach doświadczeń wstępnych z pszenicą ozimą, lata 2001–2010

Fig. 2. Monthly precipitation at locations included in series of winter wheat pre-registration trials in the years 2001–2010

Największe zróżnicowanie średniej ogólnej plonu z doświadczeń dotyczy sezonu 2002/2003. Dla tego sezonu uzyskano też najwyższe wartości indeksu stresu D (tab. 2).

Tabela 2
Wartości indeksu intensywności stresu *D* dla środowisk, w których prowadzono doświadczenia wstępne z pszenicą ozimą w latach 2001–2010
Stress index *D* values for locations included in series of winter wheat pre-registration trials in the years 2001–2010

Środowisko Environment	Rok Year	Intensywność stresu <i>D</i> Stress intensity <i>D</i>									
		2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
DED		0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0
KOC		0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,1	0,2	0,1	0,1
NAD		0,1	0,2	0,4	0,1	0,2	0,2	0,3	0,2	0,0	0,1
POB		0,0	0,0	0,3	0,1	0,2	0,2	0,0	0,1	0,0	0,2
SMH		0,0	0,1	0,2	0,0	0,0	0,2	0,1	0,1	0,0	0,1
STH		0,1	0,1	0,3	0,1	0,1	0,1	0,1	0,3	0,1	0,0
SZD		0,2	0,3	0,4	0,2	0,1	0,2	0,1	0,3	0,1	0,2

Do miejscowości o średnio najwyższym indeksie stresu należy zaliczyć stacje SZD — Szelejewo oraz NAD — NAGRADOWICE. Ogólnie jednak należy stwierdzić, że wartości indeksu stresu dla środowisk, w których zakłada się doświadczenia wstępne, są niskie. Wynika to z małej zmienności średnich plonów z doświadczeń i skutkuje to mniejszą presją selekcyjną tych środowisk. Z uwagi na to, że metodyka tych doświadczeń dotyczy

testowania wyłącznie na poziomie A₁, ocena stresu ujmuje wpływ efektów współdziałania czynników biotycznych (porażenie grzybami i szkodnikami) i abiotycznych (deficyt wody, wysoka temperatura, odczyn gleby). W analizowanym okresie w warunkach miejscowości Szelejewo i Nagradowice, z uwagi na dużą częstotliwość występowania niedoborów wody, wystąpiła najwyższa presja selekcyjna w kierunku form odpornych na suszę. Ścisła ocena stopnia podatności na suszę wymagałaby jednak włączenia do serii dodatkowych doświadczeń z nawadnianiem (Reynolds i in., 2007, Verulkar. i in., 2010).

Tabela 3

Wartości indeksu stresu *D* dla środowisk, w których prowadzono doświadczenia PDO z pszenicą ozimą w latach 2005–2009 (wyniki na podstawie plonów uzyskanych na poziomie agrotechniki A2)
Stress index *D* values for locations included in series of winter wheat post-registration trials (years 2005–2009, on the basis of data concerning protection level A2)

Środowisko Environment	Rok Year	Intensywność stresu D ^{a)} Stress intensity D ^{a)}				
		2005	2006	2007	2008	2009
Ciebibór		0,3	0,5	0,2	0,0	0,2
Czesławice		0,1	0,2	0,2	0,0	0,2
Głębokie		0,3	0,4	0,4	0,3	0,1
Głubczyce		0,1	<u>0,0</u>	0,0	0,1	0,1
Kościelna_Wieś		0,1	0,2	0,2	0,2	0,2
Krościna_Mała		0,1	0,0	0,1	0,1	
Marianowo		0,2	0,4	0,4	0,2	0,3
Masłowice		0,3	0,3	0,3	0,4	0,3
Nowa_Wieś_Ujska		0,3	0,3	0,4	0,4	0,2
Pawłowice		0,3	0,1	0,3	0,1	0,2
Radostowo		<u>0,0</u>	0,2	0,3	<u>0,0</u>	0,0
Rarwino			0,4	0,3	0,3	0,3
Rychliki		0,1	0,1	0,2	0,0	0,2
Seroczyn		0,1	0,1	0,2	0,2	0,1
Słupia		0,2	0,2	0,2	0,0	0,0
Świebodzin			0,2	0,3	0,1	<u>0,0</u>
Tarnów		0,4	0,2	0,3	0,3	0,3
Tomaszów_Bol.		0,4	0,5	0,5	0,4	
Węgrzce		0,1	0,1	0,2	0,0	0,1
Wyczechy		0,2	0,2	0,5	0,3	0,2
Zadąbrowie		0,3	0,1	0,2	0,1	0,1
Zybiszów		0,2	0,3	<u>0,0</u>	0,0	0,2

^{a)} Czcionka pogrubiona — stacje wybrane do oceny podatności odmian na stres abiotyczny w ramach danego roku;

czcionka pogrubiona podkreślona — stacja o najwyższej średniej ogólnej plonu w ramach serii

^{a)} Bold — locations chosen for assessment of susceptibility of varieties within given year; bold underlined — location with the highest mean yield in the series

Chcąc wyeliminować wpływ czynników biotycznych na stres, wykorzystano dane plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach PDO na poziomie A₂ (tab. 4). Zastosowanie ochrony na tym poziomie agrotechnicznym pozwala na ograniczenie wpływu czynników biotycznych i w efekcie można założyć, że przeprowadzona ocena intensywności stresu dotyczyła efektów oddziaływania czynników abiotycznych (niedobór wilgoci, wysoka temperatura, odczyn gleby).

Tabela 4

Wartości indeksu podatności na stres abiotyczny S dla odmian testowanych w doświadczeniach PDO z pszenicą ozimą w latach 2005–2009 (wyniki na podstawie plonów uzyskanych na poziomie agrotechniki A2)
Susceptibility to abiotic stress index S values for varieties tested in post-registration trials (years 2005–2009, on the basis of data concerning protection level A2)

Odmiana Variety	Rok Year	Indeks podatności na stres (S) — Stress susceptibility index (S)					średnia mean
		2005	2006	2007	2008	2009	
1		2	3	4	5	6	7
Akteur					1,1	1,1	1,1
Alcazar				1,0	1,2	1,1	1,1
Anthus				1,1	1,2	1,1	1,2
Aristos	0,9			1,0			0,9
Batuta				1,0	1,2	1,0	1,1
Bogatka	0,9	1,0		0,9	1,2	1,1	1,0
Boomer				0,9	1,2	1,0	1,1
Dorota	1,2	1,1		1,2	1,2	0,6	1,0
Figura					1,2	1,0	1,1
Finezja	1,0	1,1		0,9	1,1	1,0	1,0
Flair	1,0	1,0		1,0	1,2	0,9	1,0
Fregata	0,9	1,0		0,7	1,3		1,0
Garantus					1,1	1,1	1,1
Jenga	1,0	1,1					1,1
Izyda						0,7	0,7
Kaja	0,9	1,0		0,9			0,9
Kobiera	1,2	1,0		1,0	1,3	0,9	1,1
Kobra Plus	1,2	1,1		1,0			1,1
Kohelia						1,1	1,1
Korweta	1,0	1,0					1,0
Kris	1,1	1,0		0,9	1,0	0,9	1,0
Legenda		1,1		0,9	1,2	0,9	1,0
Ludwig				1,0	1,0	1,2	1,1
Markiza					1,2	1,1	1,1
Meteor					1,1	0,8	1,0
Mewa	0,9	1,1		0,9	1,2	1,0	1,0
Mikula	0,8	1,2					1,0
Mulan						1,1	1,1
Muszelka	0,9	1,0		0,9	1,2		1,0
Muza						1,1	1,1
Nadobna	1,0	1,1		1,1	1,2	0,9	1,1
Naridana				1,0	1,2	1,0	1,1
Nateja					1,0	0,8	0,9
Nutka	0,9	1,2		1,1	1,2	0,9	1,1
Olivin	1,1	1,1		0,9			1,0
Ostka_Strzelecka				1,1	1,3		1,2
Ostroga						0,9	0,9
Pegassos	1,0	1,1		1,0			1,0
Rapsodia	1,1	1,1		1,0	1,1	1,1	1,1
Rubens	0,9	1,1		0,9			1,0
Rywalka	1,2	1,0		1,1	1,3	0,9	1,1
Sakwa	1,0	1,2		0,9	1,2		1,1
Satyna	0,9	1,0		0,9	1,1	0,9	1,0
Slade	1,0	1,1					1,0
Sława	1,1	1,0		1,1			1,1

c.d. Tabela 4

1	2	3	4	5	6	7
Smuga	0,8	1,1	0,9	1,0	0,9	1,0
Soraja	0,9	1,2	0,9			1,0
Sukces	0,9	0,9	0,7	1,1	0,9	0,9
Symfonia	1,1	1,0	1,1			1,1
Tonacja	0,9	1,0	0,9	1,1	1,1	1,0
Trend	1,0	1,0	0,9	1,1	1,1	1,0
Turkis			1,2	1,2	1,2	1,2
Turnia	1,1	0,9	1,0	1,2	0,9	1,0
Wydma		1,2	1,0	1,2	1,1	1,1
Zorza	0,9	1,0	1,0	1,2		1,0
Zawisza	1,0					1,0
Zyta	0,8	0,9	0,8	1,2	0,8	0,9

Do miejscowości o średnio najwyższym indeksie stresu należy zaliczyć stacje Cicibór, Głębokie, Masłowice, Nowa Wieś Ujska, Tomaszów Bol. i Wyczęchy. Uzyskane wyższe wartości indeksu stresu w tych doświadczeniach w porównaniu do doświadczeń wstępnych to wynik większej zmienności średnich plonów z doświadczeń PDO spowodowany występowaniem bardziej zróżnicowanych warunków klimatyczno-glebowych w stacjach zakładających te doświadczenia. Doświadczenia te są prowadzone na kompleksach od pszennego bardzo dobrego do żytniego dobrego. Warunki glebowe doświadczeń wstępnych ograniczają się praktycznie do kompleksów: pszennego bardzo dobrego i dobrego, czyli o korzystnych warunkach wilgotnościowych dla rozwoju roślin.

Wyniki plonowania ze stacji o najwyższej wartości indeksu stresu w poszczególnych latach wykorzystano do oszacowania podatności badanych odmian na stres abiotyczny. Otrzymane wyniki świadczą o małej zmienności odmian pszenicy ozimej zarejestrowanych w Polsce pod względem odporności na ten stres. Odmiany wykazały się umiarkowaną tolerancją lub podatnością. Brak jest odmian odpornych. Biorąc pod uwagę powtarzalność tej oceny w latach, do grupy genotypów tolerujących suszę należy zaliczyć odmiany: Bogatka, Flair, Kaja, Kris, Muza, Rubens, Sukces, Trend, Zawisza i Zyta. Przy kurczących się zasobach wody i zmianach klimatycznych związanych z ociepleniem klimatu, prognozowanym pogłębieniem się deficytu wody dla obszarów Polski jest potrzeba ujęcia dodatkowych zadań w programie hodowlanym:

- poszukiwanie źródeł odporności na suszę oraz ich wstępna ocena przydatności dla podwyższenia plonu,
- równoczesne włączanie poprzez krzyżowanie innych cech, które są potencjalnie komplementarne,
- przyjęcie strategii krzyżowań pozwalające na kumulację korzystnych genów w oparciu o ocenę odziedziczalności tych cech oraz o korelację z plonem.

WNIOSKI

Z odmian zrejonizowanych w Polsce: Bogatka, Flair, Kaja, Kris, Muza, Rubens, Sukces, Trend, Zawisza i Zyta charakteryzują się niską tolerancją na stres suszy. W doborze odmian brak jest odmian o wysokiej tolerancji i odpornych na suszę.

LITERATURA

- Bänziger M., Cooper M. 2001. Breeding for low input conditions and consequences for participatory plant breeding: Examples from tropical maize and wheat. *Euphytica* 122: 503 — 519.
- Cattivelli L., Rizza F., Badeck F. W., Mazzucotelli E., Mastrangelo A. M., Francia E., Mare C. 2008. Drought tolerance improvement in crop plants: An integrated view from breeding to genomics. *Field Crops Research* 105: 1 — 14.
- Cooper, M., Rajatasereekul S., Somrith B., Sriwisut S., Immark S., Boonwite C., Suwanwongse A., Ruangsook S., Hanviriyapant P., Romyen P., Porn-Uraisanit P., Skulkhu E., Fukai S., Basnayake J., Podlich D. W. 1999. Rainfed lowland rice breeding strategies for Northeast Thailand II. Comparison of intrastation and interstation selection. *Field Crop Res.* 64: 153 — 176.
- Fischer R. A., Maurer R. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. Part 1: Grain yield response. *Aust. J. Agric. Res.* 29: 897 — 912.
- Heinemann A. B., Dingkuhn M., Luquet D., Combres J. C., Scott Chapman S. 2008. Characterization of drought stress environments for upland rice and maize in central Brazil. *Euphytica* 162: 395 — 410.
- Padi F. K. 2004. Relationship between stress tolerance and grain yield stability in cowpea. *Journal of Agricultural Science* 142: 431 — 443.
- Reynolds M. P., Pierre C. S., Saad A. S. I., Vergas M., Condon A. G. 2007. Evaluating potential genetic gains in wheat associated with stress-adaptive trait expression in elite genetic resources under drought and heat stress. *Crop Sci.* 47 (S3): 172 — 189.
- Sinebo W., Gretzmacher R., Edelbauer A. 2002. Environment of selection for grain yield in low fertilizer input barley. *Field Crops Res.* 74: 151 — 162.
- Verulkar S. B., Mandal N. P., Dwivedi J. L., Singh B. N., Sinha P. K., Mahato R. N., Dongre P., Singh O. N., Bose L. K., Swain P., Robin S., Chandrababu R., Senthil S., Jain A., Shashidhar H. E., Hittalmani S., Vera Cruz C., Paris T., Raman A., Haefele S., Serraj R., Atlin G., Kumar A. 2010. Breeding resilient and productive genotypes adapted to drought-prone rainfed ecosystem of India. *Field Crops Research* 117: 197 — 208.

GRZEGORZ CZAJOWSKI**ANNA STRZEMBICKA****KATARZYNA KARSKA**

Zakład Roślin Zbożowych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Kraków

Wirulencja populacji *Puccinia triticina* sprawcy rdzy brunatnej pszenicy i pszenżyta w Polsce w latach 2008–2010*

Virulence in population of *Puccinia triticina*, the causal agent of wheat and triticale leaf rust in Poland in 2008–2010

W latach 2008–2010 przetestowano łącznie 376 izolatów *Puccinia triticina* pochodzących z pszenicy i pszenżyta. Pojedyncze izolaty testowano na siewkach 38 linii izogenicznych NIL w celu określenia wirulencji, wyprowadzonych na bazie odmiany Thatcher z genami odporności *Lr*. Obserwowano wysoką częstotliwość wirulencji patogena (70–100%) w stosunku do większości genów odporności. W omawianym okresie badań niski poziom wirulencji w populacji *Puccinia triticina* pochodzącej z pszenicy notowano wobec genów: *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr26*, *Lr38* i *LrW*. W odniesieniu do populacji pochodzącej z pszenżyta niską częstotliwość wirulencji stwierdzono w stosunku do genów: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr3*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr38* i *LrW*. W przypadku linii z genami: *Lr9*, *Lr23*, *Lr24* i *Lr25* notowano pojawienie się wirulentnych izolatów. Aktualnie gen *Lr19* nadal pozostaje wysoce skuteczny na populację *Puccinia triticina* z obu gatunków zbóż. W oparciu o zestaw 15 linii izogenicznych: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28* zidentyfikowano patotypy *Puccinia triticina* pochodzące z pszenicy i pszenżyta. W okresie badawczym patotypy: 12720 i 12724 przeważały w populacji pochodzącej z pszenicy, natomiast wśród patotypów z pszenżyta dominowały: 41122 i 41126.

Słowa kluczowe: geny odporności, populacja, *Puccinia triticina*, wirulencja

A total of 376 isolates of *Puccinia triticina* were collected from wheat and triticale plants in Poland between 2008 and 2010. The isolates were tested for virulence on seedlings of 38 near isogenic lines (NILs) obtained on the basis of cv. Thatcher and expressing *Lr* resistance genes. High frequency (70–100%) of isolates that were virulent towards the majority of *Lr* genes was recorded. Low virulence against the lines expressing *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr26*, *Lr38* and *LrW* genes in the population originated from wheat was observed. Regarding the population that originated from triticale, a low frequency of isolates virulent towards the lines expressing *Lr1*, *Lr2a*, *Lr3*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr38* and *LrW* was observed. However, in both populations isolates virulent towards the lines expressing genes *Lr9*, *Lr23*, *Lr24* and

* Badania są finansowane w ramach tematu statutowego 1- 1- 01- 3- 01

Lr25 were observed. The results indicate that *Lr19* gene was the most effective against *P. triticina* isolates from both species of cereals. Pathotypes of *P. triticina* from wheat and triticale were identified with the use 15 NILs possessing the resistance genes *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr19*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*. Pathotypes 12720 and 12724 appeared to be most widespread in the population originated from wheat, whereas pathotypes 41122 and 41126 were prevalent in the population originated from triticale.

Key words: population of *Puccinia triticina*, resistance genes, virulence

WSTĘP

Szerokie rozprzestrzenienie oraz potencjał epidemiologiczny *Puccinia triticina* (Erikss.) kwalifikują rdzę brunatną, jako jedną z poważniejszych chorób pszenicy o dużym znaczeniu ekonomicznym w wielu rejonach świata (McIntosh i in., 1995). Cechą charakterystyczną, która stanowi o znaczeniu tej choroby jest regularność jej występowania. Rokrocznie powoduje ona straty w plonach szacowane na około 15%, a w latach epifitoz 30–60% (Roelfs i in., 1992; Sayre i in., 1998).

Spośród trzech występujących na pszenicy gatunków rdzy największe zagrożenie dla Polski stanowi rdza brunatna *Puccinia triticina*, która pojawia się corocznie z różnym nasileniem na jarych i ozimych formach, a także na zasiewach pszenżyta (Arseniuk i in., 2000; Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009).

Pomimo możliwości stosowania fungicydów najlepszym sposobem zapobiegania i zwalczania rdzy brunatnej jest wykorzystanie genetycznej odporności poprzez hodowlę odmian odpornych. Nasilenie występowania rdzy na określonym terenie i w określonym czasie jest uzależnione od częstotliwości danego genu u odmian odpornych, częstotliwości korespondujących genów patogeniczności w populacji patogena oraz zmian środowiska (Browder, 1980).

Informacje dotyczące struktury populacji *Puccinia triticina*, oraz częstotliwości genów wirulencji korespondujących z genami odporności mają duże znaczenie dla programów hodowli odpornościowej w poszukiwaniu nowych źródeł odporności.

W pracy przedstawiono wyniki analizy wirulencji i struktury krajowej populacji *Puccinia triticina* w latach 2008–2010. Opisane badania są kontynuacją prac, których wyniki zostały wcześniej opublikowane (Woźniak-Strzembicka, 2003; Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009).

MATERIAŁ I METODY

Próbki patogena na liściach pszenicy i pszenżyta zbierano z odmian zrejonizowanych i rodów hodowlanych. Porażone liście zebrano w kilkunastu miejscowościach, reprezentujących różne rejony geograficzne kraju. Z pojedynczych skupień uredospor z próbek porażonych liści wyodrębniono izolaty grzyba. Ogółem w latach 2008–2010 analizowano 376 izolatów, z czego 197 pochodzących z pszenicy i 179 pszenżyta. Celem określenia spektrum chorobotwórczości *Puccinia triticina* poszczególne izolaty testowano na różnicującym zestawie 38 linii izogenicznych NIL wyprowadzonych na bazie odmiany Thatcher. Wykaz linii NIL wraz z genami odporności *Lr* i pochodzeniem podaje tabela 1.

Tabela 1

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

Gen <i>Lr</i> <i>Lr</i> gene	Pochodzenie Pedigree	Numer identyfikacyjny Identity number
<i>Lr1</i>	Tc*6/Centenario	RL 6003
<i>Lr2a</i>	Tc*6/Webster	RL 6016
<i>Lr2b</i>	Tc*6/Carina	RL 6019
<i>Lr2c</i>	Tc*6/Loros	RL 6047
<i>Lr3</i>	Tc*6/Democrat	RL 6002
<i>Lr9</i>	Transfer/Tc*6 <i>Aegilops.umbellulata</i>	RL 6010
<i>Lr10</i>	Tc*6/Exchange	RL 6004
<i>Lr11</i>	Tc*2/Hussar	RL 6053
<i>Lr12</i>	Exchange/Tc*6	RL 6011
<i>Lr13</i>	Tc*6/Frontana	RL 4031
<i>Lr14a</i>	Selkirk/Tc*6	RL 6013
<i>Lr14b</i>	Tc*6/Mario Escobar	RL 6006
<i>Lr15</i>	Tc*6/W1483	RL 6052
<i>Lr16</i>	Tc*6/Exchange	RL 6005
<i>Lr17</i>	Klein Lucero/Tc*6	RL 6008
<i>Lr18</i>	Tc*7/Afrika 43	RL 6009
<i>Lr19</i>	Tc*7 Transloc.4- <i>Agropyron elongatum</i>	RL 6040
<i>Lr20</i>	Tc*6/Jimmer	RL 6092
<i>Lr21</i>	Tc*6RL5406 <i>Ae. Squarrosa v. mayeri</i>	RL 6043
<i>Lr22</i>	Tc*6/RL5404 <i>Ae.squar. v.strangulata</i>	RL 6044
<i>Lr23</i>	Lee 310/Tc*6	RL 6012
<i>Lr24</i>	Tc*6/Agent (<i>Agropyron elongatum</i>)	RL 6064
<i>Lr25</i>	Tc*6/Transec (<i>Secale cereale</i>)	RL 6084
<i>Lr26</i>	Tc*6/St-1-25	RL 6078
<i>Lr28</i>	Tc*6/C-77-1 (<i>Aegilops speltoides</i>)	RL 6079
<i>Lr29</i>	Tc*6/CS7D-Ag + 11 (<i>A.elongatum</i>)	RL 6080
<i>Lr30</i>	Tc*6/Terenzio	RL 6049
<i>Lr32</i>	Tc*6/3/ <i>Aegilops squarrosa</i>	RL 6086
<i>Lr33</i>	Tc*6/PI 58548-1	RL 6057
<i>Lr34</i>	Tc*6/PI 58548-2	RL 6058
<i>Lr35</i>	Tc*6/RL 5711 <i>T.speltoides</i>	RL 6082
<i>Lr37</i>	Tc*8/VPMI <i>T.ventricosum</i>	RL 6081
<i>Lr38</i>	Tc*6/TMR-514-12-24	RL 6137
<i>Lr44</i>	Tc*6/ <i>T.spelta</i>	RL 6147
<i>LrB</i>	Tc*6/Carina	RL 6051
<i>LrB</i>	Tc*6/PI 268316	RL 6061
<i>LrW</i>	Tc*6/V336	RL 6107
<i>LrTc</i>	Thatcher (kontrola)	RL 6101

Linie NIL inokulowano w warunkach szklarniowych w stadium 2 liścia poszczególnymi izolatami grzyba. Stosowano metodę obciętych liści na pożywce agarowo-benzimidazolowej i standardową na siewkach (Park, Felsenstein, 1998). Po 12 dniowej inkubacji w kontrolowanych warunkach (komora klimatyczna, temperatura 22/18°C noc/dzień) przeprowadzono ocenę porażenia siewek wg skali 0–4. Typ infekcji 0–2 interpretowano, jako odporny/awirulencja, 3–4 jako wrażliwy/wirulencja (Roelfs i in., 1992). Na podstawie uzyskanych wyników określono częstotliwość wirulentnych izolatów w populacji *Puccinia trititica*.

W trakcie badań w latach 2008–2010 identyfikowano patotypy rdzy brunatnej, stosując zestaw 15 linii izogenicznych NIL z genami: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*,

Lr17, Lr19, Lr21, Lr23, Lr24, Lr26, Lr28. Metoda nazewnictwa i identyfikacji patotypów została opisana w poprzedniej pracy (Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009).

WYNIKI I DYSKUSJA

Częstotliwość wirulentnych izolatów *Puccinia triticina* zebranych z pszenicy i pszenżyta w latach 2008–2010 przedstawiono w tabeli 2. W omawianym okresie badań obserwowano wysoką częstotliwość wirulencji izolatów patogena (70–100%) wyodrębnionych z obu gatunków zbóż wobec większości genów odporności *Lr*.

Analiza struktury populacji *Puccinia triticina* pochodzącej z zasiewów pszenicy i pszenżyta wskazuje na pewne zróżnicowanie poziomu wirulencji w tych populacjach w stosunku do niektórych genów odporności.

Według prezentowanych w niniejszej pracy wyników niską częstotliwość wirulencji w krajowej populacji patogena pochodzącej z pszenicy obserwowano wobec genów: *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr38* i *LrW* (2–31%), podobnie jak w poprzednim okresie badań (Woźniak-Strzembicka, 2003; Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009). Niski poziom wirulencji wobec genów *Lr2a* i *Lr2b* notowano również na terenie Czech, Francji i Hiszpanii. Na Słowacji frekwencja izolatów wirulentnych wobec *Lr2a* również była niska, a w przypadku *Lr2b* wykazała tendencję spadkową z poziomu 72 do 39%. Natomiast na terenie Niemiec i Rosji obserwowano średni do wysokiego poziomu wirulencji korespondującej z tymi genami. W przypadku genu *Lr38* niską wartość zanotowano w Niemczech. Izolaty wirulentne wobec *LrW* pojawiły się na terenie Niemiec i Rosji, gdzie ich frekwencja osiągnęła poziom 81–100% (Martinez i in., 2005; Goyeau i in., 2006; Lind, Gultyaeva, 2007; Hanzalova, 2010; Hanzalova i in., 2010).

W omawianym okresie badań obserwowano dalszy wzrost udziału wirulentnych izolatów *Puccinia triticina* pochodzących z zasiewów pszenicy w stosunku do genu *Lr1*, który przez wiele lat był wysoce efektywny (Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009). Frekwencja wirulencji korespondującej z tym genem sukcesywnie wzrasta począwszy od 2006 roku (21%), do chwili obecnej 83–86% (tab. 2). Wzrost udziału wirulentnych izolatów w stosunku do tego genu notowano także w Czechach, Niemczech, Rosji, na Słowacji i Węgrzech, gdzie przez pewien okres czasu poziom wirulencji korespondującej z tym genem był średni lub niski, zaś w ostatnich latach wyniósł 70–100%. Wzrost poziomu wirulencji prawdopodobnie może mieć związek z postulowaną obecnością tego genu w różnych odmianach europejskich między innymi w popularnej czeskiej odmianie Vlada i niemieckich odmianach Cortez i Limes (Manninger, 2006; Pathan, Park, 2006; Lind, Gultyaeva, 2007; Hanzalova, 2010; Hanzalova i in., 2010).

W porównaniu do poprzedniego okresu badań obserwowano spadek poziomu wirulencji w stosunku do genu *Lr26*, od średniego poziomu 60% w latach 2002–2007 do 11–14% obecnie (tab. 2). Obniżenie poziomu wirulencji wobec tego genu notowano także w Niemczech. We Francji i Hiszpanii częstotliwość izolatów wirulentnych w stosunku do *Lr26* była niska 7–12% natomiast w Czechach, Słowacji, Litwie, Rosji i na Węgrzech oscylowała w zakresie 36–94%.

Tabela 2

Częstotliwość wirulentnych izolatów *Puccinia triticina* na liniach izogenicznych z genami *Lr* w Polsce
Frequency of Polish *P. triticina* isolates virulent on isogenic lines with *Lr* resistance genes

Gen <i>Lr</i> <i>Lr</i> gene	Częstość izolatów wirulentnych z pszenicy (%) Frequency of virulent isolates from wheat (%)			Częstość izolatów wirulentnych z pszenżyta (%) Frequency of virulent isolates from triticale (%)		
	lata — years					
	2008	2009	2010	2008	2009	2010
<i>Lr1</i>	86	84	83	0	48	19
<i>Lr2a</i>	2	14	24	18	13	33
<i>Lr2b</i>	8	14	14	87	50	67
<i>Lr2c</i>	41	29	20	91	67	75
<i>Lr3</i>	86	78	77	11	45	31
<i>Lr9</i>	0	33	79	0	37	72
<i>Lr10</i>	100	89	100	100	83	100
<i>Lr11</i>	100	83	91	100	73	89
<i>Lr12</i>	100	95	67	100	92	100
<i>Lr13</i>	100	94	100	100	83	100
<i>Lr14a</i>	100	90	100	100	88	100
<i>Lr14b</i>	100	83	100	100	92	100
<i>Lr15</i>	96	81	80	53	68	55
<i>Lr16</i>	100	90	86	100	77	52
<i>Lr17</i>	90	81	86	7	42	35
<i>Lr18</i>	47	39	71	29	38	52
<i>Lr19</i>	0	0	0	0	0	0
<i>Lr20</i>	8	51	61	2	28	17
<i>Lr21</i>	100	78	79	100	72	80
<i>Lr22</i>	100	88	86	100	95	91
<i>Lr23</i>	0	18	52	0	17	36
<i>Lr24</i>	0	36	58	0	28	53
<i>Lr25</i>	8	53	71	9	68	84
<i>Lr26</i>	14	11	11	75	43	60
<i>Lr28</i>	53	51	65	48	45	47
<i>Lr29</i>	100	66	82	80	68	63
<i>Lr30</i>	100	88	100	100	88	100
<i>Lr32</i>	100	89	100	100	95	100
<i>Lr33</i>	100	91	100	100	88	100
<i>Lr34</i>	100	80	100	100	82	100
<i>Lr35</i>	100	95	100	100	92	100
<i>Lr37</i>	100	89	100	100	85	100
<i>Lr38</i>	26	31	18	11	15	21
<i>Lr44</i>	80	63	85	55	42	77
<i>LrB</i>	100	78	81	100	88	66
<i>LrB</i>	100	73	68	100	85	69
<i>LrW</i>	0	26	9	0	27	7
<i>LrTc</i>	100	100	100	100	100	100
Liczba izolatów Number of isolates	51	80	66	44	60	75

Wiele odmian pszenicy ozimej zrejonizowanych w tych krajach charakteryzuje się odpornością warunkowaną tym genem, między innymi odmiany czeskie (Orlando, Sparta), słowackie (Bonita, Rapsodia, Sana), węgierskie (MV Magdalena, MV Palma) co niewątpliwie wpłynęło na taką frekwencję wirulencji (Liatukas, 2003; Martinez i in., 2005; Goyeau i in., 2006; Manninger, 2006; Pathan, Park, 2006; Lind, Gultyaeva, 2007;

Hanzalova, 2010; Hanzalova i in., 2010). Analizując populacje izolatów *Puccinia triticina*, pochodzącą z zasiewów pszenżyta, należy stwierdzić, że wobec genów: *Lr1*, *Lr2a*, *Lr3*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr38* i *LrW* podobnie jak w poprzednim okresie badawczym notowano niską i średnią częstotliwość wirulencji 2–48%. Natomiast frekwencja wirulencji korespondującej z genami *Lr15*, *Lr26* i *Lr28* sukcesywnie wzrasta począwszy od 15–28% w latach ubiegłych do 48–75% obecnie (tab. 2).

Według badań Manninger (2006) prowadzonych w latach 1999–2004 na Węgrzech na zasiewach pszenżyta zidentyfikowano izolaty *Puccinia triticina* charakteryzujące się znaczną wirulencją tylko wobec genów: *Lr2b*, *Lr2c* i *Lr11*. W Polsce, jak wynika z naszych badań częstotliwość wirulencji korespondującej z tymi genami wynosiła od 50–100% (tab. 2)

W poprzednich latach w krajowej populacji *Puccinia triticina* nie notowano wirulencji korespondującej z genami *Lr9*, *Lr23*, *Lr24* i *Lr25* (Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009). W 2008 roku w obydwu populacjach *Puccinia triticina* odnotowano izolaty wirulentne wobec genu *Lr25* przy czym częstość wirulencji była niska 8–9%, w kolejnych dwóch latach badań stopniowo wzrastała do poziomu 71–84% (tab. 2). Wirulencję wobec tego genu zanotowano także na terenie Niemiec 25–53%, Litwy 14–22% i Rosji ok. 6% (Liatukas, 2003; Lind, Gultyaeva, 2007).

Izolaty korespondujące z genami *Lr9*, *Lr23* i *Lr24* odnotowano po raz pierwszy w krajowej populacji patogena w 2009 roku. Zakres częstotliwości wirulencji dla *Lr9* i *Lr24* początkowo kształtował się od 28 do 37%, w przypadku *Lr23* częstotliwość wynosiła 17–18%. W 2010 roku zanotowano gwałtowny wzrost poziomu wirulencji korespondującej z genem *Lr9* do 72–79%, natomiast dla genów *Lr23* i *Lr24* zakres częstotliwości wirulencji kształtował się od 36 do 58% (tab. 2).

Badania prowadzone na przestrzeni lat na terenie Europy wykazały zmienne zakresy częstotliwości wirulencji wobec genów *Lr9*, *Lr23* i *Lr24* w poszczególnych krajach i latach.

Najwyższy zakres wirulencji (78–100%) wobec genu *Lr9* obserwowano już w latach osiemdziesiątych w Hiszpanii, podczas gdy w ostatnich latach nie notowano wirulencji w tym kraju w stosunku do tego genu (Martinez i in., 2005). Pod koniec lat dziewięćdziesiątych na terenie Niemiec częstotliwość wirulencji dla *Lr9* wynosiła 9% (Gultyaeva i in., 2000), zaś w ostatnich latach na terenie Słowacji ok. 3% (Hanzalova i in., 2010).

Częstotliwość wirulencji wobec genu *Lr23* w większości krajów europejskich utrzymywała się na poziomie 47–100%, natomiast na terenie Francji i Litwy była niska 0–32%. Wirulencja wobec *Lr24* notowana była w Bułgarii, Czechach, Niemczech, na Słowacji i w Rumunii, przy czym zakres wirulencji wynosił od 7 do 46% (Mesterhazy i in., 2000; Liatukas, 2003; Lind, Gultyaeva, 2007; Hanzalova i in., 2010).

Geny *Lr9*, *Lr23*, *Lr24* i *Lr25* nie występują powszechnie w obecnie uprawianych odmianach europejskich, wyjątek stanowi niemiecka odmiana Tybalt, której odporność kontrolowana jest genem *Lr9*, zatem można przypuszczać, że zmiany poziomu wirulencji wobec tych genów mogą być spowodowane chorobotwórczym oddziaływaniem populacji rdzy z jednego kraju na drugi (Pathan, Park, 2006, Hanzalova i in., 2010)

Aktualnie jedynie gen *Lr19* pochodzący z *Agropyron elongatum*, podobnie jak w latach ubiegłych należy nadal do wysoce skutecznych na populację *Puccinia triticina* występującą na zasiewach pszenicy i pszenżyta w Polsce. Mimo to nie jest on szeroko rozpowszechniony w odmianach europejskich, prawdopodobnie ze względu na sprzężenie z genem warunkującym żółte zabarwienie mąki. Postuluje się jego obecność w odmianie słowackiej Bona Dea, szwedzkiej Sunnan i rosyjskich: Saratovskaya 29, Samara i Volgogradskaya. Niską częstotliwość wirulencji korespondującej z genem *Lr19* zanotowano w Czechach, Niemczech, Rosji i na Ukrainie (Elyasi-Gomari, Panteleev, 2006; Martynov, Dobrotvorskaya, 2006; Lind, Gultyaeva, 2007; Hanzalova, 2010).

Populacja *Puccinia triticina* jest złożona, występuje w niej wiele patotypów, które charakteryzują się różnymi kombinacjami wirulencji / awirulencji w stosunku do linii z genami *Lr*. W latach 2008–2010 dominujące patotypy w obydwu populacjach stanowiły 2–7,6% (tab. 3 i 4).

Tabela 3

Patotypy rdzy brunatnej *Puccinia triticina* z pszenicy występujące z większą częstotliwością w latach 2008–2010

Pathotypes of wheat leaf rust <i>P. triticina</i> from wheat prevalent in 2008–2010		
Patotyp Pathotype	Wirulencja/gen <i>Lr</i> Virulence/ <i>Lr</i> gene	Średnia frekwencja z lat 2008–2010 (%) Average frequency in 2008–2010 (%)
12720	<i>Lr1, Lr3, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21</i>	7,6
12724	<i>Lr1, Lr3, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr28</i>	6,1
12725	<i>Lr1, Lr3, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr24, Lr28</i>	2,0
13724	<i>Lr1, Lr2c, Lr3, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr28</i>	2,5
16724	<i>Lr1, Lr3, Lr9, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr28</i>	2,0
17724	<i>Lr1, Lr2c, Lr3, Lr9, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr28</i>	2,0
36725	<i>Lr1, Lr2a, Lr3, Lr9, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr24, Lr28</i>	2,0
Ogółem Total		24,2

W populacji z pszenicy patotypy: 12720 i 12724 wystąpiły z większą częstotliwością 6,1–7,6% (tab. 3). Ich charakterystyczną cechą jest wirulencja wobec genów *Lr1, Lr3, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21*, a także awirulencja w stosunku do *Lr26*. Patotypy podobne pod względem wirulencji notowano również w poprzednich latach w Polsce, Czechach, Rosji i na Słowacji (Woźniak-Strzembicka, 2003; Lind, Gultyaeva, 2007; Woźniak-Strzembicka, Czajowski, 2009; Hanzalova, 2010; Hanzalova i in., 2010).

W populacji z pszenżyta największą frekwencję zanotowano w przypadku patotypów 41122 i 41126 (3,9–4,5%) (tab. 4). Warto zaznaczyć, że podobne patotypy notowano także w poprzednich latach w Polsce. Wspólną cechą patotypów pszenżytnich jest m.in. wirulencja wobec genów: *Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr21*, a także w większości przypadków awirulencja wobec *Lr1* i *Lr3*. Patotypy o podobnej strukturze wirulencji notowano również na Węgrzech (Manniger, 2006). Istotną kwestią jest fakt wystąpienia w Polsce w obydwu populacjach *Puccinia triticina* patotypów charakteryzujących się wirulencją wobec dotychczas efektywnych genów odporności: *Lr9, Lr23, Lr24* i *Lr25*.

Tabela 4

Patotypy rdzy brunatnej *Puccinia triticina* z pszenżyta występujące z większą częstotliwością w latach 2008–2010

Pathotypes of wheat leaf rust *P. triticina* from triticale prevalent in 2008–2010

Patotyp Pathotype	Wirulencja/gen <i>Lr</i> Virulent/ <i>Lr</i> gene	Średnia frekwencja z lat 2008–2010 (%) Average of frequency in 2008–2010 (%)
05320	<i>Lr2c, Lr9, Lr11, Lr15, Lr21</i>	2,0
41122	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr21, Lr26</i>	4,5
41124	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr21, Lr28</i>	2,2
41126	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr21, Lr26, Lr28</i>	3,9
41322	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr15, Lr21, Lr26</i>	2,8
41324	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr15, Lr21, Lr28</i>	2,2
41326	<i>Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr15, Lr21, Lr26, Lr28</i>	2,0
45362	<i>Lr2b, Lr2c, Lr9, Lr11, Lr15, Lr21, Lr23, Lr26</i>	2,0
45723	<i>Lr2b, Lr2c, Lr9, Lr11, Lr15, Lr17, Lr21, Lr24, Lr26</i>	2,0
55526	<i>Lr1, Lr2b, Lr2c, Lr9, Lr11, Lr17, Lr21, Lr26, Lr28</i>	2,0
61326	<i>Lr2a, Lr2b, Lr2c, Lr11, Lr15, Lr21, Lr26, Lr28</i>	2,0
65327	<i>Lr2a, Lr2b, Lr2c, Lr9, Lr11, Lr15, Lr21, Lr24, Lr26, Lr28</i>	2,0
67123	<i>Lr2a, Lr2b, Lr2c, Lr3, Lr9, Lr11, Lr21, Lr24, Lr26</i>	2,0
Ogółem Total		31,6

Większość zidentyfikowanych w Polsce patotypów stwierdzono w populacjach patogena w innych krajach europejskich. Według badaczy dominujące w krajach europejskich w populacji *Puccinia triticina* patotypy mogą stanowić od kilku do kilkunastu % populacji. Jednak w większości, populacja patogena złożona jest z wielu patotypów, których frekwencja jest bardzo niska. Te dane wskazują na dużą genetyczną różnorodność europejskiej populacji tego gatunku grzyba, szczególnie dotyczy to południowo-wschodnich rejonów Europy (Mesterhazy i in., 2000).

PODSUMOWANIE

Wspomniane wyniki analizy struktury obydwu populacji *Puccinia triticina* wskazują na zmiany w częstotliwości wirulencji korespondującej z głównymi genami odporności *Lr* w stosunku do poprzedniego okresu badań.

Odnotowano pojawienie się nowych patotypów w krajowej populacji *Puccinia triticina* charakteryzujących się wirulencją wobec dotychczas skutecznych genów odporności: *Lr9*, *Lr23*, *Lr24* i *Lr25*, zatem odporność przeciwko nim powinna być uwzględniona w każdym obiecującym materiale wyjściowym dla potrzeb hodowli odpornościowej.

LITERATURA

- Arseniuk E., Woś E., Woźniak-Strzembicka A. 2000. Aspect of triticale diseases research in Poland. Vortr. Pflanzenzüchtg. 49: 63 — 72.
- Browder L. E. 1980. A compendium of information about named genes for low reaction to *Puccinia recondita* in wheat Crop Sci. vol. 20: 775 — 779.
- Elyasi-Gomari S., Panteleev V. K. 2006. Virulence polymorphism of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* and effectiveness of *Lr* genes for leaf rust resistance of wheat in Ukraine. Plant Dis. 90: 853 — 857.

- Goyeau H., Park R., Schaeffer B., and Lannou C. 2006. Distribution of pathotypes with regard to host cultivars in French wheat leaf rust populations. *Phytopatology* 96: 264 — 273.
- Gulyaeva E., Walther U., Kopahnke D., Mikhailova L. 2000. Virulence of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Germany and European part in Russia in 1996—1999. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica* 35: 409 — 420.
- Hanzalova A., Huszar J., Hervova E., Bartos P. 2010. Physiologic specialization of wheat leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks.) in the Slovak Republic in 2005, 2006 and 2008. *Czech J. Genet. Plant Breed.* 46 (3): 114 — 121.
- Hanzalova A. 2010. Physiologic specialization of wheat leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks.) in the Czech Republic in 2005–2008. *Cereal Research Communications* 38 (3): 366 — 374.
- Liatukas Z. 2003. Virulence of winter wheat leaf rust isolates. *Biologija* 1: 77 — 80.
- Lind V., Gulyaeva E. 2007. Virulence frequencies of *Puccinia triticina* in Germany and the European Regions of the Russian Federation. *J. Phytopathology* 155: 13 — 21.
- Manninger K. 2006. Physiological specialization of *Puccinia triticina* on wheat and triticale in Hungary in 2004. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica* 41: 93 — 100.
- Martinez F., Sillero J. C., Rubiales D. 2005. Pathogenic specialization of *Puccinia triticina* in Andalusia from 1998 to 2000. *Phytopatology* 153: 344 — 349.
- Martynov S. P., Dobrotvorskaya I. V. 2006. Wheat — pedigree and identified alleles of genes. Available at <http://vurv.cz>.
- McIntosh R. A., Wellings C. R., Park R. F. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. CSIRO. Australia. Kluwer Acad. Publ., Dordrecht: 200 pp.
- Mesterhazy A., Bartos P., Goyeau H., Niks R. E., Csosz M., Andersen O., Casulli F., Ittu M., Jones E., Manisterski J., Manninger K., Pasquini M., Rubiales D., Schachermayr G., Strzembicka A., Szunics L., Todorova M., Unger O., Vanco B., Vida G., Walther U. 2000. European virulence survey for leaf rust in wheat. *Agronomie* 20: 793 — 804.
- Park R. F., Felsenstein F. G. 1998. Physiological specialization and pathotype distribution of *Puccinia recondita* in western Europe, 1995. *Plant Pathology* 47: 157 — 164.
- Pathan A. K., Park R. F. 2006. Evaluation of seedling and adult plant resistance to leaf rust in European wheat cultivars. *Euphytica* 149: 327 — 342.
- Roelfs A. P., Singh R. O., Saari E. E. 1992. Rust Disease of wheat. Concepts and methods of disease management. CIMMYT Mexico: 81 pp.
- Sayre K. D., Singh R. P., Huertaespino J., Rajaram S. 1998. Genetic progress in reducing losses to leaf rust in CIMMYT — derived Mexican spring wheat cultivars. *Crop Sci.* 38: 654 — 659.
- Woźniak-Strzembicka A. 2003. Wirulencja populacji (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) w Polsce w latach 1998 — 2001. *Biul. IHAR* 230: 109 — 115.
- Woźniak-Strzembicka A., Czajowski G. 2009. Wirulencja populacji *Puccinia triticina* w Polsce w latach 2002–2007. *Biul. IHAR* 253: 175 — 183.

KINGA MYSZKA
BEATA KAMIŃSKA
ANNA FRAŚ
MAGDALENA PLOCH
DANUTA BOROS

Samodzielna Pracownia Oceny Jakości Produktów Roślinnych
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB w Radzikowie

Metoda Dumasa alternatywną metodą oznaczania białka w produktach roślinnych — badania porównawcze z metodą Kjeldahla

Dumas method as an alternative approach for determining protein contents of plant products — comparative study with Kjeldahl method

Wzrastające wymagania jakościowe dotyczące znajomości zawartości białka w różnych surowcach roślinnych jak również w żywności i paszach spowodowały szersze użycie metody Dumasa, która jest metodą nawet starszą niż powszechnie od lat stosowana metoda Kjeldahla. Celem badań było porównanie wyników zawartości białka w 138 próbkach ziarna trzech rodzajów zbóż, pszenicy, owsa i jęczmienia oraz 4 próbkach śruty rzepakowej i jednej sojowej, wyprodukowanych w warunkach polskich, uzyskanych tymi dwiema metodami standardowymi. Stwierdzono wysoką korelację między wynikami otrzymanymi metodą Dumasa i Kjeldahla, wynoszącą 0,9983 dla całego materiału badawczego. Wyniki uzyskane metodą Dumasa były średnio o 0,46 jednostki procentowej wyższe, aniżeli te otrzymane metodą Kjeldahla, co stanowiło 2,4%, jednakże różnice pomiędzy metodami zależały od rodzaju badanego produktu roślinnego. Stwierdzone wysokie korelacje między wynikami otrzymanymi tymi dwiema metodami wskazują, iż metoda Dumasa z powodzeniem może być stosowana, jako metoda alternatywna do badania ziarna zbóż, śruty rzepakowej i sojowej, na zawartość białka.

Słowa kluczowe: azot ogólny, metoda Dumasa, metoda Kjeldahla, śruta rzepakowa, śruta sojowa, ziarno zbóż

Increased qualitative demand for the knowledge of protein contents in various plant products as well in foods and feeds has led to wider used of the Dumas method, which is even older technique than commonly employed Kjeldahl procedure. Aim of the study was to compare the results of protein contents of 138 samples of cereal grains, such as wheat, barley and oat and 5 samples of meals produced from rapeseed and soybean in Polish agricultural conditions, obtained by the Kjeldahl and Dumas methods. Very high correlation coefficient was obtained between protein contents analysed with the Dumas and Kjeldahl methods, equal to 0.9983 for the entire material tested. However, the results obtained by Dumas method were, on average, by 0.46 percentage units higher than those analysed with Kjeldahl procedure. The differences between methods applied depended on the materials to be

analysed. These results suggest that Dumas method can be successfully used as an alternative method for testing content of protein in cereal grains and rapeseed and soybean meals.

Key words: cereal grains, Dumas method, Kjeldahl method, rapeseed meal, soybean meal, total nitrogen

WSTĘP

Poziom białka ogółem jest ważnym kryterium jakościowym zarówno w przypadku ziarna zbóż jak i nasion rzepaku oraz roślin strączkowych niezależnie od sposobu ich wykorzystania. W pszenicach chlebowych zawartość tego składnika jest cechą elementarną jakości ziarna, gdyż z wyższą zawartością białka w ziarnie wiąże się bezpośrednio jego wyższa wartość wypiekowa (Gąsiorowski, 2004; Shewry, 2007). Wysoka zawartość białka jest też cechą pożądaną w ziarnie zbóż pastewnych, nasionach, śrutach rzepakowych i sojowych, przeznaczonych do sporządzania mieszanek paszowych (Rakowska, 1978; Leeson i in., 1987; Hanczakowski i in. 2001; Krotz i in., 2008). Dla ułożenia w pełni zbilansowanych dawek pokarmowych dla różnych grup zwierząt gospodarskich dokładna znajomość zawartości białka w poszczególnych składnikach paszy jest koniecznością (NŻD, 1996; Gizzi i Givens, 2004). Odmienne wymagania pod względem zawartości białka są stawiane ziarnu jęczmienia browarnego, które jako surowiec do produkcji słoju wysokiej jakości powinno charakteryzować się zawartością tego składnika w ściśle określonym przedziale (Baca i Gołębiowski, 1997; Klockiewicz-Kamińska, 2005). Zawartość białka jest tak ważną cechą, że stała się wytyczną dla niektórych transakcji handlowych ziarna zbóż. Cena zakupu podlega podwyższeniu lub obniżeniu w zależności od faktycznej zawartości białka w ziarnie pszenicy zwyczajnej dostarczanym do magazynu/magazynów interwencyjnych. Minimalna zawartość białka w ziarnie tego gatunku zboża oferowanym do skupu interwencyjnego powinna wynosić 10,5 procent (strona internetowa Agencji Rynku Rolnego). Monitorowanie ilości białka musi, więc być wykonane z bardzo dużą dokładnością w celu prawidłowego ustalenia wartości użytkowej w/w produktów roślinnych.

Do tej pory metodą powszechnie używaną do bezpośredniego oznaczania białka w produktach roślinnych była wieloetapowa metoda Kjeldahla, używana od przeszło 120 lat (Kjeldahl, 1883), w której stosuje się agresywne substancje chemiczne, tj. stężony kwas siarkowy i stężoną zasadę sodową. Z tego względu metoda ta wymaga umiejętnego postępowania z pozostałościami w/w odczynników po analizie, aby zniwelować zagrożenie dla środowiska, a także zachowania dużej ostrożności w toku pracy przez osoby wykonujące samą analizę. W ostatnim czasie coraz częściej stosuje się zamiennie metodę równie starą (Dumas, 1831), lecz mniej rozpowszechnioną metodę Dumasa, całkowicie zautomatyzowaną, niewymagającą tak dużej, jak w przypadku metody Kjeldahla, ingerencji człowieka w analizę. Niewątpliwą zaletą metody Dumasa, poza znacznie krótszym czasem analizy, jest proekologiczne podejście do całego procesu oznaczania białka, a mianowicie wysokotemperaturowe spalanie próbki w układzie zamkniętym, z wykorzystaniem niegroźnych substancji redukujących, jak wolfram, miedź i jej tlenek oraz gazów, tlenu i dwutlenku węgla. Inną korzyścią stosowania tej metody jest brak potrzeby

składowania niebezpiecznych odpadów. Wraz z udoskonaleniem aparatury metoda Dumasa coraz częściej jest stosowana jako metoda alternatywna oznaczania białka w wielu laboratoriach na świecie (Williams i in., 1998; Watson i Galliher, 2001). Celem naszych badań było porównanie wyników zawartości białka w różnych materiałach roślinnych wyprodukowanych w warunkach polskich uzyskanych dwiema metodami standardowymi, metodą Kjeldahla i metodą Dumasa.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło ziarno 138 odmian i linii hodowlanych trzech gatunków zbóż: 38 pszenicy zwyczajnej (*Triticum vulgare* L.), 83 owsa zwyczajnego (*Avena sativa* L.), w tym 39 form oplewionych i 39 form obłuszczonych oraz 5 form nagich, 17 jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.). Dodatkowym materiałem analitycznym były cztery próbki śruty rzepakowej i jedna śruty sojowej. Wszystkie próbki materiału roślinnego zmielono na młynku laboratoryjnym Cyclotec wyposażonym w sita o średnicy oczek 0,5 mm.

W materiale badawczym oznaczono zawartość azotu w przeliczeniu na białko ogólne metodą Kjeldahla z wykorzystaniem aparatu Kjeltec Auto 1030 Analizer (Tecator, Szwecja) oraz metodą Dumasa na aparacie Rapid N Cube (Elementar, Niemcy).

W metodzie Kjeldahla 1 g próbki zmielonego ziarna zbóż lub 0,5 g śruty rzepakowej bądź sojowej mineralizowano w kolbach destylacyjnych przez 1 godzinę w temperaturze 420°C stężonym kwasem siarkowym z dodatkiem katalizatorów celem przekształcenia całego azotu w jony amonowe i następnie związanie ich w siarczan amonu. Zmineralizowane próbki przeniesiono do aparatu destylacyjnego, następnie dodano 40% zasadę sodową celem wyparcia amoniaku z siarczanu amonu i przetransportowania go z parą wodną do odbieralnika zawierającego kwas borowy z domieszką indykatorów czułych na zmianę barwy pod wpływem amoniaku. Ilość amoniaku związanego w postaci boranu amonu zmiareczkowano standardowym roztworem kwasu solnego. Procedura powyższa jest zgodna z metodą standardową 925,10 wg AOAC (1995).

W metodzie Dumasa 250 mg próbki zmielonego materiału roślinnego spopielało w rurze spalania w temperaturze 960°C w obecności tlenu. W trakcie tego procesu azot zawarty w związkach organicznych zostaje przetworzony na tlenek azotu. Następnie po katalitycznym dopaleniu w temperaturze 800°C powodującym utlenianie oraz osuszeniu w P₂O₅, tlenek azotu jest redukowany do azotu cząsteczkowego na reduktorze (wolframem) i przenoszony za pomocą gazu nośnego, którym jest CO₂, do celi detektora przewodności cieplnej celem ilościowego oznaczenia. Po wprowadzeniu wartości naważki do komputera, za pomocą wzorów empirycznych przeliczono procentową zawartość azotu na zawartość białka. Oznaczenie azotu wg metody Dumas wykonano zgodnie z procedurą 990.03 wg AOAC (1995).

W obu metodach zastosowano ten sam współczynnik przeliczeniowy azotu na białko (%N × 6,25). Wszystkie wartości wyrażono w procentach suchej masy. Wyniki uzyskane obu metodami porównano obliczając współczynnik korelacji liniowej Pearsona.

WYNIKI I DYSKUSJA

Badania porównawcze wykonano ogółem na 143 próbach ziarna trzech zbóż, pszenicy, owsa i jęczmienia oraz śruty rzepakowej i sojowej. Tak różnorodny materiał roślinny użyty do badań był bardzo zróżnicowany pod względem zawartości białka ogółem, średnio od 10,5 do 42% (tab. 1). Spośród zbóż najniższymi zawartościami białka charakteryzowało się ziarno pszenicy zwyczajnej, w zakresie od 9,4–12,2%, najwyższymi ziarno owsa nagiego i obłuszczonego, w zakresie od 14,3–18,9%. Materiałem analizowanym o najwyższej zawartości białka były śruty rzepakowe, u których poziom białka wynosił od 40 do 47,2%.

Tabela 1
Zawartość białka w ziarnie różnych gatunkach zbóż oraz w śrutach rzepakowych i sojowej oznaczona metodą Kjeldahla i Dumasa Protein contents of various cereal grains and rapeseed and soybean meals obtained by the Kjeldahl and Dumas methods

Ziarno/śruta Grain/meal	Liczba próbek No of samples (n)	Białko (%SM) Protein (%DM)		Różnica Difference K & D	Błąd metody Method error (%)		Stosunek Ratio K/D
		Kjeldahl	Dumas		Kjeldahl	Dumas	
Jęczmień jary Spring barley	17	12,94 (12,17–13,79)*	13,48 (12,62–14,14)*	0,54	0,33	0,75	0,960
Pszenica zwyczajna Common wheat	38	10,54 (9,39–12,15)	11,08 (9,84–12,67)	0,54	0,33	0,83	0,951
Owies oplewiony Hulled oat	39	12,84 (11,69–14,66)	13,03 (11,79–15,20)	0,19	0,70	0,86	0,985
Owies nagi i obłuszczonego Naked and hulless oats	44	16,24 (14,31–18,88)	16,80 (14,62–19,54)	0,56	0,64	0,66	0,967
Śruta rzepakowa i sojowa Rapeseed and soybean meals	5	41,95 (37,1–47,21)	42,43 (37,79–47,76)	0,48	0,28	0,21	0,989
Wartość średnia Mean value		14,30	14,76	0,46	0,52	0,76	0,968

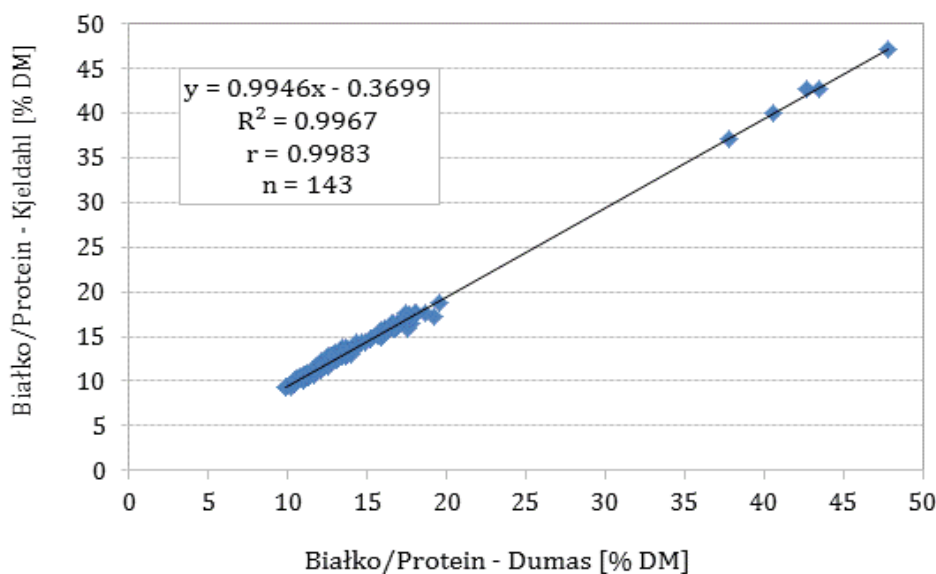
* W nawiasach podano zakres zmienności zawartości białka w badanych produktach roślinnych

* In brackets the range of protein contents in plant materials analysed is given

Wyniki zawartości białka uzyskane metodą Dumasa były średnio o 2,4 % wyższe niż te otrzymane metodą Kjeldahla, a rozbieżność w ilości tego składnika między metodami wynosiła 0,46 jednostki procentowej. Różnice w ilości białka pomiędzy metodami zależały również od rodzaju badanego produktu roślinnego. W przypadku ziarna pszenicy różnica w zawartości białka na korzyść metody Dumas wyniosła średnio 5,1% (0,54 jedn. procent.), jęczmienia 4,2% (0,54 jedn. procent.), owsa nagiego i obłuszczonego 3,4% (0,56 jedn. procent.). Natomiast w przypadku owsa oplewionego oraz śrut rzepakowych i sojowej różnica pomiędzy metodami była bardzo niewielka i wynosiła odpowiednio 1,5% oraz 1,1% (0,19 oraz 0,48 jedn. procent.). Wyniki przez nas uzyskane są zgodne z wynikami uzyskanymi przez innych autorów, przy czym różnica w ilości oznaczonego przez nich białka, ściślej azotu, tymi dwiema metodami była tym większa im więcej nie amonowych form azotu znajdowało się w materiale badawczym (Daun i DeClercq, 1994;

Simonne i in., 1997; Wiles i in., 1998; Williams i in., 1998; Watson i Galliher, 2001; Marco i in., 2002; Jung i in., 2003; Meller i in., 2007). W obu metodach składnikiem bezpośrednio oznaczanym jest azot i dopiero w ilości tego składnika wyliczany jest poziom białka ogółem. Do białka ogólnego zaliczane są wszystkie składniki zawierające azot, włączając składniki azotowe niebiałkowe. Różnica w zawartości białka w analizowanych produktach uzyskana między tymi dwiema metodami może być głównie związana ze stopniem odzyskania całkowitej ilości azotu w badanej próbce. W metodzie Kjeldahla mierzony jest ilościowo azot wchodzący w skład związków amonowych oraz azotowych związków organicznych, które łatwo dają się w trakcie mineralizacji próbki przekształcić w związki amonowe. Inne formy azotu występujące w materiałach roślinnych, jak azot w postaci wolnej, czy azotanów, azotanów oraz nitryli są bardziej efektywnie oznaczane w metodzie Dumasa (Williams i in., 1998; Möller, 2009).

Obie metody charakteryzują się podobnym błędem oznaczania, który wynosi średnio 0,56%, przy czym nieco większą dokładność analizy azotu wykazano w przypadku metody Kjeldahla (błąd poniżej 0,5), w porównaniu z metodą Dumasa (błąd poniżej 0,7%) (tab. 1). Być może jest to związane z 4-krotnie lub 2-krotnie niższą naważką próbki braną do analizy azotu w przypadku ziarna zbóż i śrut rzepakowych oraz sojowych w metodzie Dumasa, co jednocześnie wskazuje na konieczność bardzo dobrej homogenności próbek po zmieleniu jak również bardzo dokładnego ich naważenia.



Rys. 1. Zależność między zawartością białka (% SM) uzyskaną metodami Dumasa i Kjeldahla
Fig. 1. Relationship between protein contents (% DM) obtained by the Dumas and Kjeldahl methods

Porównując wyniki uzyskane metodą Dumasa i metodą Kjeldahla, stwierdzono wysoką zależność między nimi. Współczynnik korelacji liniowej Pearsona dla wartości

uzyskanych tymi dwiema metodami wynosił $r = 0,9983$ (rys. 1). Równie wysokie współczynniki korelacji ($r = 0,999$) uzyskali Watson i Galliher (2001) oraz Beljkaš i in. (2010) analizując ziarna różnych zbóż jak również śrutę sojową. Tak wysoka korelacja między wynikami otrzymanymi tymi dwiema metodami wskazuje, iż metoda Dumasa może być z powodzeniem stosowana, jako metoda alternatywna do badania ziarna zbóż i śruty rzepakowej i sojowej na zawartość białka. Wyliczone równanie regresji ($y = 0,9946x - 0,3699$, gdzie x — wartość dla białka oznaczona metodą Dumasa) umożliwi przeliczenie zawartości białka oznaczonego metodą Dumasa na wartości jakie można by uzyskać stosując metodę Kjeldahla (rys. 1). Równanie regresji może być wykorzystane do ekstrapolacji wyników w przypadku np. klasyfikowania nowych odmian jęczmienia browarnego w klasach jakości ustalonych dla zawartości białka oznaczonego metodą Kjeldahla.

Główną zaletą stosowania metody Dumasa w porównaniu z metodą Kjeldahla jest znacznie większa szybkość analizy i bezpieczne wykonanie całej procedury oznaczania azotu. Te same korzyści stosowania metody Dumasa były podnoszone przez innych autorów testujących tę alternatywną metodę oznaczania ilościowego azotu w ziarnie zbóż i produktach spożywczych (Williams i in. 1988; Watson i Galliher, 2001; Saint-Denis i Goupy, 2004; Beljkaš i in., 2010).

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

1. Wysoka korelacja między wynikami otrzymanymi dwiema metodami wskazuje na zasadność stosowania metody Dumasa jako metody alternatywnej do rutynowego oznaczania białka w różnych materiałach roślinnych, takich jak ziarna zbóż czy nasiona rzepaku i soi oraz śruty z nich otrzymane.
2. Z uwagi na wyższe wartości białka uzyskiwane metodą Dumasa koniecznym wydaje się opracowanie nowych norm dla poszczególnych klas jakości, w szczególności dla pszenicy zwyczajnej oraz dla jęczmienia jarego, dla których zawartość białka decyduje o ich wartości wypiekowej czy browarnej.

LITERATURA

- Agencja Rynku Rolnego. <http://www.arr.gov.pl>.
- AOAC. 1995. Official methods of analysis of the association of official analytical chemists, 16th ed. AOAC, Arlington, method 990.03 (Dumas).
- AOAC. 1995. Official methods of analysis of the association of official analytical chemists, 16th ed. AOAC, Arlington, method 925.10 (Kjeldahl).
- Baca E., Gołębiewski T. 1997. Nowe spojrzenie na wskaźniki warunkujące wartość technologiczną jęczmienia i słodu browarnego. *Przem. Ferm. Owoc. Warz.* 10: 18 — 22.
- Beljkaš B., Matić J., Milovanović I., Jovanov P., Mišan A., Šarić L. 2010. Rapid method for determination of protein content in cereals and oilseeds: validation, measurement uncertainty and comparison with the Kjeldahl method. *Accred. Qual. Assur.* 15: 555 — 561.
- Dumas, J. B. A. 1831. *Procédes de l'analyse organique*, *Ann. Chim. Phys.* 247: 198 — 213.
- Daun J.K., DeClercq D.R.. 1994. Comparison of combustion and Kjeldahl methods for determination of nitrogen in oilseeds. *J. Amer. Oil Chem. Soc.* 71 (10): 1069 — 1072.
- Gąsiorowski H. (red.). 2004. *Pszenica. Chemia i Technologia*. PWRiL, Poznań.

- Gizzi G., Givens D. I. 2004. Variability in feed composition and its impact on animal production. In: Assessing quality and safety of animal feeds. FAO Animal production and health, nr 160: 39 — 54.
- Hanczakowski P. 2001. Rośliny jako źródła białka. Podrozdział „Składniki pokarmowe i antyodżywcze występujące w roślinach” autor.: Hanczakowski, Koreleski i Wolski. Monografia wydana przez Instytut Zootechniki, Kraków — Balice: 11 — 19.
- Jung S., Rickert D. A., Deak N. A., Aldin E. D., Recknor J., Johnson L. A., Murphy P. A. 2003. Comparison of Kjeldahl and Dumas methods for determining protein contents of soybean products. J. Am. Oil Chem. Soc. 80 (12): 1169 — 1173.
- Kjeldahl J. Z. 1883. A new method for the determination of nitrogen in organic bodies. Analytical Chemistry 22: 366 — 382.
- Klockiewicz-Kamińska E. 2005. Metody oceny wartości browarnej i klasyfikacja jakościowa odmian jęczmienia. COBORU Słupia Wielka.
- Krotz L., Cicerci E., Giazzi G. 2008. Protein determination in cereals and seeds. Food Quality 15 (4): 37–39.
- Leeson S., Atteh J. O., Summers J. D. 1987. The replacement value of canola meal for soybean meal in poultry diets. Can J. Anim. Sci. 65: 151 — 158.
- Marco A., Rubio R., Compano R., Casals I. 2002. Comparison of the Kjeldahl method and a combustion method for total nitrogen determination in animal feed. Talanta 57 (5): 1019 — 1026.
- Meller E. L., Bimbo A. P., Barlow S. M., Sheridan B. 2007. Repeatability and reproducibility of determination of the nitrogen content of fishmeal by the combustion (Dumas) method and comparison with the Kjeldahl method: Interlaboratory study. J. AOAC International 90 (1): 6 — 21.
- Möller J. 2009. Kjeldahl — still going strong. In: Focus 33: 14 — 16.
- Normy żywienia drobiu. 1996. Praca zbiorowa pod red. S. Smulikowskiej. Wyd. IFŻŻ im. J. Kielanowskiego PAN, Jabłona.
- Rakowska M. 1978. Propozycje standaryzacji metod analitycznych i biologicznych do oceny materiału roślinnego w pracach nad selekcją nowych odmian roślin uprawnych o podwyższonej zawartości i jakości białka. Biul. IHAR 133: 97 — 114.
- Saint-Denis T., Goupy J. 2004. Optimization of a nitrogen analyser based on the Dumas method. Analytica Chimica Acta 515(1): 191 — 198.
- Simonne AH, Simonne EH, Eitenmiller RR, Mills HA, Cresman III CP. 1997. Could the Dumas method replace the Kjeldahl digestion for nitrogen and crude protein determinations in foods? J. Sci. Food Agric. 73:39–45.
- Shewry P. R., 2007. Improving the protein content and composition of cereal grain. J. Cereal Sci. 46: 239–250.
- Watson M. E., Galliher T. L. 2001. Comparison of Dumas and Kjeldahl methods with automatic analyser on agricultural samples under routine rapid analysis conditions. Commun. Soil Sci. Plant Anal. 32: 2007 — 2019.
- Wiles P. G., Gray I. K., Kissling R. C. 1998. Routine analysis of proteins by Kjeldahl and Dumas methods: review and interlaboratory study using dairy products. J. AOAC International, 81: 620 — 632.
- Williams P., Sobering D., Antoniszyn J. 1998. Protein testing methods. In: Fowler D.B., Geddes W.E., Johnston A.M, Preston K.R. (eds.) Wheat protein production and marketing. Proc. of the Wheat Protein Symposium. 9–10 March 1998. Univ. Extension Press. Univ. of Saskatchewan, Saskatoon, Canada: 37 — 47.

SYLWIA KACZMAREK¹

KINGA MATYSIAK

PRZEMYSŁAW KARDASZ

¹ Zakład Herbologii i Techniki Ochrony Roślin

Instytut Ochrony Roślin — PIB, Poznań

Porównanie efektu stosowania mieszaniny tritosulfuronu z dikambą w pszenicy, jęczmieniu i owsie uprawianych w siewach czystych oraz mieszankach dwugatunkowych

Comparison of the tritosulfuron + dicamba application effect in wheat, barley and oat cultivated in monocrops and in two-species mixture

Ścisłe doświadczenia polowe wykonano w latach 2005–2007 na terenie Stacji Doświadczalnej w Winnej Górze, należącej do Instytutu Ochrony Roślin — PIB w Poznaniu. Celem prowadzonych badań było porównanie skuteczności chwastobójczej mieszaniny tritosulfuron + dikamba (Mocarz 75 WG) w pszenicy jarej odmiany Bryza, jęczmieniu jarym odmiany Antek oraz owsie odmiany Cwał wysiewanych w siewach czystych i w dwugatunkowych mieszankach. Herbicyd Mocarz 75 WG zastosowano w dawce 0,2 kg·ha⁻¹ w fazie 3–5 liści zbóż plecakowym opryskiwaczem Gloria. Analizę zachwaszczenia łąnu zbóż wykonywano metodą ilościowo-wagową, dwukrotnie w okresie wegetacji (3–4 tygodni po zabiegu oraz 7–8 tygodni po zabiegu). Skuteczność działania herbicydu w mieszankach porównywano z jego efektywnością w siewach czystych poszczególnych gatunków. Z przeprowadzonych analiz wynika, że z badanych mieszanek w najmniejszym stopniu zachwaszczona była mieszanka jęczmienia z owsem, a w największym pszenicy z owsem. Potwierdzono, że mieszanki pszenicy z jęczmieniem, pszenicy z owsem oraz jęczmienia z owsem wpływają na redukcję zachwaszczenia. Ponadto wykazano wyższą skuteczność działania mieszaniny tritosulfuron + dikamba w mieszankach w porównaniu do siewów czystych poszczególnych komponentów. Plony ziarna zbóż w mieszankach z udziałem pszenicy istotnie przewyższały plony pszenicy w siewie czystym, natomiast plony mieszanki jęczmienia z owsem plonowały wyżej niż oba gatunki wysiewane pojedynczo.

Słowa kluczowe: *Avena* L., herbicydy, *Hordeum* L., jare mieszanki zbożowe, *Triticum* L.

Field experiments were carried out in 2005–2007 in the Experimental Station at Winna Góra, belonging to the Institute of Plant Protection — National Research Institute in Poznań. The aim of this study was to compare the efficacy of the herbicide mixtures tritosulfuron + dicamba (Mocarz 75 WG) in spring wheat variety Bryza, spring barley var. Antek and oat var. Cwał, sown separately and in cereal mixtures. Mocarz 75 WG herbicide was applied at a dose of 0.2 kg·ha⁻¹ in the 3–5 leaf stage of cereals, using knapsack sprayer Gloria. Analysis of weed infestation of cereals were made by volume-weight assessment, twice during the growing season (3–4 weeks after herbicide application and 7–8 weeks

after application). The efficacy of the herbicide in the cereal mixtures was compared with its effectiveness in the individual species. Analyses indicated that the barley-oat mixtures were the slightest and wheat-oat mixtures were the most infested by weeds. It was confirmed that a mixture of wheat and barley, wheat and oat and barley with oat reduced the influence of weed infestation. The higher efficacy of the mixture tritosulfuron + dicamba in cereal mixtures compared to the individual components was also indicated. Grain yields of cereals in mixtures with wheat as a component were significantly higher than in pure stands of wheat, while the yields of barley and oat mixture yielded higher than the two species sown alone.

Key words: *Avena* L., herbicides, *Hordeum* L., spring cereal mixtures, *Triticum* L.

WSTĘP

Uprawa roślin w mieszankach, zarówno międzygatunkowych, jak i międzyodmianowych uważana jest za naturalny, sprzyjający środowisku sposób regulacji zachwaszczenia, który może przyczynić się do redukcji kosztów poniesionych na ochronę, jak również zmniejszyć ryzyko zanieczyszczenia środowiska oraz produktów żywnościowych pozostałościami substancji aktywnych herbicydów. Uprawa zbóż w formie mieszanek może okazać się również bardzo dobrą alternatywą dla zbyt dużego udziału zbóż w strukturze zasiewów (ok. 80%). W dostępnej literaturze można znaleźć wiele dowodów na potwierdzenie licznych zalet uprawy roślin w zasiewach mieszanych. Spośród nich wymienia się chociażby: zwiększony potencjał plonowania w porównaniu do roślin w siewach czystych (Rudnicki, 1994; Rudnicki i Wasilewski, 1993 a; Taylor, 1978), efektywniejsze zdolności pobierania składników pokarmowych, pełniejsze wykorzystanie nawozów oraz wody, mniejszym porażeniem przez choroby i szkodniki, jak również znaczną konkurencją wobec chwastów (Budzyński i Szempliński 2003; Gacek i in., 2000). Jak podają Adamczewski i Dobrzański (1997) kształtowanie zagęszczenia ładu roślin uprawnych, czyli wykorzystanie ich potencjału konkurencyjnego jest jednym z ważniejszych elementów wykorzystywanym w celu regulacji zachwaszczenia. Szkodliwość występujących gatunków chwastów maleje wraz ze zwiększającym się zagęszczeniem rośliny uprawnej na jednostce powierzchni, dlatego też w zwartych łąkach mieszanych, dobrze zacieniających powierzchnię gleby potrzeba zwalczania chwastów będzie mniejsza.

Hipoteza pracy zakładała, że w konsekwencji uprawy zbóż w mieszankach, dzięki wykorzystaniu ich naturalnych zdolności konkurencyjnych względem chwastów, zastosowanie herbicydu będzie w tych uprawach skuteczniejsze w porównaniu z jego działaniem w siewach czystych poszczególnych gatunków zbóż.

Celem pracy była ocena skuteczności mieszaniny tritosulfuron + dikamba w ograniczeniu zachwaszczenia zbóż jarych uprawianych w siewach czystych oraz w dwugatunkowych mieszankach.

MATERIAŁ I METODY

Ścisłe doświadczenia polowe wykonane zostały w latach 2005–2007 w Terenowej Stacji Doświadczalnej w Winnej Górze, należącej do Instytutu Ochrony Roślin — PIB w Poznaniu. Poletka doświadczalne o powierzchni 16,5 m² rozmieszczone zostały

w układzie split-plot w czterech powtórzeniach, z dwoma czynnikami: I — dawka herbicydu ($0 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ i $0,2 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$), II — sposób uprawy zbóż (siew czysty lub mieszany). Doświadczenie przeprowadzono na glebie zaliczanej do kompleksu żyniego dobrego, glebie płowej wytworzonej z piasków gliniastych lekkich, zalegających na glinie lekkiej klasy bonitacyjnej IVa (rok 2005) oraz na glebie kompleksu pszennego dobrego, glebie płowej wytworzonej z piasków gliniastych mocnych, zalegających na glinie średniej, klasy bonitacyjnej IIIa (lata 2006 i 2007).

W badaniach oceniano skuteczność stosowania substancji tritosulfuron + dikamba (Mocarz 75 g — $0,2 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) w mieszkankach zbóż jarych w porównaniu do siewów czystych poszczególnych komponentów. Efekt działania herbicydu rozpatrywano również na tle obiektów kontrolnych. Przedmiotem badań była pszenica jara odmiany Bryza, jęczmień jary odmiany Antek oraz owies odmiany Cwał. Zabiegi herbicydowe wykonano w fazie 3–5 liści zbóż jarych (13–15 wg skali BBCH) plecakowym opryskiwaczem Gloria z rozpylaczami typu Tee Jet XR11003, o pojemności zbiornika opryskiwacza 4 dm^3 , przy ciśnieniu 1,5 bar oraz wydatku cieczy opryskowej $200 \text{ dm}^3 \cdot \text{ha}^{-1}$.

Analizę zachwaszczenia wykonano metodą ilościowo-wagową, w obrębie powierzchni próbnej każdego poletka wyznaczonego ramką o wymiarach $25 \text{ cm} \times 50 \text{ cm}$ w dwóch losowo wybranych miejscach. Analizę przeprowadzono dwukrotnie w ciągu okresu wegetacji zbóż — po 3–4 tygodniach licząc od terminu zabiegu (37–39 wg skali BBCH) oraz 7–8 tygodni po zabiegu (73–75 wg skali BBCH), a uzyskane wyniki przeliczono na powierzchnię 1 m^2 . Po zbiorze określono plon ziarna przy standardowej wilgotności ziarna 14%.

Wyniki badań poddano analizie statystycznej, zgodnie z modelem doświadczenia, w programie FR — ANALWAR — 4.3, którego autorem jest profesor Franciszek Rudnicki (Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy). Istotność różnic określono za pomocą półprzedziału ufności Tukeya, przy poziomie istotności $p = 0,05$.

Przebieg warunków pogodowych określono na podstawie pomiarów wykonanych w polowej stacji meteorologicznej mieszczącej się na terenie Stacji Doświadczalnej w Winnej Górze (tab. 1).

Tabela 1

Średnia temperatura powietrza (°C) i miesięczne sumy opadów w okresie wegetacji zbóż jarych w latach 2005–2007
Average air temperature (°C) and monthly rainfall (mm) during cereal vegetation season in the years 2005–2007

Lata Years	IV	V	VI	VII	VIII	Średnio/Suma IV–VIII Average/Sum IV–VIII
Temperatura — Temperature (°C)						
2005	9,3	13,9	17,6	20,7	17,9	15,9
2006	9,1	13,8	18,5	23,9	17,3	16,5
2007	9,8	14,7	18,7	18,5	18,5	16,1
Opady — Rainfall (mm)						
2005	26,8	67,5	4,4	45,2	65,9	209,8
2006	61,8	47,5	14,3	20,3	115,2	259,1
2007	13,0	78,6	88,0	136,3	62,1	378,0

Warunki meteorologiczne w latach prowadzonych badań były zróżnicowane. Najwięcej opadów atmosferycznych w sezonie wegetacyjnym zbóż jarych odnotowano w roku 2007 — 378,0 mm, najmniej natomiast w roku 2005 — 209,8 mm. Średnia dobową temperatura powietrza dla całego sezonu wegetacyjnego zbóż wahała się w granicach od 15,9°C (w roku 2005) do 16,5°C (w roku 2006). W roku 2005 najwięcej opadów odnotowano w maju (67,5 mm), w roku 2006 w sierpniu (115,2 mm), a w roku 2007 w lipcu (136,3 mm). Najcieplejsze miesiące w poszczególnych latach doświadczeń to lipiec w 2005 i 2006 roku, których temperatura powietrza wyniosła odpowiednio 20,7°C i 23,9°C oraz czerwiec w roku 2007 (18,7°C).

WYNIKI I DYSKUSJA

W latach prowadzonych badań w uprawie zbóż jarych wystąpiło od 9 do 16 gatunków chwastów, jednakże gatunkiem, który zdominował zbiorowisko chwastów był *Chenopodium album* L. Na powierzchni prowadzonych obserwacji zachwaszczenia dość licznie odnotowano również *Galium aparine* L. oraz *Viola arvensis* Murray. Obiekty kontrolne były zachwaszczone w najwyższym stopniu w roku 2005, następnie w roku 2006, a najmniejsze nasilenie chwastów odnotowano w roku 2007.

Jak podają Idziak i Michalski (2003) zwarty łań mieszanek, różna dynamika narastania masy nadziemnej i korzeniowej, różna długość źdźbeł oraz ulistnienie stwarzają lepsze warunki dla konkurencji z chwastami, w porównaniu z siewami czystymi poszczególnych gatunków zbóż. Za gatunek wysoce konkurencyjny uważa się owies, dlatego też mieszanki z udziałem tego gatunku, a w szczególności mieszanki owsa z jęczmieniem postrzegane są jako sposób uprawy sprzyjający redukcji zachwaszczenia (Szagała i in., 2004). Również Parylak i in. (1999) oraz Sobkowicz (1999) podkreślają, że rośliny uprawiane w mieszkankach, w efekcie pełniejszego wykorzystania warunków siedliska, jak również korzystniejszym właściwościom przystosowawczym wykazują na ogół silniejszą konkurencyjność względem chwastów.

Na podstawie uzyskanych wyników własnych można wyraźnie stwierdzić, że mieszanki zbóż ograniczają zachwaszczenie silniej niż przynajmniej jeden z komponentów wchodzących w skład mieszanki. Jak wynika z danych zamieszczonych w tabelach nr 2 oraz 3, najmniejszym zachwaszczeniem wyrażonym w liczbie oraz świeżej masie chwastów charakteryzowała się mieszanka jęczmienia z owsem, największym natomiast pszenicy z owsem.

Analizując średnie z lat prowadzonych badań dla pierwszej oceny zachwaszczenia (3–4 tygodnie po zabiegu) na obiektach kontrolnych można stwierdzić, że w mieszance pszenicy i jęczmienia odnotowano istotnie mniejszą liczbę chwastów w porównaniu do pszenicy w siewie czystym, natomiast w mieszkankach pszenicy z owsem oraz jęczmienia z owsem w stosunku do obu komponentów wysiewanych pojedynczo (tab. 2). Rozpatrując poszczególne lata badań, różnic takich nie potwierdzono dla mieszanki pszenicy z owsem w roku 2006 i 2007 oraz dla mieszanki jęczmienia z owsem w roku 2006. Kolejna ocena liczebności chwastów, wykonana 7–8 tygodni po zabiegu, wykazała że mieszanki z udziałem pszenicy charakteryzowały się mniejszym zachwaszczeniem wyrażonym w

liczbie chwastów w porównaniu do pszenicy w siewie czystym, a mieszanka jęczmienia z owsem w odniesieniu do obu komponentów mieszanki.

Tabela 2

Liczba chwastów w uprawie zbóż jarych (szt·m⁻²)
Number of weeds in spring cereals cultivation (no./m⁻²)

Obiekty Objects	Mocarz 75 WG kg·ha ⁻¹	Lata — Years						Średnio z lat Average for years		Średnio z ocen Average from assess- ments
		2005		2006		2007		I	II	
		I*	II**	I	II	I	II			
Pszenica Wheat (P)	0	626	292	238	216	148	107	337	205	271
Jęczmień Barley (J)	0	424	192	176	159	53	55	217	135	176
Owies Oat (O)	0	574	214	217	165	70	93	287	157	222
P + J	0	423	194	189	121	49	77	220	131	176
P + O	0	489	218	256	152	71	100	272	157	215
J + O	0	391	180	178	67	45	62	205	103	154
Pszenica Wheat (P)	0,2	83	28	161	49	71	53	105	43	74
Jęczmień Barley (J)	0,2	67	20	103	36	23	28	64	28	46
Owies Oat (O)	0,2	67	21	135	45	24	25	75	30	53
P + J	0,2	63	16	118	28	21	22	67	22	45
P + O	0,2	68	16	144	31	36	22	83	23	53
J + O	0,2	40	13	66	27	15	16	40	19	30
Średnio dla dawki (A): Average for dose (A):										
0		488	215	209	147	73	82	256	148	202
0,2		65	19	121	36	32	28	72	28	50
Średnio dla sposobu uprawy (B): Average for cultivation method (B):										
Pszenica — Wheat (P)		355	160	200	133	110	80	221	124	173
Jęczmień — Barley (J)		246	106	140	98	38	42	141	82	111
Owies — Oat (O)		321	118	176	105	47	59	181	94	137
P + J		243	105	154	75	35	50	144	77	110
P + O		279	117	200	92	54	61	178	90	134
J + O		216	97	122	47	30	39	123	61	92
NIR — LSD _(0,05) — A ¹⁾		6,9	3,4	2,6	1,7	1,1	1,2	2,6	1,6	1,4
NIR — LSD _(0,05) — B ²⁾		17,7	8,6	6,8	4,4	2,8	3,0	6,7	4,2	3,7
NIR — LSD _(0,05) — A(B) ³⁾		16,9	8,2	6,5	4,2	2,7	2,8	6,4	4,0	3,5
NIR — LSD _(0,05) — B(A) ⁴⁾		25,1	12,2	9,6	6,2	4,0	4,2	9,5	5,9	5,3

*I – analiza zachwaszczenia wykonana 3–4 tygodnie po zabiegu; weed assessment 3–4 weeks after herbicide application

**II – analiza zachwaszczenia wykonana 7–8 tygodni po zabiegu; weed assessment 7–8 weeks after herbicide application

¹⁾Najmniejsza istotna różnica dla dawki herbicydu (A); The lowest significant difference for herbicide dose (A)

²⁾Najmniejsza istotna różnica dla sposobu uprawy zbóż (B); The lowest significant difference for cultivation (B)

^{3), 4)} Najmniejsza istotna różnica dla interakcji między czynnikami A i B, dla stałego B(³⁾) oraz A (⁴⁾); The lowest significant difference for A and B interaction, for constants B(³⁾) and A (⁴⁾)

Zależności takich nie potwierdzono w latach 2005 i 2007 dla mieszanki jęczmienia z owsem względem jęczmienia w siewie czystym.

Istotny wpływ sposobu uprawy zbóż na liczebność chwastów stwierdzono również na obiektach, w których stosowano chemiczne odchwaszczanie (mieszanina tritosulfuron + dikamba). Średnio z lat dla pierwszej z ocen wykazano istotnie mniejsze zachwaszczenie mieszanek z udziałem pszenicy w stosunku do pszenicy wysiewanej pojedynczo oraz mieszanki jęczmienia z owsem w odniesieniu do obu składników mieszanki. Redukcji liczebności chwastów nie potwierdzono jedynie w roku 2005 dla mieszanek pszenicy z jęczmieniem i pszenicy z owsem. Silniejszy wpływ uprawy mieszanek na zachwaszczenie wykazano podczas kolejnej oceny, w trakcie której (średnio dla lat badań) stwierdzono istotny wpływ mieszanek z udziałem owsa na redukcję liczby chwastów w porównaniu do obu komponentów tworzących mieszankę oraz mieszanki pszenicy z jęczmieniem w odniesieniu do samej pszenicy. Różnice te nie zostały potwierdzone w roku 2005 dla ocenianych mieszanek oraz w roku 2007 dla mieszanki pszenicy z owsem względem owsa w siewie czystym.

Zamieszczone w tabeli 3 wyniki dotyczące pomiaru świeżej masy chwastów wskazują na bardzo silny efekt inhibicyjny mieszanek zbóż jarych względem chwastów. Wpływ ten był szczególnie widoczny na obiektach, w których poziom występowania zjawiska konkurencji pomiędzy chwastami a rośliną uprawną był najwyższy, tzn. na obiektach kontrolnych. W każdym roku badań, podczas obu wykonanych ocen zachwaszczenia, odnotowano istotny wpływ stosowanych mieszanek zbóż na redukcję świeżej masy chwastów, w porównaniu do każdego ze składników mieszanki. Badane sposoby uprawy zbóż miały również wpływ na redukcję świeżej masy chwastów na obiektach, w których chwasty zostały zwalczone chemicznie. Na podstawie pierwszej wykonanej analizy (średnio dla lat badań) można stwierdzić, że stosowanie mieszaniny tritosulfuron + dikamba było skuteczniejsze w mieszankach z udziałem pszenicy w porównaniu do pszenicy wysiewanej pojedynczo oraz w mieszance jęczmienia z owsem w porównaniu do obu komponentów. Redukcji zachwaszczenia w mieszankach nie potwierdzono statystycznie jedynie w roku 2005. Natomiast w trakcie kolejnej analizy zachwaszczenia chemiczna regulacja okazała się efektywniejsza w mieszankach z udziałem owsa w porównaniu do obu składników mieszanki oraz w mieszance pszenicy z owsem w stosunku do pszenicy w siewie czystym. Różnice te nie zostały potwierdzone w roku 2006 w mieszance jęczmienia z owsem w porównaniu do samego owsa oraz w roku 2007 w mieszance z udziałem pszenicy oraz mieszance jęczmienia z owsem (w stosunku do jęczmienia w siewie czystym).

Jako główną zaletę upraw mieszanych wymienia się ich wierność plonowania w latach. W wielu badaniach potwierdzano wyższą produktywność mieszanek zbożowych lub ich poprawę stabilności plonowania w stosunku do siewów czystych (Noworolnik i in., 1981; Wanic, 1994; Rudnicki, Dębowski, 1994). Bardzo często mieszanki zbożowe plonują na poziomie pośrednim pomiędzy poszczególnymi komponentami w siewie czystym (Rudnicki i Wasilewski, 1993 b; Noworolnik i Rybnicki, 1994).

Tabela 3

Świeża masa chwastów w uprawie zbóż jarych (szt·m⁻²)
Fresh weed biomass in spring cereals cultivation (no./m²)

Obiekty Objects	Mocarz 75 WG kg·ha ⁻¹	Lata — Years						Średnio z lat Average for years		Średnio z ocen Average from assessments
		2005		2006		2007				
		I*	II**	I	II	I	II	I	II	
Pszenica Wheat (P)	0	811,1	1026,4	359,3	320,5	135,6	335,4	435,3	560,7	498,0
Jęczmień Barley (J)	0	612,7	596,6	325,6	218,2	94,0	243,4	344,1	352,7	348,4
Owies Oat (O)	0	657,1	659,1	344,8	241,8	96,2	322,9	366,0	407,9	387,0
P + J	0	565,8	479,4	281,9	121,6	73,5	220,4	307,1	273,8	290,5
P + O	0	592,0	562,4	322,3	178,7	78,7	261,7	331,0	334,3	332,7
J + O	0	456,8	377,1	267,3	91,0	61,5	209,7	261,9	225,9	243,9
Pszenica Wheat (P)	0,2	40,2	62,3	43,9	37,6	19,4	15,3	34,5	38,4	36,5
Jęczmień Barley (J)	0,2	28,7	33,1	27,9	29,4	12,6	12,8	23,1	25,1	24,1
Owies Oat (O)	0,2	33,4	58,8	41,2	34,7	14,4	14,3	29,7	35,9	32,8
P + J	0,2	24,8	16,7	24,2	19,3	5,1	6,5	18,0	14,2	16,1
P + O	0,2	29,2	28,1	35,0	20,0	8,3	10,4	24,2	19,5	21,9
J + O	0,2	20,9	12,6	15,3	8,8	2,7	3,5	13,0	8,3	10,7
Średnio dla dawki (A): Average for dose (A):										
	0	615,9	616,8	316,9	195,3	89,9	265,6	340,9	359,2	350,1
	0,2	29,5	35,3	31,3	25,0	10,4	10,5	23,8	23,6	23,7
Średnio dla sposobu uprawy (B): Average for cultivation method (B):										
Pszenica — Wheat (P)		425,7	544,4	201,6	179,1	77,5	175,4	234,9	299,6	267,2
Jęczmień — Barley (J)		320,7	314,9	176,8	123,8	53,3	128,1	183,6	188,9	186,3
Owies — Oat (O)		345,3	359,0	193,0	138,3	55,3	168,6	197,9	221,9	209,9
P + J		295,3	248,1	153,1	70,5	39,3	113,5	162,6	144,0	153,3
P + O		310,6	295,3	178,7	99,4	43,5	136,1	177,6	176,9	177,2
J + O		238,9	194,9	141,3	49,9	32,1	106,6	137,5	117,1	127,3
NIR — LSD _(0,05) — A ¹⁾		6,43	8,22	2,47	1,87	1,35	2,87	2,71	3,10	1,49
NIR — LSD _(0,05) — B ²⁾		16,56	21,15	6,35	4,82	3,48	7,39	6,98	7,99	3,84
NIR — LSD _(0,05) — (B) ³⁾		15,76	20,13	6,05	4,59	3,31	7,04	6,64	7,60	3,66
NIR — LSD _(0,05) — B(A) ⁴⁾		23,41	29,91	8,99	6,82	4,92	10,46	9,87	11,29	5,43

Objaśnienia: patrz tabela 2. Explanations: see table 2

Autorzy badań uzyskują czasami zróżnicowane wyniki doświadczeń nad plonowaniem mieszanek. Na przykład doświadczeniach Sobkowicza (2003) oraz Noworolnika (1994) mieszanka jęczmienia z owsem charakteryzowała się istotnie wyższymi plonami w odniesieniu do owsa w siewie czystym. Natomiast wyniki Michalskiego i in. (2000) nie wykazały istotnych różnic w plonowaniu mieszanki jęczmienia z owsem w porównaniu do siewów czystych obu komponentów.

W badaniach własnych średnie plony ziarna zbóż jarych wskazują na wyższe plonowanie mieszanek w porównaniu do siewów czystych przynajmniej jednego z komponentów stanowiących mieszankę (tab. 4).

Tabela 4

Plony ziarna zbóż jarych (t·ha⁻¹)
Grain yield of spring cereals (t·ha⁻¹)

Obiekty Objects	Mocarz 75 WG kg·ha ⁻¹	Lata — Years			Średnio z lat Average from years
		2005	2006	2007	
Pszenica — Wheat (P)	0	2,93	2,80	2,39	2,71
Jęczmień — Barley (J)	0	3,47	3,22	3,83	3,50
Owies — Oat (O)	0	3,34	2,91	2,70	2,98
P + J	0	3,28	3,26	3,61	3,39
P + O	0	3,26	3,00	2,80	3,02
J + O	0	3,63	3,38	3,68	3,56
Pszenica — Wheat (P)	0,2	4,47	4,30	4,32	4,36
Jęczmień — Barley (J)	0,2	4,97	4,84	5,59	5,14
Owies — Oat (O)	0,2	4,67	4,61	5,40	4,89
P + J	0,2	4,81	4,71	5,28	4,93
P + O	0,2	4,70	4,40	5,05	4,72
J + O	0,2	5,30	5,17	5,72	5,39
Średnio dla dawki (A):					
Average for dose (A):					
	0	3,32	3,09	3,17	3,19
	0,2	4,82	4,67	5,23	4,91
Średnio dla sposobu uprawy (B):					
Average for cultivation method (B):					
Pszenica (P)		3,70	3,55	3,36	3,54
Jęczmień (J)		4,22	4,03	4,71	4,32
Owies (O)		4,00	3,76	4,05	3,94
P + J		4,04	3,99	4,45	4,16
P + O		3,98	3,70	3,93	3,87
J + O		4,46	4,27	4,70	4,48
NIR — LSD _(0,05) — A ¹⁾		0,102	0,038	0,052	0,044
NIR — LSD _(0,05) — B ²⁾		0,264	0,098	0,133	0,113
NIR — LSD _(0,05) — A(B) ³⁾		n.i.	0,093	0,127	0,107
NIR — LSD _(0,05) — B(A) ⁴⁾		n.i.	0,139	0,189	0,160

Objaśnienia: Patrz tab. 2

Explanations: see table 2

Zarówno w obiektach kontrolnych, jak i w obiektach, w których stosowano mieszaninę tritosulfuron + dikamba najwyższymi plonami charakteryzowała się mieszanka jęczmienia z owsem, w następnej kolejności mieszanka pszenicy z jęczmieniem, najniższymi natomiast mieszanka pszenicy z owsem. Niemniej jednak, mieszanki z udziałem pszenicy przewyższały plonowaniem pszenicę w siewie czystym, a mieszanka jęczmienia z owsem plonowała wyżej niż oba komponenty wysiewane pojedynczo. Istotnego wpływu interakcji czynników doświadczalnych (dawka × uprawa) nie potwierdzono statystycznie jedynie w roku 2005. Ponadto od średniej z lat 2005–2007 odbiegał rok 2007, w którym nie potwierdzono istotnej różnicy pomiędzy plonem zebranym z mieszanki jęczmienia i owsa, a plonem samego jęczmienia zarówno na kontroli, jak i w obiektach, w których stosowane chemiczne odchwaszczanie.

WNIOSKI

1. Mieszanek pszenicy z jęczmieniem, pszenicy z owsem oraz jęczmienia z owsem istotnie redukowały zachwaszczenie w porównaniu z siewami czystymi poszczególnych gatunków zbóż. Najsilniejszy wpływ konkurencyjny uprawy zbóż w mieszkach odnotowano na obiektach kontrolnych.
2. Najmniejszym zachwaszczeniem charakteryzowała się mieszanka jęczmienia i owsa, największym natomiast pszenicy z owsem.
3. W badaniach potwierdzono skuteczniejsze działanie mieszaniny tritosulfuron + dikamba w mieszkach zbóż jarych w porównaniu do siewów czystych pszenicy, jęczmienia oraz owsa.
4. Zboża uprawiane w mieszkach przewyższały plonowaniem przynajmniej jeden ze składników mieszanki w siewie czystym, zarówno w obiektach kontrolnych, jak i po zastosowaniu mieszaniny tritosulfuron + dikamba.

LITERATURA

- Adamczewski K., Dobrzański A. 1997. Regulowanie zachwaszczenia w integrowanych programach uprawy roślin. Prog. in Plant Protection/Pos. Ochr. Roślin 37 (1): 58 — 65.
- Budzyński W., Szempliński W., 2003 (pod red. Jasińska Z., Kotecki A). Szczegółowa uprawa roślin. Mieszanki i mieszaniny zbożowe. Wyd. AR Wrocław: 257 — 264.
- Gacek E., Nadziak J., Biliński Z.R., 2000. Ograniczenie występowania chorób w zasiewach mieszanych zbóż. Roczn. AR Poznań, CCCXXV, Rol., 58: 31 — 38, 89 — 93
- Idziak R., Michalski T. 2003. Zachwaszczenie i plonowanie mieszanek jęczmienia jarego i owsa przy różnym udziale obu komponentów w zasiewie. Zesz. Probl. Post. Nauk Roln. 490: 99 — 104.
- Michalski T., Osiecka B., Kowalik I., 2000. Wpływ ochrony roślin na plony i wartość paszową jęczmienia i owsa oraz ich mieszanek. Roczn. AR Poznań 325, Rol. 58: 75 — 82.
- Noworolnik K., Polak E., Ruszkowska B. 1981. Porównanie produktywności jęczmienia i owsa na glebach kompleksu żytnej słabego. Pam. Puł. 74: 113 — 122.
- Noworolnik K. 1994. Reakcja jarych mieszanek jęczmienia z owsem na gęstość siewu. Mat. Konf. Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych, Poznań, 2 grudnia 1994: 105 — 109.
- Noworolnik K., Rybnicki J. 1994. Porównanie plonowania mieszanek owsa z jęczmieniem jarym o różnym składzie komponentów czystymi zasiewami obu gatunków. Biul. IHAR, 190: 77 — 82.
- Parylak D., Kordas L., Gacek E., 1999. Ocena zasiewów mieszanych zbóż jarych jako proekologicznej metody ograniczenia zachwaszczenia. Zesz. Nauk. AR Wrocław, 1999, Konferencje, 22: 235 — 242.
- Rudnicki F., Wasilewski P., 1993a. Badania nad uprawą jarych mieszanek zbożowych, II. Reakcja jęczmienia, owsa i pszenicy na uprawę w mieszkach. Roczn. AR Poznań, CCXLIII: 65 — 72.
- Rudnicki F., Wasilewski P. 1993b. Plonowanie mieszanek z udziałem pszenżyta jarego. Roczn. AR Poznań, CCXLIII: 97 — 104.
- Rudnicki F., 1994. Biologiczne aspekty uprawy zbóż w mieszkach. Mat. Konf. „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”, Poznań, 2 grudnia 1994: 7 — 15.
- Rudnicki F., Dębowski G. 1994. Reakcja jarych mieszanek zbożowych na uprawę po sobie. W: Mater. Ogólnopol. Konf. Nauk. „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”, Poznań, 2 grudnia 1994: 35 — 39.
- Szagała A., Nowicki J., Wanic M. 2004. Wartość siewna ziarna jęczmienia jarego i owsa, pozyskiwanego z upraw jednogatunkowych oraz ich mieszanek. Acta Sci. Pol., Agricultura 3 (1): 107 — 118.
- Sobkowicz P., 1999. Ocena odchwaszczającego działania jarych mieszanek zbożowych. Prog. Plant Protection/Post. Ochr. Roślin 39 (2): 687 — 689.

- Sobkowicz P. 2003. Konkurencja międzygatunkowa w jarych mieszankach zbożowych. Zesz. Nauk. AR Wrocław, 458: 105 ss.
- Taylor B. R. 1978. Studium on a barley – oats mixture. J. Agric. Sci. Camb. 91 (3): 587 — 592.
- Wanic M. 1994. Plonowanie mieszanki zbożowej w różnych układach płodozmianowych na glebie średniej. W: Mater. Ogólnopol. Konf. Nauk. „Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych”, Poznań, 2 grudnia 1994: 16 — 22.

BOGUSŁAW ŁAPIŃSKI**JACEK MATUSIAK**

Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Radzików

Ocena nowych materiałów do hodowli heterozyjnej heksaploidalnego pszenżyta ozimego z żytnią cytoplazmą typu Pampa

Assessment of new materials for hybrid breeding of winter triticales with rye cytoplasm of the Pampa type

W doświadczeniu polowym, założonym metodą losowanych bloków na poletkach 5 m², zbadano poziom plonowania, masę 1000 ziaren, ciężar objętościowy i indeks restoracji u 29 mieszańców F₁ uzyskanych po pierwszym cyklu wytwarzania materiałów wyjściowych do hodowli mieszańcowej heksaploidalnego pszenżyta ozimego w systemie CMS Pampa, przeniesionym z hodowli żyta. Indeks restoracji wahał się w granicach 4,9–91,3%, plon od 25,9 do 91,7% plonu wzorca Moderato (wynoszącego średnio 3,1 kg/5 m²), masa 1000 ziarniaków zmieniała się od 24,3 do 38,5 g (dla Moderato 27,7 g) a ciężar objętościowy od 56,1 do 68,1 kg/hl (dla Moderato 63,03 kg/hl). Przedyskutowano przydatność wybranych linii żeńskich i męskich do następnego cyklu krzyżowań i selekcji oraz metodykę dalszych prac nad uzyskaniem genotypów zapewniających wyższy poziom heterozji i tolerancji cytoplazmy Pampa przez pszenżyto.

Słowa kluczowe: ciężar objętościowy, CMS Pampa, hodowla heterozyjna, indeks restoracji, masa 1000 ziarniaków, plon, pszenżyto ozime

Yield level, thousand kernels weight (TKW), test weight (TW) and restoration index (IR) were investigated in a field experiment (5 m² plots, 4 randomized blocks) with 29 F₁ hybrids obtained after the first pre-breeding cycle of winter triticales with the Pampa CMS cytoplasm, transferred from rye. The IR ranged from 4.9% to 91.3%, the yield varied between 25.9% and 91.7% of the Moderato cultivar control (3.1 kg/5 m²), the TKW was within the scope 24.3g–38.5g (27.7 g for Moderato) and the TW ranged from 56.1 kg/hl to 68.1 kg/hl (63.03 kg/hl for Moderato). Usefulness of the best selected female and male lines for the next breeding cycle is analyzed and methods are discussed for creation of new cross components ensuring higher levels of heterosis and tolerance of the Pampa cytoplasm.

Key words: CMS Pampa, hybrid breeding, restoration index, test weight, thousand kernels weight, winter triticales, yield

WSTĘP

System cytoplazmatycznej męskiej sterility (CMS) typu Pampa sprawdził się w hodowli heterozyznej żyta i stanowi podstawę nasiennictwa jego odmian mieszańcowych (Geiger, Miedaner, 2009). Ważną cechą cytoplazmy tego typu jest wysoki i stabilny efekt sterylizacji pręcikowia (Geiger i in., 1995). Ta zaleta systemu CMS Pampa nie została dotychczas wykorzystana w hodowli heterozyznych odmian pszenżyta (X *Triticosecale* Wittmack). Stosowany u tej rośliny system kontroli płodności męskiej, oparty na cytoplazmie dzikiego gatunku pszenicy *Triticum timopheevi*, nie był pod tym względem w pełni zadowalający. Dlatego w 2000 roku, w ośrodku IHAR w Radzikowie, rozpoczęto prace mające na celu przeniesienie do pszenżyta męsko-sterylizującej żytniej cytoplazmy Pampa oraz dobór genotypów linii żeńskich i męskich odpowiednio reagujących na tę cytoplazmę. Zasadniczą rolę w tych pracach odegrało (i odgrywa nadal) pszenżyto tetraploidalne (4x) jako forma pomostowa łatwo krzyżująca się zarówno z żytem jak i pszenżytem heksaploidalnym (Łapiński, 2003; Łapiński i Fryczkowska, 2006.). Wymiana genów między pulami genowymi żyta i pszenżyta wydaje się, w dalszej perspektywie, istotna m. in. ze względu na możliwość wykorzystania żyta jako źródła genów do dalszej poprawy poziomu heterozji i funkcjonowania systemu Pampa u pszenżyta. Wprowadzając do pszenżyta cytoplazmę żytnią można było spodziewać się także poprawy wigoru i wczesności rozwoju (Gordei i in., 2002), a także lepszego wypełnienia ziarna, co zauważono w porównaniach tetraploidalnych form pszenżyta z cytoplazmami pszenicy i żyta (Łapiński, 2002). Celem niniejszej pracy było zbadanie poziomu plonowania, restoracji płodności męskiej i podstawowych wskaźników jakości ziarna (masa ziarniaka, masa objętościowa) u mieszańców F₁ po pierwszym cyklu krzyżówkowo-selekcyjnym inicjującym wytwarzanie materiałów wyjściowych do hodowli pszenżyta z cytoplazmą Pampa.

MATERIAŁ I METODYKA

W roku 2007 materiał liczył 112 linii żeńskich CMS pszenżyta heksaploidalnego (6x) z żytnią cytoplazmą Pampa (X *Secalotriticum* — zwane też „żytnicą”) i ich męskopłodnych analogów. Otrzymano je wykorzystując zmienność 21 odmian i rodów ozimego pszenżyta 6x oraz ozimych form *Secalotriticum* 4x jako dawców cytoplazmy Pampa (cP) i cytoplazmy żytniej niesterylizującej (cN). Linie żeńskie wyprowadzono wykorzystując w charakterze partnerów wypierających istniejące odmiany lub linie hodowlane albo mieszańce ze złożonych krzyżowań wstecznych, w których dawcą cytoplazmy cN było *Secalotriticum* 4x, a genotyp pochodził z rekombinacji różnych form pszenżyta 6x (stosowano równoległe wyprowadzanie linii MS i dopełniających, Łapiński, 2005). Z puli mieszańców między 19 rodami i odmianami pszenżyta 6x oraz liniami *Secalotriticum* 4x cP wytworzono 50 linii męskich z cytoplazmą Pampa. W 2008 roku otrzymano ziarno do założenia pierwszych trzech doświadczeń polowych z 29 heksaploidalnymi mieszańcami F₁. Komponentami tych mieszańców było 26 linii żeńskich, uzyskanych z 14 kombinacji krzyżowań i 5 linii męskich (z 5 krzyżowań). Osiemnaście linii żeńskich biorących udział

w doświadczeniu wyprowadzono z segregujących wczesnych pokoleń z 11 kombinacji krzyżowań, natomiast formami dopełniającymi 11 pozostałych linii były odmiany Beta i Krakowiak oraz ustalony ród Mo21268. Szczegółowe dane o pochodzeniu wykorzystanych linii zawierają tabele 1 i 2.

Tabela 1

Pochodzenie linii żeńskich z 2007 r. S4cP i S4cN oznaczają tetraploidalne formy *Secalotriticum* z cytoplazmami Pampa i niesterylizującą. Oznaczenie $\wedge 2$ stosowane dla powtórzonego krzyżowania z tą samą formą

Parentages for the female lines from 2007. The S4cP and S4cN indicate tetraploid *Secalotritica* with the rye cytoplasm Pampa and non-sterilizing one, respectively. The $\wedge 2$ indicates repeated cross with the same form

Linia Line	Pochodzenie linii CMS + dopełniającej	Parentage of the CMS + maintainer lines
Beta.1	S4cP $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ $\times$ Beta + Beta (cytopl. pszenicy wheat cytoplasm)	
D7162.9	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Kitaro $\times$ (5S $\times$ Bogo $\times$ Kitaro $\wedge 2$) + S4cN $\times$ Bogo $\times$ Kitaro $\times$ M10947 $\wedge 2$	
K7143.22, K7143.61, K7143.64	S4cP $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + S4cN $\times$ Fidelio $\times$ Witon $\times$ M10947 $\times$ Krakowiak	
K7144.14	S4cP $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + S4cN $\times$ Tornado $\times$ Prego $\times$ M10947 $\times$ Krakowiak	
Ki117.2 Ki117.4	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Kitaro $\times$ (5S $\times$ Bogo $\times$ Kitaro $\wedge 2$) + S4cN $\times$ Bogo $\times$ Kitaro $\wedge 2$	
Kr132.21, Kr132.24, Kr132.25, Kr132.29 Kr133.21, Kr133.22, Kr133.4	S4cP $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + Krakowiak (cytopl. pszenicy; wheat cytoplasm)	
Kr139.6	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + S4cN $\times$ Pinokio $\times$ Bogo $\times$ Krakowiak $\wedge 2$	
Kr140.5	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + S4cN $\times$ M10947 $\times$ Krakowiak $\wedge 2$	
KW153.1	S4cP $\times$ Krakowiak $\wedge 2$ + Krakowiak $\times$ (S4cN $\times$ Bogo $\times$ Woltario $\wedge 2$) (cytopl. Pszenicy; wheat cytoplasm)	
Mo21268	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Bogo $\times$ Krakowiak $\times$ Mo21268 + Mo21268 = pszenica Chok-Wang $\times$ D. Złote toler. Al+++ $\times$ pszenżyto (cytopl. pszenicy; wheat cytoplasm)	
Pd148.10	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Kitaro $\times$ (S4cN $\times$ Bogo $\times$ Kitaro $\wedge 2$) + S4cN $\times$ Fidelio $\times$ Prado $\wedge 2$	
U15.0.2	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Prado $\times$ (S4cP $\times$ Tornado $\times$ Presto) + S4cN $\times$ Fidelio $\times$ Prado $\wedge 2$	
U35.1.7	S4cP $\times$ Tornado $\times$ Prado $\times$ Todan + S4cN $\times$ M10947 $\times$ Krakowiak $\wedge 2$	
Vs269.4, Vs270.231 Vs270.254, Vs270.255	S4cp $\times$ Tornado $\times$ Prado $\times$ (Vero $\times$ SDB) $\wedge 2$ + Vero $\times$ (SDB=triticale 4 $\times$) (cytopl. pszenicy; wheat cytoplasm)	

W doświadczeniach przeprowadzonych w układzie losowanych bloków, na poletkach 5 m², przy gęstości siewu 26 $\pm$ 1 g/m², zbadano poziom plonowania, restorację płodności, masę tysiąca ziaren (MTZ, średnia z 2 $\times$ 200 nasion) i masę objętościową w stanie zsypanym (MO). Indeks restoracji (IR) wyliczono jako średni udział procentowy kłosów płodnych z 30-kłosowych prób z każdego poletka. Plon i jego wskaźniki jakości odniesiono do odmiany wzorcowej Moderato. Do doświadczeń 1 i 2 włączono również linie męskie, które brały udział w tworzeniu mieszańców. Grupy jednorodne (oznaczone w tabelach jako

grupy SNK) wyodrębniono testem Studenta-Newmana-Keulsa przy poziomie istotności $p = 0,05$, po zastosowaniu transformacji Blissa dla indeksu restoracji.

Tabela 2

Pochodzenie i cechy mieszańców F_1 dla różnych linii męskich
Parentages and F_1 traits for the male parental lines

Linia Line	Wyszczególnienie Specification Pochodzenie Parentage	Plon Yield (kg/p)	MTZ TKW (g)	CO TW (kg/hl)	IR (%)
ToPa	(S4cP × Tornado) × Pawo				
	średnia z 10 F_1 * average from 10 F_1 -s	2,37	29,9	63,2	62,4
	różnica z linią męską difference with male parent	+0,39	+5,6	-1,0	-37,6
To11	(S4cP × Tornado) × MAH11399-2				
	średnia z 5 F_1 * average from 5 F_1 -s	2,05	31,2	60,8	36,7
	różnica z linią męską difference with male parent	-0,32	+2,5	+2,0	-63,3
BWWi	[(S4cP × Bogo) × Woltario] × Witon				
	średnia z 7 F_1 * average from 7 F_1 -s	1,98	30,3	59,5	47,4
	różnica z linią męską difference with male parent	+0,30	+4,4	+1,3	-52,6
ToTo	(S4cP × Tornado) × Tornado				
	średnia z 2 F_1 * average from 2 F_1 -s	1,86	32,3	59,5	35,0
	różnica z linią męską difference with male parent	-0,06	+2,5	-0,02	-65,0
ToWi	(S4cP × Tornado) × Witon				
	średnia z 5 F_1 * average from 5 F_1 -s	1,28	33,6	60,0	27,6
	różnica z linią męską difference with male parent	+0,10	+1,8	-3,3	-71,6

*) Z uwzględnieniem różnic między doświadczeniami 1 lub 2, i 3, przy założeniu że różnice te są proporcjonalne do wartości obiektów względem wzorca w doświadczeniu 3

*) Considering differences between the experiments 1 or 2, and 3, on the assumption that the differences are proportional to the objects relative values (in relation to the Moderato standard) from the experiment 3

WYNIKI

Zgodnie z wynikami zamieszczonymi w tabeli 3, najlepiej plonował wzorzec Moderato (2,72–3,32 kg/5 m²), a trzy mieszańce F_1 nie różniły się od niego istotnie (2,66–2,86 kg/5 m²). Najwyższe plony mieszańców osiągnięto, gdy formami żeńskimi były linie Beta.1 (otrzymane z rumuńskiej odmiany pszenżyta), Vs269.4, Vs270.231 (z prawie 50% udziałem odmiany Vero) oraz Kr139.6 (z 75% udziałem odmiany Krakowiak).

Tabela 3

Plonowanie, masa 1000 ziaren i ciężar objętościowy mieszańców F1 pszenżyta z cytoplazmą Pampa oraz ich form ojcowskich. (Radzików, 2009)

Yield, TKW and TW of the F1 hybrids and their male parents (Radzików, 2009)

Matka Mother line	Ojciec Father line	Średni plon z poletka Average yield per plot			Masa tysiąca ziaren TKW			Masa objętościowa TW		
		ranking	% wzorca % of standard	grupy SNK groups*	ranking	g	grupy SNK groups*	ranking	kg/hl	grupy SNK groups*
Doświadczenie 1 (4 bloki) — Experiment 1 (4 blocks)										
Moderato (standard)		1	3,32kg 100% A		15	27,3	AB	8	63,3	AB
KrD139.6	- ToPa	2	88,6	B	6	30,9	AB	7	63,9	AB
Beta.1	- To11	3	83,4	BC	2	34,6	A	4	64,1	AB
U35.1.7	- ToPa	4	80,1	BCD	4	31,2	AB	5	64	AB
Kr132.21	- ToPa	5	75,9	CDE	3	33,6	A	1	66,1	A
	To11	6	71,4	CDE	10	28,7	AB	10	62,4	AB
Kr132.25	- ToPa	7	70,8	CDE	7	30,1	AB	2	64,6	AB
Kr133.21	- ToPa	8	68,4	CDEF	13	28,3	AB	13	61,7	ABC
VsD270#255	- To11	9	68,1	CDEF	1	34,9	A	12	62,1	AB
Kr133.22	- ToPa	10	67,8	CDEF	12	28,6	AB	11	62,2	AB
Mo21268	- ToPa	11	63,6	EF	5	31,1	AB	6	64	AB
Kr132.29	- ToPa	12	60,8	EF	11	28,6	AB	14	61,3	BC
K7143.22	- ToPa	13	60,5	EF	8	29,9	AB	9	62,9	AB
	ToPa	14	59,6	EF	16	24,3	B	3	64,2	AB
K7143.64	- To11	15	52,7	F	9	29,2	AB	15	61	BC
KiD117.4	- To11	16	40,1	G	14	28,2	AB	17	58,1	C
średnio F ₁ — average F ₁		67,8			30,7			62,8		
Doświadczenie 2 (4 bloki) — Experiment 2 (4 blocks)										
Moderato (standard)		1	2,90kg 100% A		15	26,2	CD	4	60,9	A
Beta.1	- BWWi	2	91,7	A	3	34,8	AB	4	60,9	A
U15.0.2	- BWWi	3	75,5	B	8	31,7	ABC	3	62	A
Beta.1	- ToWi	4	74,8	B	1	38,5	A	1	63,9	A
KrD132.2.4	- ToTo	5	70,7	B	4	32,8	ABC	4	60,9	A
	ToTo	6	66,2	BC	11	29,8	BC	7	59,7	A
KiD117.4	- BWWi	7	63,4	BC	13	29	BC	5	60,5	A
Pd148.10	- BWWi	8	60,0	BC	12	29,5	BC	7	59,7	A
	BWWi	9	57,9	BC	16	25,9	CD	9	58,2	A
KWD153.1	- BWWi	10	57,9	BC	9	31,6	ABC	6	59,9	A
KrD140.5	- ToTo	11	57,6	BC	10	31,3	ABC	9	58,2	A
VsD270#254	- ToWi	12	48,3	CD	2	37,4	A	8	59,4	A
	ToWi	13	40,7	DE	7	31,8	ABC	2	63,3	A
D7D162.9	- ToWi	14	36,9	DE	14	27,3	BCD	12	56,1	A
K7D144.14	- ToWi	15	34,8	DE	5	32,6	ABC	10	57,9	A
KiD117.2	- ToWi	16	25,9	E	6	32,2	ABC	-	-	-
średnio F ₁ — average F ₁		58,1			32,4			59,9		
Doświadczenie 3 (3 bloki) — Experiment 3 (3 blocks)										
Moderato (standard)		1	3,12kg 100% A		4	29,7	A	2	64,9	A
VsD269.4	- ToPa	2	91,7	A	1	36,7	A	1	68,1	A
VsD270#231	- BWWi	3	80,8	AB	3	32,7	A	3	62,3	A
K7D143.6.1	- BWWi	4	52,2	C	4	29,5	A	4	60,2	A
KrD133.4	- To11	5	51,3	C	2	32,8	A	6	58,8	A
średnio F ₁ — average F ₁		69,0			32,9			62,4		

*) Grouping with the Student-Newman-Keuls test, at p = 0.05

Wśród form męskich najwyższymi średnimi wysokościami plonu i jego masy objętościowej wyróżniło się potomstwo linii oznaczonej ToPa (50% genów odmiany Pawa, 25% z

Tornado). W grupie najwyższej plonujących znalazły się także mieszańce linii BWWi (50% odmiany Witon , 25% z Woltario).

Tabela 4

Średnie indeksy restoracji obiektów pszenżyta 6x z cytoplazmą Pampa w doświadczeniach sezonu 2008/2009 w Radzikowie
Average restoration indices (IR) for the hexaploid triticale objects with the Pampa cytoplasm in the experiments of the season 2008/2009 in Radzików

Obiekt Object		Indeks restoracji IR, %		
matka mother line	ojciec father line	średnia average	ranking	grupy SNK— groups*
Doświadczenie 1 — Experiment 1				
	To11	100,0	1	A
	ToPa	100,0	1	A
Mo21268	- ToPa	91,3	2	B
Kr132.21	- ToPa	87,1	3	B
KrD139.6	- ToPa	78,0	4	C
Kr132.25	- ToPa	64,2	5	C D
U35.1.7	- ToPa	62,5	6	C D
Kr132.29	- ToPa	55,0	7	D E
Beta.1	- To11	50,0	8	D E F
K7143.64	- To11	48,3	9	D E F
K7143.22	- ToPa	44,2	10	D E F
Kr133.21	- ToPa	41,8	11	E F
Kr133.22	- ToPa	37,0	12	E F
VsD270#255	- To11	34,2	13	F
KiD117.4	- To11	14,2	14	G
Średnio F ₁		54,4		
Average F ₁				
Doświadczenie — 2 Experiment 2				
	ToTo	100,0	1	A
	BWWi	100,0	1	A
	ToWi	99,2	2	A
Beta.1	- BWWi	62,5	3	B
KWD153.1	- BWWi	52,1	4	B C
Pd148.10	- BWWi	49,2	5	B C
Beta.1	- ToWi	47,5	6	B C D
KrD140.5	- ToTo	39,4	7	C D E
K7D144.14	- ToWi	38,3	8	C D E
KiD117.4	- BWWi	36,7	9	C D E
U15.0.2	- BWWi	36,5	10	C D E
KrD132.2.4	- ToTo	30,6	11	C D E
VsD270#254	- ToWi	24,2	12	D E
D7D162.9	- ToWi	23,2	13	E
KiD117.2	- ToWi	4,9	14	F
Średnio F ₁		37,1		
Average F ₁				
Doświadczenie 3 — Experiment 3				
VsD269.4	- ToPa	88,9	1	A
K7D143.6.1	- BWWi	42,2	2	B
VsD270#231	- BWWi	40,0	3	B
KrD133.4	- To11	35,1	4	B
Średnio F ₁		51,6		
Average F ₁				

*) Grouping with the Student-Newman-Keuls test, at p = 0.05

Masa ziarniaka z F_1 była z reguły wyższa (a w trzech przypadkach istotnie wyższa, 133–147% wzorca) od masy ziarniaka odmiany Moderato (której średnia MTZ wyniosła 27,7 g). Donorami wysokich wskaźników cechy były żeńskie linie wytworzone na bazie odmiany Beta (MTZ w F_1 w granicach 34,6–38,5 g) i linii z kombinacji Vero $\times$ SDB (MTZ w F_1 w zakresie 32,7–37,4 g) oraz męska linia ToWi, współtworząca dwa mieszańce z najwyższą MTZ, jednak także będąca w składzie najgorzej plonujących mieszańców z doświadczenia 2.

Masa objętościowa plonu kształtowała się u mieszańców w zakresie 56,1–68,1 kg/hl, przy średniej dla wzorca 63,0 kg/hl. Dziewięć form miało MO wyższą od wzorca, jednak różnice nie były statystycznie istotne. Najwyższy wskaźnik MO miało potomstwo linii żeńskich Vs269.4, Kr132.21 i męskiej ToPa.

Indeksy restoracji dla mieszańców F_1 wahały się w szerokim zakresie 4,9–91,3% (tab. 4). W tych samych warunkach większość linii męskich wykazała pełną płodność. ToPa — wyraźnie najlepsza z form męskich przewyższyła pozostałe w zdolności przywracania płodności pyłku w F_1 o 15–35% (tab. 2). Wyniki IR różniły się znacznie także w potomstwach różnych linii żeńskich, np. w różnych kombinacjach z linią męską ToPa wskaźnik IR wahał się w granicach 37,0–91,3%. Najwyższą podatność na restorujące działanie form męskich w F_1 wykazały linie żeńskie Mo21268, Vs269.4, Kr132.21 i Kr139.6. Już poziom IR 62,5% w kombinacji Beta.1 — BWWi zapewnił ilość pyłku dostateczną do osiągnięcia przez mieszańca plonu na poziomie wzorca Moderato.

DYSKUSJA

Mimo początkowych trudności z ekspresją CMS u pszenżyta heksaploidalnego z cytoplazmą Pampa (Łapiński, 2005) zmienność reakcji na tę cytoplazmę okazała się dostatecznie bogata, żeby zapewnić wybór odpowiednich genotypów na linie zarówno żeńskie jak i męskie. Zastosowane linie żeńskie były w 2008 roku całkowicie męskosterylne, a najwyższy efekt restoracji płodności męskiej w F_1 w 2009 roku (91,3% w kombinacji Mo21268 $\times$ ToPa) był porównywalny z osiąganymi w Radzikowie u żyta (Kolasińska, 2003). W siedmiu z 29 badanych kombinacji F_1 , w których indeks restoracji osiągnął przynajmniej wartość 60%, system restoracji płodności funkcjonował wystarczająco dobrze, żeby uzasadnić próby wykorzystania tych mieszańców F_1 w skali produkcyjnej. Jednak plon w F_1 tych kombinacji nie dorównał wysokością wzorcowej odmianie Moderato (był średnio o ok. 20% niższy). Natomiast wyraźna była przewaga pokolenia F_1 pod względem MTZ (średnio o 4,9 g). Masa objętościowa w tej grupie siedmiu mieszańców też była nieco wyższa niż u wzorca (o ok. 1,5 kg/hl). Wyniki dla MTZ są podobne do uzyskiwanych przez innych autorów na innych materiałach pszenżyta przy zastosowaniu innych systemów masowej emaskulacji form żeńskich (Grzesik i Węgrzyn, 1998; Oettler i in., 2003; Pfeiffer i in., 1998; Warzecha i in., 1998). Natomiast niewiele jest danych na temat wskaźnika masy objętościowej. Pfeiffer i in. (1988) nie zanotowali zwyżki tego parametru u mieszańców F_1 pszenżyta jarego z cytoplazmą *T. timopheevi*. Zatem funkcjonowanie systemu CMS i jakość ziarna w naszym materiale badawczym osiągnęły dostateczny poziom, natomiast potrzebne są dalsze prace nad doбором komponentów

zapewniających wzrost ilościowy plonu. Jeden cykl selekcyjny nie wystarczył do ujawnienia heterozji. Jednak w kontekście zaobserwowanej zmienności, a także zróżnicowania wyników na tym etapie w konkurencyjnym systemie CMS-*timopheevi*, uzyskane rezultaty nie powinny być zniechęcające.

Wysokość plonu u mieszańców F_1 uzyskiwanych z zastosowaniem cytoplazm wywołujących męską sterylność warunkowana jest nie tylko przez plenność linii rodzicielskich i heterozję. Istotne są także negatywne efekty uboczne wywierane przez obcą lub zmutowaną cytoplazmę. Słaby wigor spowodowany niską tolerancją cytoplazmy MS może być błędnie oceniany jako brak heterozji. Miarodajną ocenę połowę tych efektów zawiera praca Warzechy i in. (1998), w której średni spadek plonu sześciu mieszańców F_1 z cytoplazmą MS (*T. timopheevi*) wyniósł 11,7% w stosunku do sześciu analogicznych mieszańców z cytoplazmą niesterylizującą (*T. aestivum*). Jednak jedna z kombinacji (z odmianą Vero) dała wyższy plon (o 6,2%) na cytoplazmie MS. Z wcześniejszych badań naszego materiału w latach 2004–2006 wynikało, że upośledzona tolerancja cytoplazmy Pampa obniża wizualne oceny wigoru F_1 w podobnym stopniu jak heterozja je podwyższa. Wyraźną depresję mieszańcową zaobserwowano już w szkółkowych testach wstępnych (na kilku-kilkunastu roślinach F_1) u ok. 58% mieszańców F_1 z cytoplazmą Pampa, a tylko w ok. 24% mieszańców z żytnią cytoplazmą cN. Wyraźny wzrost wigoru zaobserwowano tylko u 15% mieszańców z cytoplazmą Pampa i u 56% mieszańców z cytoplazmą cN (Łapiński i Fryczkowska, 2006).

Zapewnienie warunków do kompensacji negatywnych skutków ubocznych cytoplazmy MS jest ważnym elementem systemu hodowli heterozyjnej. Pożądane wydaje się rozpoczynanie selekcji na tę cechę już od wczesnych pokoleń mieszańców tworzonych w obrębie pul genowych. Wyprowadzanie linii wsobnych żeńskich wymaga wtedy dodatkowych krzyżowań wszystkich wybranych roślin z donorem cytoplazmy MS. Ocena potomstwa z tych krzyżowań pozwala uwzględnić w trakcie selekcji m. in. tolerancję cytoplazmy MS. Zaletą alternatywnej metody, szeroko stosowanej dotychczas u pszenżyta, polegającej na wykorzystaniu ustalonych genotypów odmian i rodów jest wysoki wyjściowy potencjał plonowania tych genotypów, przenoszony na pokolenie F_1 . Stopień preadaptacji do obcej cytoplazmy jest wtedy przypadkowy, jednak można wyjątkowo liczyć nawet na pozytywny efekt, jak we wspomnianej odmianie Vero (Warzecha i in., 1998).

W naszym doświadczeniu linie wyprowadzone z nieustalonych materiałów, jako grupa, nie wykazały przewagi nad odmianami. Średni plon potomstwa F_1 tych linii żeńskich wyniósł tylko 59,7% plonu wzorca Moderato, podczas gdy średni plon potomstwa linii pochodzących z „gotowych” genotypów odmianowych osiągnął 70,8% plonu wzorca. Jednak przy porównaniu najlepiej plonujących mieszańców F_1 przewaga „odmianowych” form matecznych staje się wątpliwa i ogranicza się w zasadzie tylko do zagranicznej odmiany Beta. W przypadku tej odmiany bilans efektów wysokiego potencjału plonowania, heterozji i preadaptacji do cytoplazmy cP żyta był na tyle dobry, że uzasadnione wydaje się dalsze poszukiwanie podobnych genotypów i włączanie ich do hodowli. Trudno jednak, na podstawie dotychczasowych wyników (zarówno własnych, jak i obcych z innych systemów CMS), wysoko oceniać szansę pomyślnego zastosowania

odmian w charakterze komponentów odmiany mieszańcowej. W tym kontekście selekcja cykliczna bazująca na wielostopniowym, kontrolowanym kumulowaniu pozytywnych efektów addytywnych, a nie odmianowej zmienności epistatycznej, stwarza znacznie większe szanse postępu w dalszej perspektywie. Zatem niezależnie od wyników pierwszego cyklu krzyżowań, który zrealizowano w nierozpoznanym jeszcze materiale, należy kontynuować pracę w materiałach segregujących. Szanse poprawy w następnym cyklu krzyżowań wydają się wysokie, gdyż zarówno formy mateczne, jak i ojcowskie dwóch najplenniejszych kombinacji: Beta.1-BWWi i Vs269.4-ToPa (po 91,7% plonu wzorca) mają różne pochodzenie. Komponenty naszych najlepszych mieszańców zapewniają także wysoką wartość parametrów jakości oraz restoracji płodności w F_1 , bądź podatności na tę restorację (w liniach żeńskich). Ze względu na najwyższą podatność na restorację do puli linii żeńskich powinna zostać włączona linia Mo21268, ciekawa także ze względu na skróconą słomę i mniejszą podatność na wyleganie. Pewne szanse na postęp można szacować też przy wykorzystaniu linii żeńskich Kr139.6, Kr132.21 i męskiej To11.

Zbadany materiał nie daje dobrych podstaw do oceny ew. wpływu cytoplazmy linii dopełniającej, która może stanowić istotny element tego układu. Znaczna przewaga w plonowaniu, jaką wykazała grupa F_1 , których dopełniacze linii żeńskich mają cytoplazmę pszenicy (70,4% plonu wzorca względem 56% dla grupy z cytoplazmą żytnią typu cN) ma związek z wyżej opisaną grupową przewagą genotypów pszenżyta Beta i Krakowiak. Teoretycznie, cytoplazma pszenicy stwarza ryzyko niekompatybilności ustalonego w jej obecności genotypu z plazmotypem Pampa, ryzyko prawdopodobnie większe niż w przypadku linii hodowanych w obecności niesterylizującej cytoplazmy żytniej. Dlatego warto będzie zwrócić uwagę na ten czynnik w dalszych pracach badawczych.

WNIOSKI

1. Wśród odmian i rodów pszenżyta istnieje zmienność reakcji na cytoplazmę Pampa, która zapewnia wybór odpowiednich genotypów z przeznaczeniem na linie żeńskie i męskie.
2. System CMS Pampa dobrze funkcjonuje na wybranych formach pszenżyta i „żytnicy” 6x, jednak potrzebne są dalsze prace nad otrzymaniem komponentów zapewniających wysoki poziom heterozji i tolerancji cytoplazmy MS.

LITERATURA

- Geiger, H. H., Yuan, Y., Miedaner, T., Wilde, P. 1995. Environmental sensitivity of cytoplasmic genic male sterility (CMS) in *Secale cereale* L. In: U. Kueck, G. Wricke (eds.), Genetic Mechanisms for Hybrid Breeding. Paul Parey Sci. Publ., Berlin, Hamburg. Adv. Plant Breed. 18: 7 — 17.
- Geiger H. H., Miedaner T. 2009. Rye breeding. In: M. J. Carena (ed.), Cereals (Handbook of Plant Breeding). Springer. New York. Vol. 3: 157 — 181.
- Gordei I. A., Belko N. B., Khokhlova S. A., Lyusikov O. M., Hainudzinau A.V. 2002. Development of genetic triticale diversity with rye cytoplasm. Proc. 5th Int. Triticale Symp. June 30–July 5, 2002, Radzików, Poland. Vol. I: 53 — 62.

- Grzesik H., Węgrzyn S. 1998. Heterosis and combining ability in some varieties of triticale. Proc. 4th Int. Triticale Symp. Red Deer, Canada. Vol. II: 129–133.
- Kolasinska I. 2003. Male fertility restoration of rye crosses in the Pampa cytoplasm. Plant Breeding and Seed Science 47 (1/2): 33 — 37.
- Łapiński B. 2002. A new source of earliness in tetraploid *Secalotriticum*. Proc. 5th Int. Triticale Symp. Radzików, Poland, June 30–July 5, 2002. Vol. II: 49 — 53.
- Łapiński B. 2003. The Pampa CMS system for triticale. Triticale Topics 19: 25 — 27.
- Łapiński B. 2005. Próba zastosowania żytniej cytoplazmy typu Pampa w hodowli heterozyjnej pszenżyta. Biul. IHAR 236: 115 — 124.
- Łapiński B., Fryczkowska J. 2006. The Pampa rye cytoplasm as a male sterilizing agent for hybrid breeding of triticale. Proc. 6th Int. Triticale Symp. 3–7. Sept. 2006. Stellenbosh. South Africa: 68 — 71.
- Oettler G., Burger H., Melchinger A. E. 2003. Heterosis and combining ability for grain yield and other agronomic traits in winter triticale. Plant Breeding 122: 318 — 321.
- Pfeiffer W. H., Sayre K. D., Mergoum M. 1998. Heterosis in spring triticale hybrids. Proc. 4th Int. Triticale Symp. Red Deer, Canada. Vol. 1: 86 — 91.
- Warzecha R., Warzecha K., Staszewski Z. 1998. Development and use of triticale CMS system in hybrid breeding. Proc. 4th Int. Triticale Symp. Red Deer, Canada. Vol. 1: 79 — 85.

ALEKSANDRA PONITKA
AURELIA ŚLUSARKIEWICZ-JARZINA
Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Otrzymywanie spontanicznych i indukowanych linii podwojonych haploidów pszenżyta ozimego z wykorzystaniem kultur pylnikowych*

Production of spontaneous and induced doubled-haploid lines of winter triticales obtained through anther culture

W kulturach pylnikowych 15 form mieszańcowych pszenżyta ozimego badano częstotliwość uzyskiwania androgenicznych roślin. Ze wszystkich genotypów otrzymano zielone rośliny, przy czym częstotliwość wahała się od 0,4 do 15,2/100 pylników w poszczególnych genotypach. Dla regeneracji roślin zastosowano pożywkę 190-2 z dwoma stężeniami kinetyny (0,5 lub 1,5 mg/l). Na pożywce zawierającej 0,5 mg/l kinetyny otrzymano więcej zielonych roślin, tj. od 2,5 do 46,7/100 androgenicznych struktur. Poziom ploidalności oznaczono cytometrycznie u 350 roślin i w zależności od genotypu stwierdzono od 17,6 do 80,0% spontanicznie podwojonych haploidów. Ogółem uzyskano 80,3% linii DH pszenżyta ozimego, wśród których było 38,0% spontanicznie podwojonych haploidów, natomiast w wyniku kolchicynowania 209 roślin haploidalnych otrzymano 70,8% linii DH.

Słowa kluczowe: haploid, kultury pylnikowe, linie DH, pszenżyto ozime

We investigated the rate of obtaining androgenic plants using anther culture of 15 winter triticales hybrids. Green plants were obtained from all genotypes, with the frequency ranging from 0.4 to 15.2/100 anthers. The medium 190-2, with two different concentrations of kinetin (0.5 and 1.5 mg/l), was used for plant regeneration. Higher number of green plants was observed in the case of the medium with 0.5 mg/l of kinetin (2.5–46.7/ 100 androgenic structures). Ploidy level was determined by flow cytometry in 350 plants and showed from 17.6 to 80.0% spontaneously doubled haploids, depending on the genotype. A total of 80.3% of DH lines was obtained, among which 38.0% were spontaneously doubled haploids, whereas 70.8% of DH lines was obtained from colchicine treatment of 209 haploid plants.

Key words: haploid, anther culture, DH lines, winter triticales

* Praca wykonana w ramach projektu MRiRW: nr 26-7/2009

WSTĘP

Opracowanie efektywnej metody indukcji androgenicznych struktur w kulturach pylnikowych, regeneracji zielonych roślin, oraz uzyskiwania linii podwojonych haploidów stwarza możliwość skróceniu cyklu hodowlanego pszenżyta ozimego.

Otrzymywanie androgenicznych roślin w kulturach *in vitro* zależy między innymi od sposobu traktowania ściętych kłosów przed wyłożeniem pylników na pożywkę oraz od komponentów pożywek indukujących i regeneracyjnych (Sharma i in., 1982; Hassawi i Liang, 1990; Hassawi i in., 1990; Karsai i in., 1994; Ślusarkiewicz-Jarzina i Ponitka, 1997; Ponitka i in., 1999; Immonen i Robinson, 2000; Tuveson i in., 2000; González i Jouvet, 2000, 2005; Arzani i Darvey, 2002). Wśród zregenerowanych roślin obserwowano haploidy, spontanicznie podwojone haploidy oraz aneuploidy (Muranty i in., 2002; Oleszczuk i in., 2010; Warzecha i in., 2005). Celem podwojenia liczby chromosomów haploidalnych roślin stosowano np.: kolchicynę (Redha i in., 1998), oryzalinę, trifluralin (Wan i in., 1991), kofeinę (Thomas i in., 1997). Najczęściej jednak używano kolchicynę, którą dodawano do pożywek indukujących proces androgenezy (Barnabás i in., 1991; Navarro-Alvarez i in., 1994; Redha i in., 1998; Zamani i in., 2000), do pożywek regeneracyjnych (Ouyang i in., 1994; Mentewab i Sarrafi, 1997), lub w roztworze dla traktowania haploidalnych roślin (Arzani i Darvey, 2001; Ślusarkiewicz-Jarzina i Ponitka, 2003; Oleszczuk i in., 2004).

Celem pracy było badanie wpływu stężenia kinetyny na regenerację androgenicznych roślin pszenżyta oraz określenie częstotliwości otrzymywania podwojonych haploidów w kulturach pylnikowych oraz po kolchicynowaniu haploidalnych roślin.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem doświadczalnym było 15 form mieszańcowych pszenżyta ozimego (Sz5/09, Sz9/09, CT08048, CT08095, CT08118, CT08203, CT08206, CT08249, CT08251, CT08266, BK1921, Tsoz400-R, Tsoz401-R, Tsoz402-R, Tsoz403-R) pochodzących z czterech Stacji Hodowli Roślin: Szelejowo, DANKO-Choryń, Strzelce, Smolice.

Z roślin rosnących w szklarni ścinano pędy z kłosami zawierającymi pylniki w stadium mikrospor i traktowano roztworem mikro i makroelementów wg pożywki N6 (Chu i in., 1975) z dodatkiem 2 mg/l 2,4-D, w temperaturze 4°C przez 7 dni, w ciemności. Pylniki izolowano w sterylnych warunkach i wykładano na pożywkę C17 (Wang i Cheng, 1983) z dodatkiem 90 g/l maltozy. Kultury pylnikowe inkubowano w temperaturze 28°C, w ciemności, natomiast androgeniczne struktury hodowano na pożywce regeneracyjnej 190-2 (Zhuang i Xu, 1983) zawierającej 0,5 mg/l kinetyny (KIN) + 0,5 mg/l kwasu L-naftalenoctowego (NAA) lub 1,5 mg/l KIN + 0,5 mg/l NAA, w temperaturze 22°C, przy oświetleniu 4000 Lx, przez 12 godzin na dobę. Do badań cytometrycznych wybrano losowo zielone rośliny o wysokości około 15 cm i określano poziom ploidalności, oceniając intensywność fluorescencji DNA w zawiesinie komórek liści z wykorzystaniem cytometru przepływowego (typ PARTEC). Wszystkie rośliny jarowizowano w chłodni przez 8 tygodni, a następnie przycinano korzenie haploidalnych roślin i zanurzano do

wysokości 1,5 cm powyżej węzła krzewienia, w roztworze 0,1% kolchicyny + 4% DMSO (dimetylosulfotlenek) + 25 mg/l GA₃ (kwas giberelinowy), w temperaturze 25°C, przez 6 godzin. Przed wysadzeniem do ziemi rośliny płukano 12 godzin pod bieżącą wodą. Częstotliwość uzyskiwania zielonych roślin określano w stosunku do liczby wyłożonych pylników oraz do androgenicznych struktur.

WYNIKI

Z wyłożonych 23499 pylników na pożywce C17 z dodatkiem maltozy uzyskano 15553 androgenicznych struktur, średnio 66,2/100 pylników (w zależności od genotypu od 1,6 do 118,1). Na dwóch wariantach pożywki regeneracyjnej 190-2, różniących się stężeniem kinetyny, wyhodowano ogółem 1398 zielonych roślin (średnio 5,9/100 pylników). Rośliny otrzymano ze wszystkich genotypów, przy czym częstotliwość wahała się od 0,4 do 15,2/100 pylników. Najwięcej zielonych roślin (powyżej 6,5/100 pylników) stwierdzono w 6 badanych genotypach, przy czym powyżej 13,0/100 pylników w trzech genotypach: CT08251, CT08306, CT08249. Stwierdzono genotypy (np. Sz9/09 oraz Tsoz402-R), z których uzyskano niską regenerację zielonych roślin (odpowiednio 1,9 i 0,6/100 pylników) pomimo wysokiej indukcji androgenicznych struktur (odpowiednio 54,0 i 58,2/100 pylników) — tab. 1, rys. 1 i 2.

Tabela 1

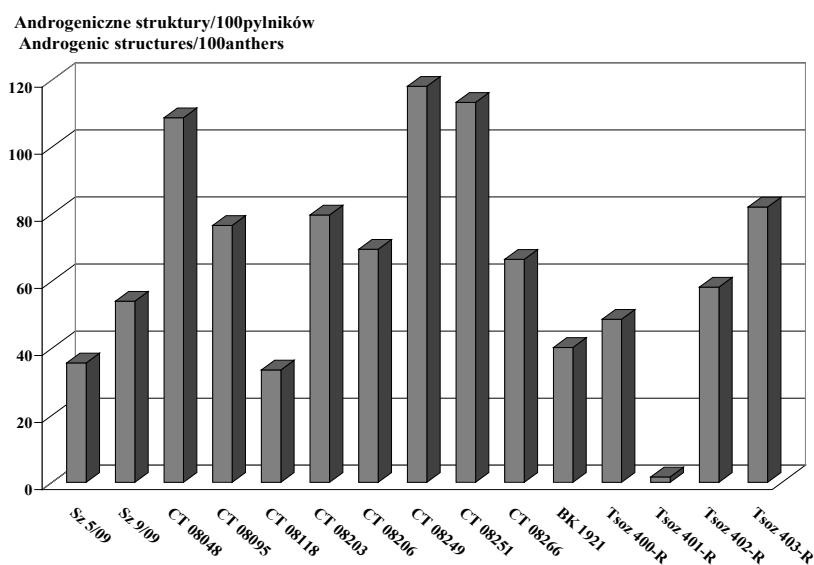
Efektywność uzyskiwania androgenicznych struktur i zielonych roślin z 15 mieszańców pszenżyta ozimego

Frequencies of embryo-like structures and green plants obtained from 15 winter triticale hybrids

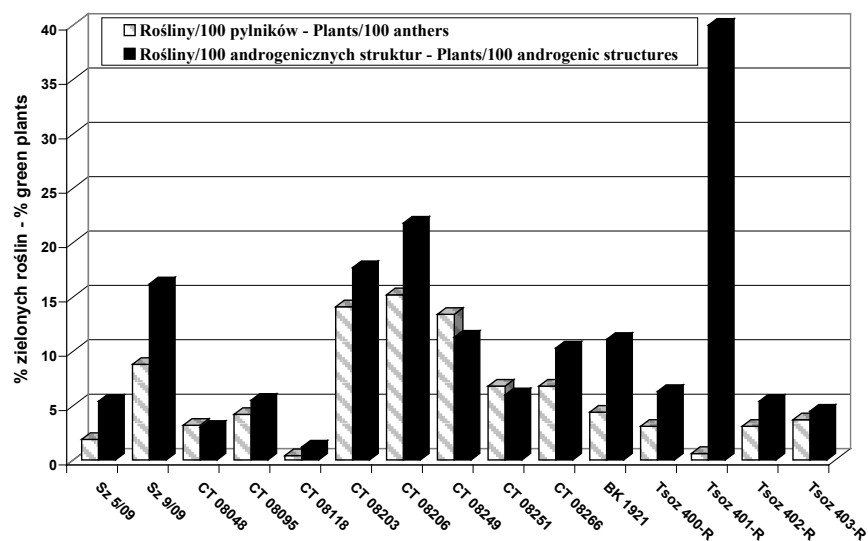
Genotyp Genotype	Liczba pylników No. of anthers	Androgeniczne struktury Androgenic structures		Zielone rośliny Green plants	
		liczba no.	/100 pylników /100 anthers	liczba no.	/100 pylników /100 anthers
Sz5/09	1666	593	35,6	53	3,7
Sz9/09	1656	894	54,0	32	1,9
CT08048	1606	1746	108,7	145	8,8
CT08095	1637	1254	76,6	52	3,2
CT08118	1548	519	33,5	69	4,2
CT08203	1497	1193	79,7	6	0,4
CT08206	1417	985	69,5	211	14,1
CT08249	1716	2027	118,1	215	15,2
CT08251	1721	1950	113,3	230	13,4
CT08266	1423	946	66,5	117	6,8
BK1921	1419	570	40,2	97	6,8
Tsoz400-R	1760	855	48,6	63	4,4
Tsoz401-R	1591	25	1,6	54	3,1
Tsoz402-R	1412	822	58,2	10	0,6
Tsoz403-R	1430	1174	82,1	44	3,1
Ogółem Total	23499	15553	66,2	1398	5,9

Na pożywce 190-2 z dodatkiem 0,5 mg/l KIN notowano wyższą częstotliwość regeneracji, tj. 11,1 roślin/100 androgenicznych struktur (w zależności od genotypu 2,5 do 46,7), natomiast stosując stężenie 1,5 mg/l KIN otrzymano 6,8 roślin/100 androgenicznych

struktur (0,3 do 33,3) — tab. 2, rys 3. Otrzymano również 1107 albinotycznych roślin (4,7/100 pylników), których nie uwzględniono w tabelach i dalszych analizach.



Rys. 1. Efektywność uzyskiwania androgenicznych struktur z 15 mieszańców pszenżyta ozimego
Fig. 1. Frequencies of embryo-like structures and obtained from 15 winter triticale hybrids



Rys. 2. Efektywność uzyskiwania androgenicznych roślin z 15 mieszańców pszenżyta ozimego
Fig. 2. Frequencies of androgenic plants obtained from 15 winter triticale hybrids

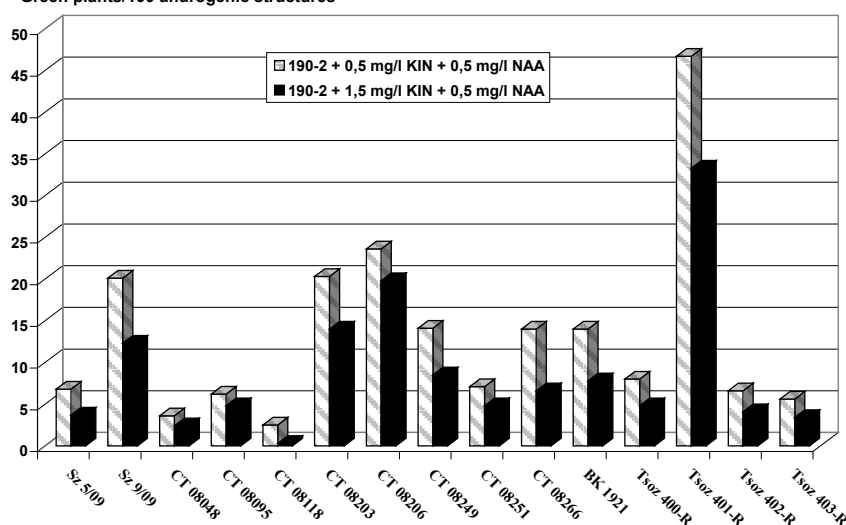
Tabela 2

Efektywność uzyskiwania androgenicznych roślin z 15 mieszańców pszenżyta ozimego na dwóch wariantach pożywki regeneracyjnej 190-2

Frequencies of androgenic plants obtained from 15 winter triticales hybrids on two variants of regeneration medium 190-2

Genotyp Genotype	Pożywka 190-2 zawierająca 0,5 mg/l KIN + 0,5 mg/l NAA Medium 190-2 containing 0,5 mg/l KIN + 0,5 mg/l NAA			Pożywka 190-2 zawierająca 1,5 mg/l KIN + 0,5 mg/l IAA Medium 190-2 containing 1,5 mg/l KIN + 0,5 mg/l IAA		
	liczba androgenicznych struktur no. of androgenic structures	zielone rośliny green plants		liczba androgenicznych struktur no. of androgenic structures	zielone rośliny green plants	
		liczba — no.	%		liczba — no.	%
Sz5/09	323	22	6,8	270	10	3,7
Sz9/09	447	90	20,1	447	55	12,3
CT08048	896	32	3,6	850	20	2,4
CT08095	627	39	6,2	627	30	4,8
CT08118	200	5	2,5	319	1	0,3
CT08203	693	141	20,3	500	70	14,0
CT08206	530	125	23,6	455	90	19,8
CT08249	1027	145	14,1	1000	85	8,5
CT08251	1000	71	7,1	950	46	4,8
CT08266	473	66	14,0	473	31	6,6
BK1921	300	42	14,0	270	21	7,8
Tsoz400-R	400	32	8,0	455	22	4,8
Tsoz401-R	15	7	46,7	10	3	33,3
Tsoz402-R	411	27	6,6	411	17	4,1
Tsoz403-R	587	33	5,6	587	20	3,4
Ogółem Total	7929	877	11,1	7624	521	6,8

**Zielone rośliny/100 androgenicznych struktur
Green plants/100 androgenic structures**



Rys. 3. Efektywność uzyskiwania androgenicznych roślin z 15 mieszańców pszenżyta ozimego na dwóch wariantach pożywki regeneracyjnej 190-2

Fig. 3. Frequencies of androgenic plants obtained from 15 winter triticales hybrids on two variants of regeneration medium 190-2

Tabela 3

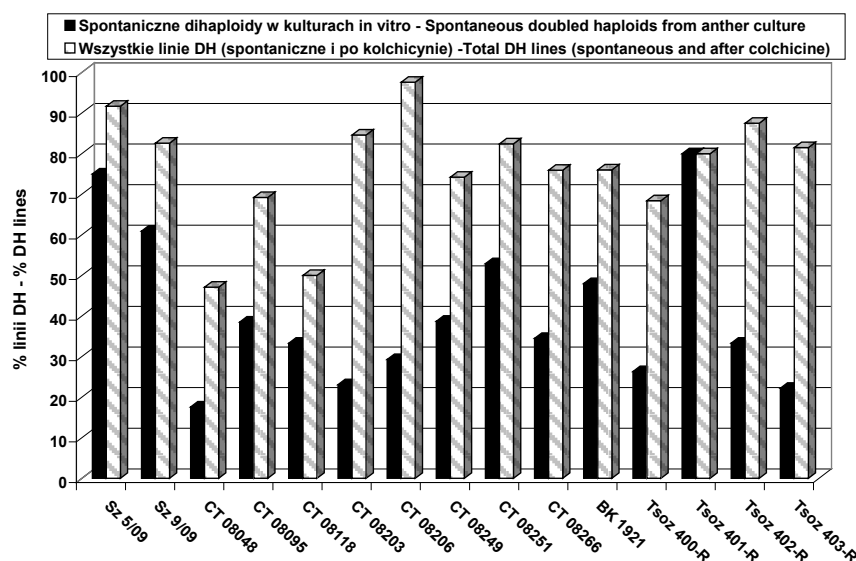
Efektywność uzyskiwania haploidów i podwojonych haploidów pszenżyta (otrzymanych spontanicznie i po kolchicynie) w kulturach pylnikowych 15 mieszańców

Frequencies of triticales haploids and doubled haploids (spontaneous and after colchicine treatment) obtained from anther culture of 15 hybrids

Genotyp Genotype	Liczba zielonych roślin No. of green plants	Haploidy Haploids		Podwojone haploidy — Doubled haploids						Aneuploidy Aneuploids	
				spontanicznie spontaneous		po kolchicynie after colchicine		ogółem total			
		l. -no.	%	l. -no.	% +	l. -no.	% *	l. -no.	% #	l. -no.	%
Sz5/09	12	3	25,0	9	75,0	2	66,7	11	91,7	—	—
Sz9/09	23	9	39,1	14	60,9	6	66,7	19	82,6	—	—
CT08048	17	13	76,5	3	17,6	5	38,5	8	47,1	1	5,9
CT08095	13	8	61,5	5	38,5	4	50,0	9	69,2	—	—
CT08118	6	4	66,7	2	33,3	1	25,0	3	50,0	—	—
CT08203	39	28	71,8	9	23,1	24	85,7	33	84,6	2	5,1
CT08206	41	29	70,7	12	29,3	28	96,5	40	97,6	—	—
CT08249	31	19	61,3	12	38,7	11	57,9	23	74,2	—	—
CT08251	34	16	47,1	18	52,9	11	68,8	28	82,4	—	—
CT08266	29	17	58,6	10	34,5	12	70,6	22	75,9	2	6,9
BK1921	25	11	44,0	12	48,0	7	63,6	19	76,0	2	8,0
Tsoz400-R	19	13	68,4	5	26,3	8	72,7	13	68,4	1	5,3
Tsoz401-R	10	2	20,0	8	80,0	0	0	8	80,0	—	—
Tsoz402-R	24	16	66,7	8	33,3	13	81,3	21	87,5	—	—
Tsoz403-R	27	21	77,8	6	22,2	16	76,2	22	81,5	—	—
Ogółem Total	350	209	59,7	133	38,0	148	70,8	281	80,3	8	2,3

⁺ spontanicznie podwojone haploidy / zielone rośliny; —⁺ doubled haploid plants / green plants

^{*} podwojone haploidy po kolchicynowaniu / rośliny haploidalne —^{*} doubled haploids after colchicine treatment/haploid



Rys. 4. Efektywność uzyskiwania podwojonych haploidów (otrzymanych spontanicznie i po kolchicynie) z 15 mieszańców pszenżyta

Fig. 4. Frequencies of triticales doubled haploids (spontaneous and after colchicine treatment) obtained from 15 hybrids

W wyniku analiz cytometrycznych poziomu ploidalności 350 zielonych roślin, pochodzących z 15 form mieszańcowych, stwierdzono 133 spontanicznie podwojone haploidy, tj. 38,0% (17,6–80,0% w zależności od genotypu), 209 haploidów, tj. 59,7% (20,0–77,8%) oraz 8 aneuploidów (średnio 2,3%). W wyniku kolchicynowania haploidów uzyskano 148 podwojonych haploidów (średnio 70,8%, w zależności od genotypu 25,0–96,5%). Zaobserwowano wysoką częstotliwość otrzymywania linii DH w wyniku spontanicznych podwojeń w trzech genotypach: Sz9/09 (60,9%), Sz5/09 (75,0%), Tsoz401-R (80,0%) oraz po kolchicynowaniu haploidów w czterech genotypach: CT08203 (85,7%), CT08206 (96,5%), Tsoz402-R (81,3%), Tsoz403-R (76,2%). Wszystkie rośliny hodowano do dojrzałości i ogółem uzyskano 281 linii DH, co stanowi 80,3% badanych regeneratów — tab. 3, rys. 4.

DYSKUSJA

W dotychczasowych badaniach nad uzyskiwaniem haploidów pszenżyta w kulturach pylnikowych stosowano różne pożywki regeneracyjne z modyfikacjami substancji wzrostowych. Androgeniczne struktury wykładano na pożywkę MS (Murashige i Skoog, 1963) zawierającą ½ stężenia soli mineralnych z MS, żelazo i witaminy z MS oraz substancje wzrostowe 0,5 mg/l IAA i 1,0 mg/l KIN (Immonen i Robinson, 2000) lub na pożywkę MS z dodatkiem 1,0 mg/l IAA i 1,0 mg/l BAP (Arzani i Darvey, 2002). González i Jouve (2000) testowali różne kombinacje regulatorów wzrostu (IAA, NAA, IBA, BAP, KIN, DICAMBA) w pożywce zawierającej związki mineralne wg Millera (1963) i obserwowali efektywną regenerację roślin na pożywce bez hormonów. González i in. (1997) dla indukcji organogenezy z powodzeniem zastosowali pożywkę N6 z dodatkiem 0,4 mg/l NAA oraz 1,0 mg/l IAA, natomiast Karsai i Bedö (1997) badali wpływ trzech pożywek podstawowych (190-2, MN6 oraz MS) na regenerację roślin i stwierdzili, że najefektywniejszą była pożywka 190-2, lecz dla niektórych genotypów uzyskano również dobrą regenerację na pożywce MN6.

Dotychczas wielokrotnie używano zmodyfikowaną pożywkę 190-2 i notowano zróżnicowaną efektywność regeneracji zielonych roślin (Pauk i in., 1991; Karsai i in., 1994; Immonen, 1996; Tuvešson i in., 2000). W prezentowanej pracy testowano wpływ dwóch stężeń kinetyny w pożywce 190-2 na regenerację androgenicznych roślin i stwierdzono wyższą częstotliwość stosując 0,5 mg/l KIN, w porównaniu z 1,5 mg/l KIN.

W wyniku analiz cytometrycznych roślin androgenicznych, z 15 badanych form stwierdzono średnio 38,0% roślin ze spontanicznie podwojoną liczbą chromosomów, pomimo że wcześniej autorki (Ślusarkiewicz-Jarzina i Ponitka, 2003) uzyskały 57,5% spontanicznych podwojeń w kulturach pylnikowych 7 form pszenżyta. Arzani i Darvey (2001) obserwowali średnio tylko 9% spontanicznych podwojeń w 14 badanych formach, natomiast Oleszczuk i in. (2004), w kulturach izolowanych mikrospor pszenżyta odmiany Bogo, stwierdzili 30,8% (w różnych doświadczeniach od 10,0 do 70,0%) regeneratów ze spontanicznie podwojoną liczbą chromosomów.

Częstotliwość uzyskiwania podwojonych haploidów (spontanicznych oraz po kolchicynowaniu haploidów) w naszych eksperymentach wynosiła średnio 80,3% (47,1 do 97,6%

w zależności od genotypu). Podobnie wcześniej Arzani i Darvey (2001) wykazali 82,3% (6,0 do 98,0%) podwojonych haploidów oraz Ślusarkiewicz-Jarzina i Ponitka (2003) otrzymały 82,8% (66,7 do 90,7%). Oleszczuk i in. (2004), w kulturach izolowanych mikrospor pszenżyta odmiany Bogo, uzyskali ogółem 92,0% linii DH w stosunku do wszystkich regenerantów.

Przedstawione przez nas wyniki wskazują, że można zwiększyć częstotliwość uzyskiwania androgenicznych roślin pszenżyta poprzez dobór odpowiednich stężeń substancji wzrostowych w pożywce regeneracyjnej. Wydaje się, że podwyższenie częstotliwości spontanicznych podwojeń liczby chromosomów w kulturach pylnikowych oraz opracowanie optymalnej metodyki kolchicynowania haploidów pozwoli uzyskać zadowalającą ilość linii DH pszenżyta.

WNIOSKI

1. Odpowiedni dobór stężenia kinetyny w pożywce regeneracyjnej pozwala zwiększyć częstotliwość regeneracji androgenicznych roślin pszenżyta.
2. Opracowanie optymalnych warunków dla indukowania spontanicznie podwojonych haploidów w kulturach pylnikowych oraz metodyki podwajania liczby chromosomów roślin haploidalnych stwarza możliwość podwyższenia wydajności uzyskiwania linii DH pszenżyta.

LITERATURA

- Arzani A., Darvey N. L. 2001. The effect of colchicine on triticales anther-derived plants: microspore pretreatment and haploid plant treatment using a hydroponic recovery system. *Euphytica* 122: 235 — 241.
- Arzani A., Darvey N. L. 2002. Androgenetic response of heterozygous triticales populations using a greenhouse hydroponic system. *Euphytica* 127: 53 — 60.
- Barnabás B., Pfahler P. L., Kovács G. 1991. Direct effect of colchicine on the microspore embryogenesis to produce dihaploid plants in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 81: 675 — 678.
- Chu C. C., Wang C. C., Sun C. S., Hsu C., Yin K. C., Chu C. Y., Bi F. Y. 1975. Establishment of an efficient medium for anther culture of rice through comparative experiments on the nitrogen sources. *Sci. Sinica* 18: 659 — 668.
- González J. M., Jouve N. 2000. Improvement of anther culture media for haploid production in triticales. *Cereal Research Comm.* 28: 65 — 71.
- González J. M., Jouve N. 2005. Microspore development during in vitro androgenesis in triticales. *Biologia Plantarum* 49: 23 — 28.
- Hassawi D. S., Liang G. H. 1990. Effect of cultivar, incubation temperature, and stage of microspore development on anther culture in wheat i triticales. *Plant Breed.* 105: 332 — 336.
- Hassawi D. S., Jiahua Q. I., Liang G. H. 1990. Effect of growth regulator and genotype production of wheat and triticales polyhaploids from anther culture. *Plant Breed.* 104: 40 — 45.
- Immonen A. S. T. 1996. Influence of media and growth regulators on somatic embryogenesis and plant regeneration for production of primary triticales. *Plant Cell Tiss. Org. Cult.* 44: 45 — 52.
- Immonen S., Robinson J. 2000. Stress treatment and ficoll for improving green plant regeneration in triticales anther culture. *Plant Sci.* 150: 77 — 84.
- Karsai I., Bedö Z., Hayes P.M. 1994. Effect of induction medium pH and maltose concentration on in vitro androgenesis of hexaploid winter triticales and wheat. *Plant Cell Tiss. Org. Cult.* 39: 49 — 53.
- Karsai I., Bedö Z. 1997. Effect of carbohydrate content on the embryoid and plant production in triticales anther culture. *Cereal Res. Comm.* 25: 109 — 116.

- Miller C. O. 1963. Kinetin and kinetin-like compounds. In: *Moderne Methoden der Pflanzen-Analyse*. Eds. H. F. Lenskens and M. C. Tracey. Springer-Verlag, Berlin. 6: 193 — 202.
- Murashige T., Skoog A. 1962. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum* 15: 473 — 497.
- Muranty H., Sourdille P., Bernard S., Bernard M. 2002. Genetic characterization of spontaneous diploid androgenetic wheat and triticale plants. *Plant Breed.* 121: 470 — 474.
- Navarro-Alvarez W., Baenzi Ger P. S., Eskridge K.M., Hugo M., Gustafson D. V. 1994. Addition on colchicine to wheat anther culture media to increase doubled haploid plant production. *Plant Breeding* 112: 192 — 198.
- Oleszczuk S., Sowa S., Zimny J. 2004. Direct embryogenesis and green plant regeneration from isolated microspores of hexaploid triticale (*X Triticosecale* Wittmack) cv. Bogo. *Plant Cell Rep.* 22: 885 — 893.
- Oleszczuk S., Rabiza-Swider J., Zimny J., Łukaszewski A. J. 2011. Aneuploidy among androgenic progeny of hexaploid triticale (*X Triticosecale* Wittmack). *Plant Cell Rep.* vol. 30/4: 575 — 586.
- Ouynang J. W., Liang H., Jia S. E., Zhang C., Zhao T.H., He L.Z., Jia X. 1994. Studies on the chromosome doubling of wheat pollen plants. *Plant Sci.* 98: 209 — 214.
- Pauk J., Manninen O., Mattila I., Salo Y., Pulli S. 1991. Androgenesis in hexaploid spring wheat F₂ populations and their parents using a multiple-step regeneration system. *Plant Breed.* 107: 18 — 27.
- Ponitka A., Ślusarkiewicz-Jarzina A., Wędzony M., Marcińska I., Woźna J. 1999. The influence of various in vitro culture conditions on androgenetic embryo induction and plant regeneration from hexaploid triticale (*X Triticosecale* Wittm.). *J. Appl. Genet.* 40: 165 — 174.
- Redha A., Attia T., Büter B., Saisingtong S., Stamp P., Schmid J. E. 1998. Improved production of doubled haploids by colchicine application to wheat (*Triticum aestivum* L.) anther culture. *Plant Cell Reports* 17: 974 — 979.
- Sharma C. C., Wang W. C., Sapra V. T. 1982. Effect of genotype, media and temperature pretreatment on callus initiation in triticale, wheat and rye anther cultures. *Cereal Res. Comm.* 10: 143 — 150.
- Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A. 1997. Effect of genotype and media composition on embryoid induction and plant regeneration from anther culture in triticale. *J. Appl. Genet.* 38: 253 — 258.
- Ślusarkiewicz-Jarzina A., Ponitka A. 2003. Efficient production of spontaneous and induced doubled haploid triticale plants derived from anther culture. *Cereal Res. Comm.* 31: 289 — 296.
- Thomas J., Chen Q., Howes N. (1997). Chromosome doubling of haploids of common wheat with caffeine. *Genome* 40: 552 — 558.
- Turesson S., Liungberg N., Johansson N., Karlsson K.E., Suis L.W., Josset J. P. 2000. Large-scale production of Wheat and triticale double haploids through the use of a single-anther culture method. *Plant Breed.* 119: 455 — 459.
- Wan Y., Duncan D. R., Rayburn A. L., Petolino J. F., Widholm J. M. 1991. The use of antimicrotubule herbicides for the production of doubled haploid plants from anther-derived maize callus. *Theor. Appl. Genet* 81: 205 — 211.
- Warzecha R., Sowa S., Salak-Warzecha K., Oleszczuk S., Śliwińska E., Zimny J. 2005. Doubled haploids in production of male sterility maintaining triticale (*Triticosecale* Wittmack) lines. *Acta Physiol. Plant.* 27: 245 — 250.
- Wang P., Chen Y. (1983). Preliminary study on production of high of pollen H₂ generation in winter wheat grown in the field. *Acta Agron. Sin.* 9: 283 — 284.
- Zamani G., Kovács E., Gouli-Vavdinoudi D., Roupakias G., Barnabas B. 2000. Regeneration of fertile doubled haploid plants colchicine-supplemented media in wheat anther culture. *Plant Breeding* 119: 461 — 465.
- Zhuang J.J., Xu J. 1983. Increasing differentiation frequencies in wheat pollen callus. In: *Cell and Tissue Culture Techniques for Cereal Crop Improvement*, Science Press. Beijing: 431.

WIESŁAW MAŁY
MARZENA IWAŃSKA

Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, SGGW w Warszawie

Przydatność metod oraz miar statystycznych do oceny stabilności i adaptacji odmian: przegląd literatury*

Usefulness of statistical methods and measures for evaluating cultivar stability and adaptation: an overview of research

W pracy przedstawiono przegląd najnowszego dorobku naukowego, publikowanego głównie w prestiżowych czasopismach, w zakresie zastosowań i badań przydatności wielu metod statystycznych do charakterystyki interakcji genotypowo-środowiskowej (interakcji GE) dla plonu i innych cech rolniczych odmian testowanych w doświadczeniach oraz analizy i interpretacji tej interakcji w kategoriach oceny odmian pod względem ich stabilności i adaptacji dla rozpatrywanych cech. Wśród rosnącego bogactwa klasycznych i oryginalnych metod, stosowanych w wymienionych badaniach nad oceną wartości gospodarczej odmian, dominują metody wielowymiarowe oparte na analizie składowych głównych, takie, jak analiza AMMI (ang. the additive main effects and multiplicative interaction model-based analysis), analiza GGE (ang. the genotype main effects and genotype $\times$ environment interaction effects model-based analysis) oraz łączna analiza skupień i AMMI lub GGE. Stosowane są także dość szeroko metody oparte na relatywnie prostych miarach stabilności i szerokiej adaptacji odmian pod względem badanych cech. To wyjątkowo bogate spektrum metod, przeznaczonych do wielostronnej oceny odmian z uwzględnieniem średnich genotypowych i efektów interakcji GE, stanowi wartościową ofertę metodyki statystycznej, z której szerzej powinni korzystać hodowcy i badacze wartości gospodarczej odmian roślin uprawnych w Polsce.

Słowa kluczowe: adaptacja odmian, analiza AMMI, analiza GGE, analiza skupień

In the paper results of the newest studies on using statistical methods to analysis and interpretation of genotype $\times$ environment interaction (GEI) on the basis of multi-environment trials (MET) are presented. The methods presented here facilitate to evaluate stability and adaptability of tested cultivars for yield and other quantitative traits. Both univariate and multivariate methods are considered. The set of the discussed multivariate methods includes mostly those which are based on singular value decomposition of respective GE data matrix, e.g. the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model-based analysis, the genotype main effects and genotype $\times$ environment interaction effects (GGE) model-based analysis as well as combined cluster and AMMI or GGE analyses called

* Publikacja została wykonana w ramach projektu badawczego No. N N310 091136 finansowanego przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego w latach 2009–2011 w Katedrze Agronomii i Katedrze Doświadczalnictwa i Bioinformatyki SGGW w Warszawie

usually pattern analyses. Also, methods involving simple measures of cultivar stability and wide adaptability are overviewed. The all considered methods are addressed to plant breeders and cultivar evaluators who could and should use them in wider scale to improve reliability of testing new germplasm in order to implement effectively genetic gain to agricultural practice in Poland.

Key words: AMMI analysis, cluster analysis, cultivar adaptation, GGE analysis

PODSTAWOWE POJĘCIA UŻYWANE W PRACY

- **Odmiana** jest to zbiorowość roślin w obrębie botanicznej jednostki systematycznej najniższego znanego stopnia, która niezależnie od tego, czy w pełni odpowiada warunkom przyznania wyłącznego prawa:
 - jest określona na podstawie przejawianych właściwości wynikających z określonego genotypu lub kombinacji genotypów, jest odróżnialna od każdej innej zbiorowości roślin na podstawie co najmniej jednej z przejawianych właściwości,
 - pozostaje niezmieniona po rozmnożeniu (Ustawa z dnia 26 czerwca 2003 roku o nasiennictwie).
- **Środowisko (warunki środowiskowe) w produkcji roślinnej** jest to określony rodzaj czynników otoczenia w przestrzeni rolniczej (agroekosystemach i systemach uprawy) oraz czasie, które wpływają na wzrost i rozwój roślin uprawnych. Należą do nich: czynniki abiotyczne, obejmujące warunki glebowe oraz pogodowe (promieniowanie słoneczne, temperaturę, ilość opadów i inne), czynniki biotyczne, obejmujące natężenie chorób i szkodników, a także czynniki uprawowe i technologiczne (ang. post-harvest practices), np. suszenie tytoniu, przechowywanie plonu. Zatem, w doświadczałnictwie odmianowym wyróżnia się trzy rodzaje środowisk, tj. miejscowości (stacje oceny odmian, ang. locations lub testing stations), lata, czyli sezony wegetacyjne (ang. years lub seasons) oraz systemy uprawy roślin (ang. cropping systems) obejmujące głównie zmianowanie (ang. crop rotation) oraz zabiegi uprawowe (ang. crop managements), takie, jak dawka nawożenia N, uprawa gleby, ochrona roślin itp.). W naukowej nomenklaturze z zakresu hodowli roślin i oceny odmian, zwykle terminem środowisko określane są zwykle miejscowości, czyli stacje oceny odmian, tzn. środowiska rolnicze zwane też agroekosystemami.
- **System (układ) odmianowo-środowiskowy lub genetyczno-środowiskowy danego gatunku roślin** jest współlistnieniem zarówno danej puli genowej odmian tego gatunku (tkwiącej w populacji istniejących i potencjalnych odmian oraz obiektów genetycznych, stanowiących źródło materiałów do tworzenia odmian w danym programie hodowlanym), jak i rozpatrywanego (docelowego) rejonu uprawy tego gatunku, rozumianego jako populacja pól uprawnych (miejscowości), z których składa się ten rejon uprawy. Dana seria wielokrotna lub wielokrotna i wieloletnia doświadczeń odmianowych powinna możliwie dobrze reprezentować interesujący system genetyczno-środowiskowy.
- **Seria wielokrotna doświadczeń odmianowych** jest wykonywaniem doświadczeń z tymi samymi odmianami (zwykle wybranymi celowo) w wielu miejscowościach,

- wybranych reprezentatywnie lub celowo w rozpatrywanym rejonie uprawy (tzw. rejonie docelowym — ang. target region), w jednym sezonie wegetacyjnym (roku).
- **Seria wielokrotna i wieloletnia doświadczeń odmianowych** jest wykonywaniem doświadczeń z tymi samymi odmianami (zwykle wybranymi celowo) w wielu miejscowościach, wybranych reprezentatywnie lub celowo w rozpatrywanym rejonie uprawy oraz powtórzonych w wielu sezonach wegetacyjnych (latach).
 - **Interakcja genotypowo-środowiskowa** jest zjawiskiem, polegającym na różnej (nierównoległej) reakcji danej cechy (np. plonu, składowych plonu, cech jakości plonu, cech fenologicznych, porażenia roślin chorobami itp.) badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe. Ta interakcja wyraża się jednocześnie odmiennym zróżnicowaniem (i zwykle różnym rankingiem) odmian pod względem danej cechy w poszczególnych środowiskach. Wobec podanej definicji, w badaniach hodowlanych i ocenie odmian oceniana jest zawsze interakcja genotypowo-środowiskowa dla danej cechy.
 - **Średnia genotypowa plonu** danej odmiany jest średnią tej cechy w populacji lub małym zbiorze środowisk (miejscowości w rejonie uprawy, lat, systemów lub czynników uprawowych), w których odmiana jest badana. To pojęcie dotyczy także każdej innej cechy ilościowej roślin.
 - **Średnia środowiskowa plonu** w danym środowisku jest średnią tej cechy ze wszystkich badanych odmian w serii doświadczeń.
 - **Reakcja plonu danej odmiany na zmienne warunki środowiskowe (środowiskowa reakcja plonu odmiany)** jest funkcją empiryczną (łamaną) w układzie dwóch osi prostokątnych, powstałą z przyporządkowania środowiskom (podanych na osi OX symbolicznie lub w postaci średnich środowiskowych), odpowiednio obliczonych średnich dla plonu (tylko z powtórzeń, powtórzeń i lat, albo też powtórzeń, miejscowości i lat — zależnie od konstrukcji serii doświadczeń odmianowych i rozpatrywanego rodzaju środowisk) odmiany w tych środowiskach
 - **Średnia reakcja plonu badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe (środowiskowa średnia reakcja plonu badanych odmian)** jest funkcją w układzie dwóch osi prostokątnych, powstałą z przyporządkowania środowiskom (podanych na osi OX symbolicznie lub w postaci średnich środowiskowych), średnich środowiskowych plonu. Jest to tzw. łamana funkcja empiryczna albo funkcja tożsamościowa, odpowiednio w przypadku pierwszego lub drugiego sposobu przedstawiania środowisk na wykresie.
 - **Plon maksymalny w badanych środowiskach** jest najwyższym średnim plonem, uzyskanym przez jedną lub różne testowane odmiany w tych środowiskach.
 - Reakcja plonu maksymalnego na zmienne warunki środowiskowe (środowiskowa reakcja plonu maksymalnego) nazywamy przyporządkowanie środowiskom plonu maksymalnego.
 - **Stabilnością plonowania odmiany w sensie rolniczym lub dynamicznym** (zwaną w pracy stabilnością plonowania odmiany) nazywamy podobieństwo kształtu reakcji plonu rozpatrywanej odmiany do środowiskowej średniej reakcji plonu badanych odmian. Stabilność plonowania odmiany jest jej własnością relatywną, określającą

kształt reakcji plonu na środowiska w stosunku do innych badanych odmian, może być ona odmienna, zależnie od zbioru badanych odmian, w którym uczestniczy. W ten sam sposób definiuje się i analizuje stabilność innych ilościowych cech odmian.

- **Analizą stabilności plonowania odmian** nazywamy badanie, polegające na statystycznej ocenie stopnia stabilności plonowania testowanych odmian za pomocą podobieństwa kształtu reakcji plonu każdej odmiany do środowiskowej średniej reakcji plonu, a także na identyfikacji odmian plonujących stabilnie.
- **Odmianą plonującą stabilnie** nazywamy taką odmianę, która wykazuje bardzo duże podobieństwo kształtu reakcji plonu do środowiskowej średniej reakcji plonu badanych odmian, tzn., że jej reakcja plonu na zmienne warunki środowiskowe jest równoległa (w praktyce doświadczalnej prawie równoległa) do środowiskowej średniej reakcji plonu badanych odmian, czyli plon takiej odmiany jest ściśle skorelowany dodatnio ze średnimi środowiskowymi. Taką odmianę nazywa się także odmianą wiernie plonującą.
- **Miary lub wskaźniki stabilności plonowania odmiany** są takimi wskaźnikami statystycznymi (wielkościami liczbowymi zdefiniowanymi matematycznie i przyjmującymi konkretne wartości dla każdej badanej odmiany), które charakteryzują ilościowo stopień stabilności plonowania odmiany (miary ilościowe) lub tylko pozwalają uporządkować badane odmiany pod względem stopnia stabilności plonowania, dość zgodnie z porządkiem dokonanym na podstawie miary ilościowej (miary porządkujące). Stosuje się zwykle dwie równoważne ilościowe miary stabilności odmiany, tj. wariację stabilności Shukli i ekowalencję Wricke'go. oraz różne porządkujące miarami stabilności, opracowane głównie przez Hühna.
- **Szeroką adaptacją (nazywaną też szeroką lub ogólną zdolnością adaptacyjną) odmiany** określamy zdolność odmiany do relatywnie wysokiej produktywności, wyrażonej zdolnością do tworzenia plonu na relatywnie wysokim poziomie (w porównaniu do innych wartościowych odmian) w zmiennych warunkach środowiskowych rejonu uprawy, lat lub systemów uprawy. Jednakże, prawie zawsze szeroką adaptację odmiany odnosi się do jej wiernie, czyli stabilnie wysokiej produktywności w docelowym rejonie uprawy.
- **Wąską (lokalną, specyficzną) adaptacją odmiany** nazywamy zdolność odmiany do tworzenia plonu na relatywnie wysokim poziomie w pewnych rodzajach warunków środowiskowych (np. w podrejonach lub tylko w nisko- albo tylko wysoko-nakładowych systemach uprawy). Szeroka i wąska adaptacja odmiany są jej własnościami relatywnymi, określającymi szczególnie pożądane reakcje plonowania na środowiska w stosunku do innych badanych odmian. Mogą być one odmienna dla danej odmiany, zależnie od zbioru badanych odmian, w którym ona uczestniczy.
- **Analiza adaptacji odmian** jest badaniem, polegającym na wyróżnieniu i opisie odrębnych rodzajów reakcji plonu tych odmian na badane warunki środowiskowe oraz na wskazaniu odmian o szerokiej lub wąskiej adaptacji, a także na wyróżnieniu odmian nie przystosowanych (nisko plonujących) we wszystkich lub większości środowisk.
- **Analiza szerokiej adaptacji odmian** jest badaniem, polegającym na ocenie stopnia szerokiej adaptacji odmian.

- **Stopniem szerokiej adaptacji odmiany** nazywamy podobieństwo reakcji plonu tej odmiany na zmienne warunki środowiskowe do normatywnej reakcji plonu badanych odmian na te warunki środowiskowe na realnie możliwym (stwierdzonym empirycznie) odpowiednio wysokim poziomie. Rozsądne jest przyjęcie trzech normatywnych reakcji plonu na środowiska. Są nimi reakcja plonu maksymalnego na zmienne warunki środowiskowe, średnia reakcja plonu badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe oraz taka, która jest równoległa do średniej reakcji, ale podniesiona o pewną racjonalnie wybraną wartość. Zależnie od przyjętej jednej z trzech podanych normatywnych reakcji plonu, definiujemy w tej pracy stopień szerokiej adaptacji odmiany odpowiednio w sensie I, II lub III.
- **Miary lub wskaźniki stopnia szerokiej adaptacji odmiany** są wskaźnikami statystycznymi, które charakteryzują ilościowo (miary ilościowe) stopień szerokiej adaptacji tej odmiany w sensie I, II lub III, albo pozwalają uporządkować odmiany (miary porządkujące) względem stopnia szerokiej adaptacji, zgodnie z porządkiem dokonany na podstawie danej miary ilościowej. Niektóre z tych miar są oparte na teorii statystyki matematycznej, czyli wywodzą się z modelu statystycznego i są oparte na zasadach wnioskowania statystycznego. Inne zaś miary są oparte na teorii statystyki opisowej, czyli są zdefiniowane na gruncie ogólnej filozofii statystycznej lub nawet modelu statystycznego, ale ich analiza ogranicza się tylko do oszacowania z danych eksperymentalnych.
- **Miary parametryczne stopnia szerokiej adaptacji odmiany** są wskaźnikami statystycznymi, zdefiniowanymi na podstawie parametrów modelu mieszanego Shukli lub ich estymatorów.
- **Miary nieparametryczne stopnia szerokiej adaptacji odmiany** są wskaźnikami statystycznymi, zdefiniowanymi na podstawie rang estymatorów dla parametrów modelu mieszanego Shukli lub rang średnich w tabeli o postaci odmiany $\times$ środowiska.

WSTĘP

Większość ważnych cech rolniczych roślin uprawnych, takich jak plon, jego składowe lub cechy jakości plonu są zmiennymi ilościowymi (zwykle ciągłymi) i podlegają one zjawisku interakcji genotypowo-środowiskowej, którą określa się krótko interakcją GE dla danej cechy. Interakcja genotypowo-środowiskowa jest powszechnym zjawiskiem, polegającym na różnej, tj. nierównoległej reakcji danej cechy badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe w miejscowościach (stacjach oceny odmian), latach (sezonach wegetacyjnych) i systemach lub czynnikach uprawy roślin (Allard i Bradshaw, 1964; Caliński i in., 1980, 1983; Crossa, 1990; Basford i Cooper, 1998; Hill i in., 1997; Kang, 1998; Annicchiarico, 2002 a, b; Yan i Kang, 2003; Przystalski i in., 2008; Murphy i in., 2009; Romay in., 2010; Scapim i in., 2010). Ta interakcja wyraża się także w odmiennym zróżnicowaniu średnich odmianowych dla badanej cechy (i zwykle zróżnicowaniu rankingu tych średnich odmianowych — interakcja GE typu crossover lub interakcja jakościowa) w poszczególnych środowiskach (Gauch i Zobel, 1997; Yan i Kang, 2003; Ceccarelli i Grando, 2007; Carena i in., 2009; Mohammadi i in., 2010). Zatem, z powodu

interakcji GE w różnych środowiskach nie te same odmiany mogą relatywnie wysoko plonować.

Interakcja GE w miejscowościach [nazywana zwykle interakcją odmiany (genotypy) $\times$ miejscowości i oznaczana symbolem GL], dotycząca plonowania i innych ważnych cech rolniczych odmian ma poważne konsekwencje dla hodowli i uprawy roślin (Crossa 1990; Cooper i in., 1996; Gauch i Zobel, 1997; Hill i in., 1997; Basford i Cooper, 1998; Annicchiarico, 2002 a, b; Annicchiarico i in., 2005, 2006). Interakcję GE w miejscowościach dla plonowania i innych cech, stwierdzoną w swoim systemie odmianowo-środowiskowym, hodowca może:

- 1) pominąć, co jest nierozsądne (Kang, 1998; Atlin i in., 2000 a b; Sivapalan i in., 2003; Roozeboom i in., 2008; Blanche i in., 2009),
- 2) wykorzystać poprzez wytworzenie odmian o wąskiej (lokalnej) adaptacji (Cooper i in., 1996; Gauch i Zobel, 1997; Cooper 1999; Annicchiarico 2002 a,b; Chapman i de la Vega, 2002; Annicchiarico i in., 2005, 2006; Samonte i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Kaya i in., 2006; Ceccarelli i Grando, 2007; Gauch i in., 2008; Przystalski i in., 2008; Drzazga i in., 2009), albo
- 3) usunąć poprzez wytworzenie odmian o szerokiej adaptacji (Allard i Bradshaw, 1964; Eberhart i Russell, 1966; Ceccarelli, 1989; Kang i Pham, 1991, 1993, 1998; Braun i in., 1996, 1998; Cooper i in., 1996; Cooper 1999; Annicchiarico, 2002 b; Lillemo i in., 2005; Ceccarelli i Grando, 2007; Joshi i in., 2007 b; Gauch i in., 2008; Przystalski i in., 2008; Drzazga i in., 2009; Mohammadi i in., 2010; Scapim i in., 2010).

Szeroką adaptacją odmiany nazywamy zdolność do relatywnie wysokiej produktywności, wyrażonej poprzez tworzenie plonu na relatywnie wysokim poziomie (w porównaniu do innych badanych odmian) w przestrzennie zmiennych warunkach środowiskowych, czyli w populacji miejscowości w obrębie rozpatrywanego rejonu uprawy, zwanego rejonem docelowym (ang. target region) i w danym sezonie wegetacyjnym, czyli roku, albo średnio w latach (Barah i in., 1981; Ceccarelli, 1989; Eskridge i Johnson, 1991; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Braun i in., 1996, 1998; Hill i in. 1997; Cooper, 1999; de la Vega i in., 2001; Annicchiarico, 2002 a,b; Yan i Kang, 2003; Chloupek i Hrstkova, 2005; Lillemo i in., 2005; Yan i Tinker, 2005; Kaya i in., 2006; Joshi i in., 2007 b; Gauch i in., 2008). Szeroką adaptację odmian można wykrywać na podstawie środowiskowej reakcji plonu odmian w seriach doświadczeń odmianowych, wykonywanych w badaniach przedrejestrowych, rejestrowych i porejestrowym doświadczalnictwie odmianowym (PDO).

W pojęciu szerokiej adaptacji odmiany przyjmuje się, że rozpatrywany rejon uprawy ma odpowiednio duży zakres zmienności czynników biotycznych i abiotycznych (Brennan i Byth, 1979; Hill i in., 1997; Basford i Cooper, 1998; Atlin i in. 2000 a, b; Annicchiarico, 2002 a, b; Trethowan i in., 2002; Sharma i in., 2007; Singh i in., 2007; Roozeboom i in., 2008; Williams i in., 2008).

W praktyce rolniczej różnych krajów, także w Polsce, preferowane są odmiany najważniejszych roślin uprawnych o szerokiej adaptacji (Finlay i Wilkinson, 1963; Allard i Bradshaw, 1964; Brennan i Byth, 1979; Barah i in., 1981; Kang i Pham, 1991, 1993, 1998;

Braun i in., 1996, 1998; Link i in. 1996; Cooper, 1999; Mądry 2002; Dopierała i in., 2003; Yan i Kang, 2003; Lillemo i in., 2005; Kang i in., 2006; Weber i Zalewski, 2006; Fan i in., 2007; Joshi i in., 2007 b; Singh i in., 2007; Adugna, 2008; Paderewski i in., 2008; Williams i in., 2008; Blanche i in., 2009; Drzazga i in., 2009; Hernandez-Segundo i in., 2010; Mohammadi i in., 2010; Sharma i in., 2010; Stefanova i Buirchell, 2010).

Większość odmian o szerokiej adaptacji w przestrzennie zmiennych warunkach środowiskowych określonego rejonu uprawy odznaczają się jednocześnie lub kompromisowo dwiema własnościami. Odmiany wykazujące taką zdolność, plonują średnio względnie wysoko w stosunku do innych odmian (wykazują względnie wysokie średnie genotypowe dla plonu) oraz ich plonowanie jest w dużym stopniu stabilne (Eberhart i Russell, 1966; Brennan i Byth, 1979; Barah i in., 1981; Lin i in., 1986; Kang 1988, 1993, 1998; Crossa, 1990; Eskridge, 1990; Eskridge i Johnson, 1991; Eskridge i in., 1991; Kang i Pham, 1991; Helms, 1993; Yue i in., 1997, Rajfura i Mądry, 2001; Mądry, 2002; Mekbib, 2002, 2003; Tollenaar i Lee, 2002; Yan i Kang, 2003; Yan i Rajcan, 2003; Lillemo i in., 2005; Gauch i in., 2008; Mohammadi i in., 2008; Roozeboom i in., 2008; Blanche i in., 2007, 2009; Shah i in., 2009; Scapim i in., 2010; Sharma i in., 2010). Wysokie i stabilne plonowanie odmian, najczęściej zapewniające im szeroką adaptację, jest zjawiskiem skomplikowanym. Atrybuty te są wynikiem głównie znaczącej tolerancji odmian na stresy biotyczne i abiotyczne (Link i in., 1996; Hill i in., 1997; Robinson i Jalli, 1999; Tollenaar i Lee, 2002; Trethowan i in., 2002; Mulema i in., 2004; Howe i Brunner, 2005; Joshi i in., 2007 a,b; Sharma i in., 2007; Singh i in., 2007; Annicchiarico i Iannucci, 2008; Rodriguez i in., 2008; Ulukan, 2008; Albrizio i in., 2010).

INTERAKCJA GE, JEJ MODELOWANIE, ANALIZA ORAZ WYKORZYSTANIE W HODOWLI I UPRAWIE ROŚLIN

Interakcja genotypowo-środowiskowa, jako zjawisko polegające na nierównoległej reakcji danej cechy badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe w miejscowościach, latach albo systemach uprawy, może przyjmować dwie formy (kategorie), wyróżniane w hodowli roślin i ocenie odmian. Pierwsza z tych form współdziałania GE, nazywana interakcją jakościową lub przemianą (ang. crossover genotype $\times$ environment interaction, crossover GEI albo w skrócie COI) występuje wtedy, gdy uporządkowanie odmian pod względem średnich rozpatrywanej cechy nie jest identyczne w badanych środowiskach. Taką interakcję można nazwać przemianą lub przestawną interakcją genotypowo-środowiskową. Natomiast, jeżeli wspomniane uporządkowanie odmian jest identyczne w środowiskach, zaś odmianowe różnice średnich danej cechy są tylko ilościowo odmienne w środowiskach, choć mają ten sam znak, to występuje druga forma interakcji GE, nazywana ilościową interakcją GE (ang. noncrossover genotype $\times$ environment interaction, noncrossover GEI) — (Gauch Zobel, 1997; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003; Annicchiarico i in., 2006, 2008; Gauch, 2006; Yan i in., 2007; Yang 2007; Burgueno i in., 2008; Gauch i in., 2008). Ceccarelli i Grando (2007) wskazują, że interakcja jakościowa występuje bardzo często dla różnych gatunków roślin w różnych rejonach uprawy. Większe znaczenie dla środowiskowej reakcji odmian pod względem

danej cechy ma interakcja jakościowa. Ten rodzaj interakcji GE decyduje najbardziej o znaczącej niestabilności większości odmian w zbiorze badanych obiektów i zmniejsza szansę znalezienia odmian o dużym stopniu szerokiej adaptacji (Hühn, 1990 a, b, 1996; Braun i in., 1996, 1998; Gauch Zobel, 1997; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003; Dehghani, 2008).

W literaturze hodowlanej i uprawowej stosowany jest powszechnie termin „analiza i interpretacja interakcji GE”. Analiza i interpretacja interakcji GE w danym układzie odmianowo-środowiskowym polega na badaniu wpływu (efektów) odmian, środowisk oraz interakcji GE na rozpatrywaną cechę. Może być ona wykonywana za pomocą różnych podejść filozoficzno-metodycznych i metod statystycznych do opracowania danych eksperymentalnych z serii doświadczeń odmianowych. Najważniejszymi podejściami do analizy i interpretacji interakcji GE są analiza stabilności plonu lub innych cech odmian oraz analiza adaptacji odmian dla plonu (Lin i in., 1986; Becker i Leon, 1988; Crossa, 1990; Cooper i DeLacy, 1994; Cooper i Byth, 1996; Cooper i in., 1996; Kang, 1998; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003).

Stabilność odmiany pod względem pewnej cechy (głównie plonu) jest zdefiniowana na dwa główne sposoby, wynikające z dwóch koncepcji, tj. koncepcji stabilności statycznej (zwanej też stabilnością statyczną lub biologiczną) oraz koncepcji stabilności dynamicznej (zwanej też stabilnością dynamiczną lub rolniczą) — (Becker, 1981; Becker i Leon, 1988; Lin i in., 1986; Annicchiarico, 2002 b). Stabilność statyczna odmiany określona jest jako bliskość jej rzeczywistej reakcji pod względem danej cechy na zmienne warunki środowiskowe w rejonie uprawy do reakcji stałej (równoległej do osi OX). Natomiast, stabilność rolnicza odmiany jest bliskością jej rzeczywistej reakcji pod względem danej cechy na wymienione warunki środowiskowe do średniej reakcji środowiskowej wszystkich badanych odmian, którą można wyrazić także za pomocą korelacji średnich tej cechy odmiany w środowiskach ze średnimi środowiskowymi. Odmiana stabilna w sensie rolniczym dla danej cechy odznacza się taką reakcją na środowiska (kształtem reakcji), która jest prawie równoległa do średniej reakcji wszystkich badanych odmian, a więc jej cecha jest ściśle skorelowana ze średnimi środowiskowymi. Zatem, stabilność rolnicza danej odmiany pod względem określonej cechy jest jej własnością względną, tzn. zależy ona od zbioru odmian na tle którego jest badana. Z tego wynika, że ocena stabilności odmiany w danej populacji środowisk może być różna, jeżeli byłaby ona badana w różnych zbiorach odmian.

Istnienia odmian o stabilności statycznej dla plonu, a także innych cech rolniczych nie potwierdza obszerna literatura naukowa, oparta na badaniach doświadczalnych. Jest to zrozumiałe w obliczu wiedzy o uwarunkowaniu genetycznym i środowiskowym zmienności cech organizmów żywych i mechanizmach adaptacyjnych do środowiska (Basford i Cooper, 1998; Chloupek i Hrstkova, 2005; Howe i Brunner, 2005; Ulukan, 2008; Tollenaar i Lee, 2002). Zatem, koncepcja stabilności statycznej odmian jest raczej dość abstrakcyjna, nie mająca odzwierciedlenia w rzeczywistości. Z drugiej strony, gdyby nawet wyhodowano odmiany o stabilności statycznej dla plonu lub innych cech rolniczych, to nie byłyby one konkurencyjne dla odmian stabilnych w sensie rolniczym.

Hodowla roślin najważniejszych gatunków nastawiona jest na wytwarzanie odmian o wysokim stopniu stabilności w sensie rolniczym dla plonu i innych cech, ponieważ takie odmiany reagują (zachowują się) wiernie pod względem tych cech w różnych środowiskach, tzn. relatywnie do średniej odmianowej ekspresji cechy w środowisku i dlatego ich reakcja jest przewidywalna (Eberhart i Russell, 1966; Barah i in., 1981; Kang, 1998; Crossa, 1990; Eskridge 1990; Eskridge i Johnson, 1991; Eskridge i in., 1991; Kang, i Pham, 1991; Helms, 1993; Yue i in., 1997; Basford i Cooper, 1998; Rajfura i Mądry 2001; Mądry, 2002; Tollenaar i Lee, 2002, Yan i Kang, 2003; Yan i Rajcan, 2003; Lillemo i in., 2005; Gauch i in., 2008; Mohammadi i in., 2008; Roozeboom i in., 2008; Blanche i in., 2007, 2009; Shah i in., 2009; Scapim i in., 2010; Sharma i in., 2010). Odmiany w dużym stopniu stabilne w sensie rolniczym są przewidywalne w zmiennych warunkach środowiskowych w rejonie uprawy, co wspólnie z wysoką średnią plonu stanowi o ich szerokiej adaptacji. Zatem, w tej pracy, podobnie jak jest to powszechnie przyjęte, będziemy zajmowali się tylko rolniczą stabilnością odmian, nazywając ją krótko stabilnością odmian.

Szeroką adaptacją (nazywaną też szeroką lub ogólną zdolnością adaptacyjną albo adaptacyjnością) odmiany (ang. wide adaptation lub general adaptability) określamy zdolność odmiany do relatywnie wysokiej produktywności, wyrażonej zdolnością do tworzenia plonu na relatywnie wysokim poziomie (w porównaniu do innych wartościowych odmian) w zmiennych warunkach środowiskowych (Finlay i Wilkinson, 1963; Annicchiarico, 2002 b; Abidin i in., 2005; Chloupek i Hrstkova, 2005; Paderewski, 2008). Najczęściej szeroką adaptację odmian rozpatruje się w odniesieniu do populacji miejscowości w obrębie dużego i zmiennego rejonu uprawy, który może być określony w obrębie jednego kraju lub dużego rejonu geograficznego w wielu krajach (Braun i in., 1996; Link i in., 1996; Gauch i Zobel, 1997; Basford i Cooper, 1998; Haussmann i in., 2000; Sivapalan i in., 2000, 2003; Yan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a; Lillemo i in., 2005; Dreccer i in., 2007; Gomez-Becerra i in., 2007; Joshi i in., 2007 a, b; Sharma i in., 2007; Roozeboom i in., 2008; Drzazga i in., 2009; Annicchiarico i in., 2010). Można odnosić ją także do różnorodnych systemów lub poziomów czynników uprawowych (Singh i in., 2007; Annicchiarico i Iannucci, 2008; Przystalski i in., 2008; Carena i in., 2009; Kaut i in., 2009; Albrizio i in., 2010; Annicchiarico i in., 2010).

Wąską (lokalną, specyficzną) adaptacją odmiany (ang. local lub specific adaptation) nazywamy zdolność odmiany do tworzenia plonu na relatywnie wysokim poziomie w pewnych rodzajach warunków środowiskowych (np. w podrejonach, zwanych mega-środowiskami, albo w nisko- lub wysoko-nakładowych systemach uprawy) — (Cooper i in., 1996; Gauch i Zobel, 1997; Basford i Cooper, 1998; Cooper, 1999; Annicchiarico, 2002 a, b; Chapman i de la Vega, 2002; Annicchiarico i in., 2005, 2006; Samonte i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Kaya i in., 2006; Murphy i in., 2007; Przystalski i in., 2008).

Szeroka lub wąska adaptacja odmiany są jej własnościami relatywnymi, opisującymi określony rodzaj reakcji plonowania na środowiska w stosunku do innych badanych odmian. Każda z tych własności dla danej odmiany może być odmienna, zależnie od zbioru badanych odmian, w którym ona uczestniczy oraz od zmienności warunków przyrodniczych docelowego rejonu uprawy.

W programach hodowli roślin bardzo ważny jest wybór strategii i kierunku hodowli odmian o wąskiej lub szerokiej adaptacji. Uznaje się zwykle, że ten wybór powinien być zależny od proporcji wariancji efektów interakcji GE do wariancji głównych efektów genotypowych (odmianowych) plonu lub innych cech w danym układzie genetyczno-środowiskowym (Atlin i in., 2000 a, b; Annicchiarico, 2002 b; de la Vega i Chapman, 2006). Jeżeli wartość wariancji efektów interakcji GE, $\hat{\sigma}_{ge}^2$, jest podobna do wariancji głównych efektów genotypowych dla plonu, $\hat{\sigma}_g^2$, lub ich relacja jest mniejsza od jedności (przeważa wariancja głównych efektów genotypowych), to w takich okolicznościach efektywna może być hodowla odmian o szerokiej adaptacji. Natomiast, jeżeli znacząco przeważa wariancja efektów interakcji GE nad wariancją głównych efektów genotypowych, to proponuje się kierunek hodowli odmian o wąskiej adaptacji, jako skuteczny, ponieważ daje on większy postęp genetyczny, niż hodowla odmian szeroko przystosowanych do warunków w rejonie uprawy (Atlin i in., 2000 a, b; Annicchiarico, 2002 a, b; Chapman i de la Vega, 2002; Annicchiarico i in., 2005, 2006; de la Vega i Chapman, 2006).

PODEJŚCIA I METODY STATYSTYCZNE DO BADANIA STABILNOŚCI I ADAPTACJI ODMIAN W REJONIE UPRAWY

Jak podano w poprzednim podrozdziale, do oceny plonowania i innych cech odmian w danym rejonie uprawy, z uwzględnieniem efektów interakcji GE, stosuje się dwa główne podejścia statystyczne, nazywane analizą stabilności odmian i analizą adaptacji odmian. W każdym z tych podejść stosuje się różne metody statystyczne do analizy danych z wielokrotnych lub wielokrotnych i wieloletnich serii doświadczeń odmianowych. Celem analizy stabilności odmian jest ocena stopnia stabilności plonowania (lub innej cechy) testowanych odmian za pomocą podobieństwa kształtu reakcji plonu każdej odmiany do środowiskowej średniej reakcji plonu, a także na identyfikacji odmian plonujących stabilnie lub w dużym stopniu stabilnie. Natomiast, celem analizy adaptacji odmian jest wyróżnienie i opis odrębnych rodzajów reakcji plonu tych odmian na badane warunki środowiskowe oraz na wskazaniu odmian o szerokiej lub wąskiej adaptacji. Ze względu na ważność i specjalistyczne wymagania oceny szerokiej adaptacji odmian, w obrębie analizy adaptacji odmian wyróżnia się także analizę szerokiej adaptacji odmian. Stanowi ona podejście obejmujące modele, metody i miary statystyczne do oceny natężenia, czyli stopnia szerokiej adaptacji odmian. Warto podkreślić, że dotychczas w literaturze nie wprowadzono określenia „stopień szerokiej adaptacji odmiany”. Jednak, ideologia metod statystycznych posługujących się odpowiednimi miarami, nazywanymi czasami miarami adaptacyjności (ang. adaptability measures lub general adaptability measures) zawiera taką właśnie wymowę (Barah i in., 1981; Fox i in., 1990; Pritts i Luby, 1990; Piepho, 1995; Annicchiarico i Mariani, 1996; Flores i in., 1998; Annicchiarico, 2002 b; Luquez i in., 2002; Kang i in., 2006; Mohammadi i Amri, 2008; Scapim i in., 2010).

Wprowadzenie do metod analizy stabilności plonu i analizy adaptacji odmian

Szczegółowa analiza obszernej literatury dotyczącej badań stabilności i rodzajów adaptacji odmian (analizy stabilności i adaptacji) wskazuje, że pojęcie stabilności odmiany,

które jest tylko składnikiem szerokiej adaptacji jest często utożsamiane z szeroką adaptacją odmiany. Zatem, stabilność i szeroka adaptacja odmian oraz analiza stabilności i szerokiej adaptacji dla plonu i innych cech są rozumiane i stosowane bardzo swobodnie w ocenie i interpretacji reakcji odmian na zmienne warunki środowiskowe.

Wobec częstych przypadków niecisłego i niekonsekwentnego posługiwania się pojęciami i podejściami metodycznymi dotyczącymi stabilności i szerokiej adaptacji odmian, również parametry (miary) statystyczne służące do oceny zarówno stabilności, jak i szerokiej adaptacji odmian są nazywane bardzo często miarami stabilności odmian (Lin i in., 1986; Eskridge, 1990; Hühn, 1990 a, b; Eskridge i Johnson, 1991; Eskridge i in., 1991; Duarte i Zimmermann, 1995; Basford i Cooper, 1998; Flores i in., 1998; Piepho, 1999; Hussein i in., 2000; Scapim i in., 2000; Sabaghnia i in., 2006, 2008; Blanche i in., 2007; Solomon i in., 2007; Mohammadi i in., 2008, 2010; Segherloo i in., 2008). Także, analiza adaptacji odmian jest często nazywana analizą stabilności odmian. Tworzy to niemałą trudność w korzystaniu z literatury naukowej, zwłaszcza przez niedoświadczonych w tej materii naukowców i hodowców.

Jednakże, wielu badaczy i autorów publikacji w zakresie hodowli roślin i biometrii rozróżniają wyraźnie te odrębne pojęcia, podejścia metodyczne oraz miary. Odnoszą je odpowiednio do stabilności odmian (zwykle pod względem plonowania) i nazywają je odpowiednio stabilnością, analizą stabilności oraz miarami stabilności odmian albo do szerokiej adaptacji odmian i nazywają je odpowiednio szeroką adaptacją, analizą szerokiej adaptacji oraz miarami szerokiej adaptacji odmian (Bilbro i Ray, 1976; Barah i in., 1981; Becker i Leon, 1988; Kang, 1988, 1993; Fox i in., 1990; Pritts i Luby, 1990; Kang i Pham, 1991; Eskridge i in., 1992, 1993; Yau i Hamblin, 1994; Annicchiarico i Mariani, 1996; Annicchiarico, 2002 b; Luquez i in., 2002; Abidin i in., 2005; Kang i in., 2006; Mohammadi i Amri, 2008; Scapim i in., 2010). W tym opracowaniu literatury będziemy posługiwali się odpowiednio nazewnictwem, adekwatnie do treści merytorycznej określenia „stabilność odmian” lub „analiza stabilności”, używając go tylko do tych badań, w których wykonywano analizę stabilności odmian, zgodnie z podaną tu klasyczną definicją tego terminu. W innych przypadkach będziemy używali określenia „adaptacja odmian” lub „analiza adaptacji”.

Analizę stabilności i adaptacji odmian wykonuje się głównie dla plonu, ale także dla innych rolniczych cech roślin, głównie określających jakość plonu i porażenie chorobami (Robinson i Jalli, 1999; Grausgruber i in., 2000; Luquez i in., 2002; Robert, 2002; Dopierała i in., 2003; Joshi i in., 2007 a; Williams i in., 2008; Blanche i in., 2009; Murphy i in., 2009; Annicchiarico i in., 2010; Gomez-Becerra i in., 2010).

W praktyce oceny odmian nie wystarcza analiza stabilności odmian pod względem plonu lub innych cech. Bardzo ważna, a nawet decydująca o wartości rolniczej odmiany, jest średnia genotypowa badanej cechy. Jak podawano wcześniej, taka dwukryterialna ocena odmian, która łączy informację o średniej genotypowej cechy odmian i stabilności tej cechy, jest wykonywana w ramach analizy szerokiej adaptacji odmian. Zatem, analiza stabilności odmian, wykonywana za pomocą odpowiednich metod z uwzględnieniem parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności, towarzyszy zwykle analizie szerokiej adaptacji odmian z użyciem różnych miar stopnia szerokiej adaptacji.

Przykłady zastosowań metod i miar stabilności odmian

Aduana i Labuschagne (2002) zajmowali się oceną stopnia stabilności plonowania 10 oleistych odmian lnu, przeniesionych z Kanady do Etiopii. Badacze porównywali wzajemne skorelowanie pomiędzy parametrami stabilności w analizie regresji łącznej, tj. współczynnikiem funkcji regresji, wariancją odchyleń od funkcji regresji s_{di}^2 , wariancją stabilności Shukli σ_i^2 , parametrem ASV_i w analizie AMMI, współczynnikiem zmienności CV_i i współczynnikiem determinacji R^2 . Stwierdzili oni silne lub dość silne korelacje rang pomiędzy badanymi wskaźnikami. Oznacza to, że miary stabilności podobnie (zgodnie) porządkowały odmiany według ich stopnia stabilności plonowania. Miary analizy regresji łącznej i AMMI wykazywały podobną przydatność do wykrywania odmian o stabilnej reakcji plonu na środowiska. Annicchiarico i Perenzin (1994) porównywali wyniki analizy regresji łącznej i AMMI dla plonu odmian pszenicy w 31 miejscowościach we Włoszech, badanych przez 3 kolejne sezony wegetacyjne (1990–1992). Stwierdzili także, że obie metody, tj. analiza regresji łącznej i AMMI wykazują podobną przydatność do wykrywania odmian o stabilnej reakcji na środowiska. Wamatu i Thomas (2002) badali stabilność plonu nasion 10 odmian grochu w 7 miejscowościach w Kenii, stosując analizę regresji łącznej i AMMI. Zidentyfikowali jednocześnie te same odmiany jako stabilnie reagujące na środowiska zarówno na podstawie podwójnych wykresów AMMI(1) i AMMI(2), jak i analizy regresji łącznej.

Yue i in. (1997) badali wzajemne korelacje pomiędzy wieloma parametrycznymi miarami stabilności plonowania odmiany, tj. ekowalencją Wricke'go, W_i^2 , współczynnikiem funkcji regresji, wariancją odchyleń od funkcji regresji, s_{di}^2 , współczynnikiem zmienności CV_i , a także dwiema nieparametrycznymi miarami Nassara i Huehna, tj. $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$. Autorzy wykorzystywali dane dla plonu nasion 12 odmian soi w 10 środowiskach (kombinacje 5 miejscowości $\times$ 2 lata) w stanie Kansas, USA w latach 1988–1989. Stwierdzono, że ekowalencja Wricke'go była silnie skorelowana z wariancją odchyleń od funkcji regresji oraz z dwiema miarami nieparametrycznymi $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$, zaś nie była ona znacząco skorelowana ze współczynnikiem funkcji regresji i współczynnikiem zmienności CV_i . Oznacza to, że tylko cztery rozpatrywane miary, tj. W_i^2 , s_{di}^2 , oraz $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$ wykazywały podobną przydatność do wykrywania odmian soi o stabilnej reakcji plonu na środowiska.

Cassida i in. (2005) zastosowali analizę AMMI do oceny stabilności plonowania odmian prosa różgowatego w zakresie zmienności środowiskowej. Wykorzystali oni dane dla plonu suchej masy ligniny i celulozy 9 odmian w 5 miejscowościach stanów południowo-centralnych USA w 3 latach. Wskazali oni odmiany o stabilnej reakcji rozpatrywanych cech na badane środowiska, decydującej o ich przydatności do uprawy w celu uzyskania surowca do produkcji biopaliwa. Również Li i in. (2006) badali stabilność plonowania 11 odmian pszenicy jarej w 20 środowiskach w Chinach za pomocą parametru ASV_i , jako miary stabilności AMMI(s). W obu wymienionych pracach potwierdzono skuteczność analizy AMMI do badania stabilności plonowania odmian.

Annicchiarico (1997) porównywał analizę regresji łącznej i analizę AMMI pod względem powtarzalności oceny stabilności odmian w różnych sezonach wegetacyjnych. Obie te metody, tj. analiza AMMI oraz miary stabilności oparte na modelu analizy regresji łącznej (współczynnik regresji i wariancja stabilności Shukli), okazały się pod tym względem podobne. Metody porównano na zbiorach danych, pochodzących z serii doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich, przeprowadzonych we Włoszech z pszenicą chlebową, pszenicą twardą, kukurydzą i owsem.

Przykłady zastosowań metod do badania adaptacji odmian

Do analizy adaptacji odmian stosuje się przeważnie cztery metody, tj. analizę regresji łącznej (ang. joint regression analysis), analizę AMMI [ang. the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model-based analysis], analizę GGE [ang. the genotype main effects and genotype $\times$ environment interaction effects (GGE) model-based analysis] oraz łączną analizę skupień i analizę GGE lub AMMI (ang. pattern analysis) — (Gauch, 1992, 2006; Caliński i in., 1995; Sivapalan i in., 2000, 2003; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003; Smith i in., 2005; Yan i Tinker, 2005; Kaya i in., 2006; Yan i in., 2007; Gauch i in., 2008; Paderewski, 2008; Paderewski i in., 2008, 2011). W Polsce dostępny jest pakiet statystyczny SERGEN (Caliński i in. 1995), który umożliwia zastosowanie większości wymienionych metod do analizy danych z serii odmianowych doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich. Był i jest on szeroko wykorzystywany przez hodowców i badaczy wartości gospodarczej odmian (Kaczmarek i in., 1997; Dopierała i in., 2003)

W pracy Annicchiarico i in. (2005) dokonano grupowania odmian pszenicy twardej pod względem rodzaju adaptacji za pomocą analizy AMMI na podstawie środowiskowej reakcji plonu odmian. Wydzielono grupy odmian o szerokiej adaptacji i odmian specyficznym przystosowanych do badanych środowisk, obejmujących 18 miejscowości w Algierii. Również w pracy Mohammadi i Amri (2009) dokonano grupowania odmian pszenicy twardej pod względem rodzaju adaptacji za pomocą analizy AMMI. Wydzielono grupy odmian o szerokiej adaptacji i odmian specyficznym przystosowanych do wyznaczonych grup środowisk w obrębie 19 miejscowości w Iranie. Zatem analiza AMMI umożliwiła wskazanie odmian stabilnie plonujących oraz odmian dobrze zaadaptowanych do środowisk o sprzyjających warunkach do plonowania oraz odmian zaadaptowanych do środowisk o niesprzyjających warunkach do plonowania.

Analiza AMMI wykorzystana przez Annicchiarico i in. (2006) okazała się przydatna do wykrywania odmian traw, należących do 4 gatunków, tj. kostrzewy trzcinowatej, kostrzewy czerwonej, wiechliny łąkowej, życicy trwałej o wąskiej adaptacji (specyficznym przystosowanych) do danej grupy środowisk we Włoszech na podstawie danych dla trwałości darni i gęstości runi. W pracy Annicchiarico i Piano (2005) na podstawie wyników analizy AMMI dla plonu suchej masy lucerny zidentyfikowano 3 odmiany o wąskiej adaptacji, czyli odmiany, które w odpowiednich dla nich warunkach środowisk we Włoszech plonowały relatywnie najwyżej, spośród badanych odmian. Ebdon i Gauch (2002), badając jakość zadarniania odmianami życicy trwałej i wiechliny łąkowej w USA, wskazali 3 spośród 125 odmian wiechliny łąkowej i 4 ze 123 odmian życicy trwałej o najlepszej jakości darni, specyficznym przystosowane do wyznaczonych grup środowisk.

Mulema i in. (2004) stosowali metodę AMMI do analizy stabilności i adaptacji odmian ziemniaków pod względem odporności na zarazę ziemniaczaną w 4 miejscowościach i 3 latach w Afryce. Za pomocą wykresu AMMI(1) badacze określili odmiany stabilne oraz o dużej średniej odporności na tę chorobę, czyli takie, które są relatywnie odporne na rozpatrywaną chorobę w różnych warunkach środowiskowych. Takie odmiany można nazwać obiektami genetycznymi o szerokiej adaptacji pod względem odporności na zarazę ziemniaczaną.

Analiza AMMI i GGE były stosowane do identyfikacji odmian o wąskiej i szerokiej adaptacji odmian łubinu na podstawie danych dla plonu z niekompletnej serii doświadczeń (Stefanova i Buirchell, 2010). Łączna analiza AMMI i analiza skupień została wykorzystana w pracy Annicchiarico i Perezin (1994) do zidentyfikowania odmian o wąskiej i szerokiej adaptacji odmian dla plonu pszenicy w 31 miejscowościach rozlokowanych na terenie Włoch. Paderewski (2008) oraz Paderewski i in. (2011) zaproponowali łączne zastosowanie analizy AMMI i analizy skupień do badania rodzajów adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie danych dla plonu z niekompletnej serii doświadczeń odmianowych. Autorzy wykazali skuteczność tej procedury na przykładzie doświadczeń przedrejestranych z odmianami pszenicy ozimej. Haussmann i in. (2000) do analizy stabilności plonowania i szerokiej adaptacji stosowali łączną analizę skupień i analizę GGE (ang. pattern analysis). Wykrywali odmiany sorga o szerokiej adaptacji jako te, które plonowały powyżej średniej środowiskowej w większości lub wszystkich badanych miejscowościach w Afryce.

Sharma i in. (2010) badali plonowanie 101 odmian (rodów) pszenicy ozimej w wielokrotnej i 4-letniej serii doświadczeń w dużej liczbie miejscowości Centralnej i Zachodniej Azji. Celem tych badań była ocena stabilności plonowania, a zwłaszcza ocena zdolności adaptacyjnej tych odmian za pomocą analizy GGE, w celu wybrania odmian o szerokiej adaptacji. Także Zhang i in. (2005) stosowali analizę GGE do porównania charakteru plonowania 100 odmian soi w stanie Virginia, USA, aby wybrać odmiany najwyżej i stabilnie plonujące, czyli posiadające szeroką adaptację.

Shah i in. (2009) wykonali analizę adaptacji odmian pszenicy, w której zastosowali metodę oceny odmian o szerokiej i wąskiej adaptacji na podstawie ich klasyfikacji pod względem jednocześnie średniej genotypowej plonu i wariancji stabilności. Wydzielili oni trzy grupy odmian. W pierwszej grupie znalazły się odmiany o średnio względnie wysokim i stabilnym plonie, czyli odmiany o szerokiej adaptacji. W drugiej grupie znalazły się odmiany o średnio względnie wysokim i niestabilnym plonie, czyli o lepszym przystosowaniu do niektórych warunków środowiskowych, czyli odmiany o wąskiej (specyficznej) zdolności adaptacyjnej. W trzeciej grupie znalazły się odmiany o średnio względnie niskim i stabilnym plonie, czyli odmiany nie posiadające zarówno szerokiej, jak i wąskiej adaptacji do warunków środowiskowych.

Metody analizy szerokiej adaptacji odmian z użyciem różnych miar

Z wcześniej podanego przeglądu literatury wynika, że wiele metod statystycznych stosowanych w analizie stabilności i analizie adaptacji odmian, zarówno tych do łącznego badania średniej genotypowej i stabilności plonu odmian, jak i rodzajów adaptacji odmian na podstawie ich środowiskowej reakcji cechy, prowadziły do identyfikacji takich odmian,

spośród badanych, które mają szeroką lub wąską adaptację. Szeroka adaptacja odmian była traktowana jako atrybut w skali dwu-wartościowej, obejmującej posiadanie zdolności odmiany do szerokiej adaptacji (wykazywanie szerokiej adaptacji) lub brak takich zdolności adaptacyjnych odmiany (nie wykazywanie szerokiej adaptacji, czyli wykazywanie wąskiej adaptacji lub brak adaptacji do wszystkich badanych warunków środowiskowych). Takie podejście zero-jedynkowe do oceny szerokiej adaptacji, która jest z natury atrybutem stopniowalnym, zbytnio upraszcza oraz zubaża metodologiczne możliwości ilościowej charakterystyki tego atrybutu. Dlatego, bardzo cenne są te metody analizy adaptacji odmian, które wykorzystują miary pozwalające na ilościową charakterystykę natężenia (stopnia) szerokiej adaptacji i na uporządkowanie odmian pod tym względem. Takie metody składają się na podejście metodyczne, nazwane analizą szerokiej adaptacji. Stosując je, badacz może stwierdzić nie tylko, które odmiany wykazują szeroką adaptację (było to także możliwe przy użyciu metod przedstawionych w podrozdziale 2.3.1), ale także określić natężenie, czyli stopień szerokiej adaptacji. Jest to szczególnie ważne dla odmian o najwyższych średnich genotypowych plonu w zbiorze badanych odmian i mogących posiadać przez to w dużym stopniu szeroką adaptację (Gauch i Zobel, 1997; Zhang i in., 2005; Annicchiarico i Iannucci, 2008; Sharma i in., 2007, 2010). Zostało opracowanych wiele metod i towarzyszących im miar statystycznych, przeznaczonych do analizy szerokiej adaptacji odmian (Lin i in., 1986; Becker i Leon, 1988; Fox i in., 1990; Hühn, 1990 a, b; Basford i Cooper, 1998; Flores i in., 1998; Hussein i in., 2000; Annicchiarico, 2002 b, Iwańska i in., 2008; Scapim i in., 2010).

Flores i in. (1998) zastosowali metodę analizy składowych głównych do wydzielenia grup miar skutecznych do oceny stabilności plonowania lub szerokiej adaptacji odmian. Wykorzystali dane dla plonu 12 odmian fasoli i 11 odmian grochu badanych w 16 miejscowościach w Hiszpanii, w latach 1988–1990. Wydzielili oni pięć grup miar przydatnych do oceny tylko stabilności plonowania lub tylko szerokiej adaptacji odmian fasoli i grochu. Grupy te zawierały odpowiednio tylko miary stabilności plonowania (wariancję stabilności Shukli, σ_i^2 lub dwie miary Hühna, tj. $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$), albo tylko miary stopnia szerokiej adaptacji odmian (w jednej grupie znalazła się średnia genotypowa plonu oraz P_i , CV_i i TOP_i , zaś w drugiej, cztery miary, tj. $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$, wskaźnik AMMI i RS_i).

Sabaghnia i in. (2008) badali wzajemne korelacje rang między średnią genotypową plonu soczewicy, jego wariancją środowiskową, miarą nadrzędności plonowania odmiany, P_i oraz kilkoma parametrami, wywodzącymi się z genotypowych parametrów interakcyjnych składowych głównych w modelu AMMI, które charakteryzują zmienność efektów interakcyjnych odmian. Te parametry wywodzące się z modelu AMMI były dość słabo skorelowane w cytowanych badaniach. Natomiast, miara nadrzędności plonowania odmiany, P_i , była skorelowana dość silnie i przeciwnie ze średnim plonem odmian oraz ich wariancją środowiskową (bezwzględne wartości współczynników korelacji rang były równe odpowiednio 0,7 i 0,8).

W celu określenia stabilności plonowania i szerokiej adaptacji odmian Adugna i Labuschange (2003) badali na podstawie 10 oleistych odmian lnu w 18 środowiskach w Etiopii, przeprowadzonych w latach 1996–1998, wzajemne korelacje rang pomiędzy

miarą stopnia szerokiej adaptacji odmian, tj. miarą nadrzędności plonowania odmiany, P_i , oraz miarami stabilności, tj. wariancją stabilności Shukli σ_i^2 , współczynnikiem zmienności CV_i , a także dwiema miarami nieparametrycznymi Nassara i Huehna, tj. $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$. Autorzy stwierdzili, że miara P_i była dość słabo skorelowana ze wszystkimi rozpatrywanymi miarami stabilności oraz wykazywała ona przydatność do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian. Natomiast miary stabilności, tj. wariancja stabilności Shukli oraz dwie miary nieparametryczne $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$ były dość silnie wzajemnie skorelowane. Oznacza to, że te trzy miary stabilności wykazywały przydatność do oceny stabilności plonowania odmian, czyli podobnie (zgodnie) porządkowały odmiany lnu według ich stopnia stabilności plonowania.

Scapim i in. (2010) badali wzajemne korelacje rang pomiędzy średnią genotypową plonu, trzema miarami stopnia szerokiej adaptacji odmian, tj. miarą nadrzędności plonowania odmiany P_i , miarą sumy rang Kanga RS_i oraz miarą Hühna $S_i^{(3)}$, a także miarami stabilności, tj. ekowalencją Wricke'go, W_i^2 , współczynnikiem funkcji regresji, wariancją odchyłeń od unkcji regresji s_{di}^2 oraz miarami stabilności Nassara i Hühna $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$. Autorzy wykorzystywali dane dla plonu ziarna 19 odmian kukurydzy typu popcorn w 21 środowiskach w Brazylii w roku 2006/07. Stwierdzili oni dość silne korelacje rang między miarami stabilności. Oznacza to, że miary te wykazywały przydatność do oceny stopnia stabilności plonowania odmian kukurydzy. Stwierdzili także dość silne korelacje rang pomiędzy badanymi miarami stopnia szerokiej adaptacji. Oznacza to, że miary P_i , RS_i oraz $S_i^{(3)}$ wykazywały przydatność do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian kukurydzy na ziarno prażone, ponieważ zgodnie porządkowały badane odmiany. Ponadto, autorzy tej pracy wykonali statystyczne badanie natury informacyjnej miar P_i i RS_i (skorelowania ze średnią genotypową i miarami stabilności plonu), mające na celu sprawdzenie własności statystycznych rozpatrywanych miar do poprawnej (zgodnej) oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian. Stwierdzili, że dwie miary stopnia szerokiej adaptacji odmian, tj. P_i i RS_i są znacznie silniej skorelowane ze średnią genotypową, niż z miarami stabilności plonu.

Rose i in. (2008) badali stabilność i szeroką adaptację dla plonu suchej masy 5 odmian trawy bermudagrass (*Cynodon dactylon* L. Pers.) w 11 środowiskach w Oklahomie, USA, stosując miary nieparametryczne Nassara i Hühna, tj. $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$, miarę sumy rang Kanga RS_i i metodę GGE. Stwierdzili oni, że miara Kanga RS_i oraz model GGE są przydatne do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian, a więc obie te metody zgodnie porządkowały badane odmiany pod względem stopnia szerokiej adaptacji. Blanche i in. (2007) zajmowali się oceną stabilności plonowania i szerokiej adaptacji 7 odmian bawełny w 18 środowiskach w stanie Luizjana, USA. Badali wzajemne skorelowanie pomiędzy parametrami modelu GGE, a dwiema miarami stopnia szerokiej adaptacji, tj. miarą nadrzędności plonowania odmiany P_i oraz miarą Kanga średniego plonu i jego stabilności YS_i , a także parametrami stabilności, tj. wariancją stabilności Shukli σ_i^2 , i wariancją odchyłeń od funkcji regresji s_{di}^2 . Stwierdzili oni silne lub dość silne korelacje rang pomiędzy badanymi trzema parametrami modelu GGE oraz dwoma parametrami

stabilności plonowania odmian, tj. σ_i^2 i s_{di}^2 . Oznacza to, że model GGE był przydatny do oceny stabilności plonowania. Stwierdzono także dość silne skorelowanie jednego parametru w modelu GGE z dwiema miarami stopnia szerokiej adaptacji, tj. YS_i i P_i . Oznacza to, że model GGE był także przydatny do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian.

Moghaddam i Pourdad (2009) badali stabilność plonowania i szeroką adaptację 17 odmian krokosza w 33 środowiskach w Iranie w latach 2003–2006, stosując miarę nadrzędności plonowania odmiany P_i , miarę sumy rang Kanga RS_i , miarę TOP_i , ekowalencję Wricke'go W_i^2 , współczynnik funkcji regresji, b_i , wariancję odchyłeń od funkcji regresji s_{di}^2 , wariancję środowiskową odmian, $s_{e(i)}^2$, a także cztery miary Nassara i Hühna, tj. $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$ oraz cztery miary Thennarasu'go, tj. $NP_i^{(1)}$, $NP_i^{(2)}$, $NP_i^{(3)}$, $NP_i^{(4)}$. Stwierdzili oni dość silne, dodatnie korelacje rang pomiędzy średnią genotypową plonu, a czterema miarami stopnia szerokiej adaptacji odmian, tj. b_i , P_i , RS_i i TOP_i . Na podstawie analizy składowych głównych (PCA), autorzy wykazali, że średnia genotypowa plonu i cztery miary, tj. b_i , P_i , RS_i oraz TOP_i były przydatne do poprawnej i zgodnej oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian krokosza. Stwierdzili oni także bardzo słabe korelacje rang pomiędzy średnią genotypową plonu, a pięcioma miarami stabilności, tj. W_i^2 , s_{di}^2 oraz $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$ i $NP_i^{(1)}$. Na podstawie analizy PCA uznali, że skorelowane miary $S_i^{(2)}$ i $NP_i^{(1)}$ były przydatne do poprawnej oceny stabilności plonowania odmian krokosza.

Jarvie i Shanahan (2009) stosowali miarę nadrzędności plonowania odmiany, P_i i ekowalencję Wricke'go, W_i^2 do oceny stabilności plonowania i adaptacji odmian soi pod względem odporności na porażenie rdzą w południowej Afryce i w 3 sezonach wegetacyjnych. Za pomocą wykresu podwójnego GGE badacze określili odmiany stabilne oraz o dużej (najwyższej) średniej odporności na tę chorobę, czyli takie, które są relatywnie odporne na rozpatrywaną chorobę w różnych warunkach środowiskowych. Te odmiany można nazwać obiektami genetycznymi o szerokiej adaptacji pod względem odporności na porażenie rdzą odmian soi.

Silva i Duarte (2006) badali korelacje rang między wieloma miarami stopnia stabilności plonowania i szerokiej adaptacji odmian soi w doświadczeniach przeprowadzonych w Brazylii. Stwierdzili oni bardzo silną korelację rang między miarą nadrzędności plonowania odmiany, P_i oraz niezawodnym plonem minimalnym odmiany, $I_{i(P)}$. Także, stwierdzono bardzo niską korelację każdej z tych miar, a ekowalencją Wricke'go, W_i^2 , jako miarą stopnia stabilności plonowania odmiany.

Yan i in. (2007) podali bardzo ciekawą koncepcję tzw. odmiany „idealnej” (ang. „ideal” genotype). Odmiana „idealna” została określona jako ta, spośród odmian badanych w danej serii doświadczeń, która wykazała najwyższą średnią genotypową plonu i plonowałaby idealnie stabilnie (jest to założenie formalne). Taka funkcja środowiskowej reakcji plonu odmiany „idealnej” stanowiłaby pewną reakcję normatywną (normę), jako punkt odniesienia do porównania środowiskowej reakcji każdej z badanych odmian. Byłaby ona alternatywną normą w stosunku do środowiskowej reakcji plonu średniego i

maksymalnego, które są wykorzystywane w konstrukcji odpowiednio miar niezawodności przewagi plonowania odmiany, R_i i $R_i(d_i)$ oraz miary nadrzędności plonowania odmiany, P_i . Autorzy porządkowali odmiany pszenicy pod względem stopnia szerokiej adaptacji na podstawie miary odległości środowiskowej reakcji plonowania danej odmiany od reakcji plonu odmiany „idealnej”, posługując się wykresem GGE. Taka miara jest podobna pod względem koncepcji do miary nadrzędności plonowania odmiany, P_i . To samo podejście zastosowali także Sharma i in. (2010) z dobrym skutkiem.

Ze względu na mnogość podejść, metod i wskaźników (miar) proponowanych do oceny stabilności i adaptacyjności odmian pod względem plonu oraz innych cech, przestrzegana jest zwykle zasada metodyczna, polegająca na stosowaniu wielu metod i wskaźników do badania zbioru odmian pod względem ich stabilności i adaptacyjności. Panuje przekonanie, że różne metody pozwalają ocenić wymienione własności odmian pod innym kątem i w ten sposób dostarczają informacji do wielostronnej i wyczerpującej oceny relatywnego zachowania się badanych odmian w zmiennych warunkach środowiskowych (Lin i in., 1986; Duarte i Zimmermann, 1995; Basford i Cooper, 1998; Flores i in., 1998; Grausgruber i in., 2000; Luquez i in., 2002; Solomon i in., 2007; Adugna. 2008; Baxevanos i in., 2008; Lillemo i in., 2010; Mohammadi i in., 2010; Scapim i in., 2010). Taka filozofia metodologiczna jest poprawna, jednak pod warunkiem, że wybrane metody do rozwiązania postawionych problemów w podjętych badaniach faktycznie dostarczają informacji alternatywnych i uzupełniają się w tworzeniu obrazu danego zjawiska (Cooper i DeLacy, 1994; Cooper i in., 1996; Solomon i in., 2007). W przeciwnym przypadku, jeśli różne miary są znacząco skorelowane, czyli podobnie porządkują odmiany pod względem stopnia stabilności plonowania lub szerokiej adaptacji, wystarczy stosować tylko jedną miarę (Duarte i Zimmermann, 1995; Sabaghnia, 2006; Silva i Duarte, 2006; Salomon i in., 2007; Mohammadi i in., 2010; Scapim i in., 2010). Badania nad zgodnością oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej za pomocą różnych miar parametrycznych i nieparametrycznych przeprowadziła Iwańska (2010).

LITERATURA

- Abidin P.E., Eeuwijk F.A., Stam P., Struik P.C., Malosetti M., Mwangi R.O.M., Odongo B., Hermann M., Carey E.E. 2005. Adaptation and stability analysis of sweet potato varieties for low-input systems in Uganda. *Plant Breed.* 124: 491 — 497.
- Adugna A. 2008. Assessment of yield stability in sorghum using univariate and multivariate statistical approaches. *Hereditas* 145: 28 — 37.
- Adugna W., Labuschagne M.T. 2002. Genotype-environment interactions and phenotypic stability analyses of linseed in Ethiopia. *Plant Breed.* 121: 66 — 71.
- Adugna W., Labuschagne M.T. 2003. Parametric and nonparametric measures of phenotypic stability in linseed (*Linum usitatissimum* L.). *Euphytica* 129: 211 — 218.
- Akcura M., Kaya Y. 2008. Nonparametric stability methods for interpreting genotype by environment interaction of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). *Gen. Mol. Biol.* 31: 906 — 913.
- Albrizio R., Todorovic M., Matic T., Stellacci A.M. 2010. Comparing the interactive effects of water and nitrogen on durum wheat and barley grown in a Mediterranean environment. *Field Crops Res.* 115: 179 — 190.
- Allard R.W., Bradshaw A.D. 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Sci.* 4: 503 — 508.

- Anbessa Y., Juskiw P., Good A., Nyachiro J., Helm J. 2010. Selection efficiency across environments in improvement of barley yield for moderately low nitrogen environments. *Crop Sci.* 50: 451 — 457.
- Annicchiarico P., Abdelguerfi A. Ben Younes M., Bouzerzour H., Carroni A.M., Pecetti L., Tibao G. 2008. Adaptation of sulla cultivars to contrasting Mediterranean environments. *Austr. J. Agric. Res.* 59: 702 — 706.
- Annicchiarico P. 1997. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica* 94: 53 — 62.
- Annicchiarico P. 2002a. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmes. In: Kang M.S. (Ed.) *Quantitative genetics, genomics and plant breed.* CABI, Wallingford, UK.: 165 — 183.
- Annicchiarico P. 2002 b. Genotype-environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. *FAO Plant Production and Protection Paper No. 174.* Food and Agriculture Organization, Rome.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T. 2005. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs: A case study. *Crop Sci.* 45: 1741 — 1749.
- Annicchiarico P., Chiapparino E., Perenzin M. 2010. Response of common wheat varieties to organic and conventional production systems across Italian locations, and implications for selection. *Field Crops Res.* 116: 230 — 238.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T. 2006. Repeatable genotype×location interaction and its exploitation by conventional and GIS-based cultivar recommendation for durum wheat in Algeria. *Europ. J. Agron.* 24: 70 — 81.
- Annicchiarico P., Iannucci A. 2008. Adaptation strategy, germplasm type and adaptive traits for field pea improvement in Italy based on variety responses across climatically contrasting environments. *Field Crops Res.* 108: 133 — 142.
- Annicchiarico P., Mariani G. 1996. Prediction of adaptability and yield stability of durum wheat genotypes from yield response in normal and artificially drought-stressed conditions. *Field Crops Res.* 46: 71 — 80.
- Annicchiarico P., Perenzin M. 1994. Adaptation patterns and definition of macro-environments for selection and recommendation of common-wheat genotypes in Italy. *Plant Breed.* 113: 197 — 205.
- Atlin G.N., Baker R.J., McRae K.B., Lu X. 2000 b. Selection response in subdivided target regions. *Crop Sci.* 40: 7 — 13.
- Atlin G.N., McRae K.B., Lu X. 2000a. Genotype region interaction for two-row barley yield in Canada. *Crop Sci.* 40: 1 — 6.
- Basford K.E., Cooper M. 1998. Genotype×environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Austr. J. Agric. Res.* 49: 153 — 174.
- Barah B.C., Binswanger H.P., Rana B.S., Rao N.G.P. 1981. The use of risk aversion in plant breeding; concept and application. *Euphytica* 30: 451 — 458.
- Baxevanos D., Goulas C., Tzortzios S., Mavromatis A. 2008. Interrelationship among and repeatability of seven stability indices estimated from commercial cotton (*Gossypium hirsutum* L.) variety evaluation trials in three Mediterranean countries. *Euphytica* 161: 371 — 382.
- Becker H.C. 1981. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30: 835 — 840.
- Becker H.C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101: 1 — 23.
- Bilbro J.D., Ray L.L. 1976. Environmental stability and adaptation of several cotton cultivars. *Crop Sci.* 16: 821 — 824.
- Blanche S.B., Myers G.O., Kang M.S. 2007. GGE biplots and traditional stability measures for interpreting genotype by environment interactions. *J. Crop Improv.* 20: 123 — 135.
- Blanche S.B., Utomo H.S., Wenefrida I., Myers G.O. 2009. Genotype x environment interactions of hybrid and varietal rice cultivars for grain yield and milling quality. *Crop Sci.* 49: 2011 — 2018.
- Blum A. 1980. Genetic improvement of drought adaptation. In: *Adaptation of plants to water and high temperature stress.* (Eds.): N.C. Turner, Kramer P.J. John Wiley and Sons, New York: 450 — 452.
- Braun H.J., Rajaram S., van Ginkel M. 1996. CIMMYT's approach to breeding for wide adaptation. *Euphytica* 92: 175 — 183.

- Braun H.J., Ekiz H., Eser V., Keser M., 1998. Breeding priorities of winter wheat programs. In: Braun HJ, Altay F, Kronstad WE, Beniwal SPS, McNab A et al (eds) *Wheat: prospects for global improvement*. Kluwer, Dordrecht: 553 — 560.
- Brennan P.S., Byth D.E. 1979. Genotype $\times$ environmental interactions for wheat yields and selection for widely adapted wheat genotypes. *Austr. J. Agr. Res.* 30: 221 — 232.
- Burgueno J., Crossa J., Cornelius P.L., Yang R.C. 2008. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype $\times$ environment interaction. *Crop Sci.* 48:1291 — 1305.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1980. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. 1. Analiza ogólna. *Biul. Oceny Odmian* 12: 67 — 81.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1983. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. 2. Analiza szczegółowa. *Biul. Oceny Odmian* 15: 39 — 60.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN — a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biul. Oceny Odmian* 26-27: 39 — 41.
- Carena M.J., Yang J., Caffarel J.C., Mergoum M., Hallauer A.R. 2009. Do different production environments justify separate maize breeding programs? *Euphytica* 169: 141 — 150.
- Casanoves F., Baldessari J., Balzarini M. 2005. Evaluation of multi-environment trials of peanut cultivars. *Crop Sci.* 45: 18 — 26.
- Cassida K.A., Muir J.P., Hussey M.A., Read J.C., Venuto B.C., Ocumpaugh W.R. 2005. Biofuel component concentrations and yields of switchgrass in South Central U.S. environments. *Crop Sci.* 40: 692.
- Ceccarelli S. 1989. Wide adaptation: How wide? *Euphytica* 40: 197 — 205.
- Ceccarelli S., Grando S. 2007. Decentralized participatory plant breeding: an example of demand driven research. *Euphytica* 155: 349 — 360.
- Chapman S.C., Cooper M., Butler D.G., Henzell R.G. 2000. Genotype by environment interactions affecting grain sorghum. I. Characteristics that confound interpretation of hybrid yield. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 197 — 207.
- Chapman S.C., de la Vega A.J. 2002. Spatial and seasonal effects confounding interpretation of sunflower yields in Argentina. *Field Crops Res.* 73: 107 — 120.
- Chloupek O., Hrstkova P. 2005. Adaptation of crops to environment. *Theor. Appl. Gen.* 111: 1316 — 1321.
- Cochran W.G., Cox G.M. 1957. *Experimental designs*. 2nd ed. John Wiley & Sons, Inc., London.
- Cooper M. 1999. Concepts and strategies for plant adaptation research in rainfed lowland rice. *Field Crops Res.* 64: 13 — 34.
- Cooper M., Byth D.E. 1996. Understanding plant adaptation to achieve systematic applied crop improvement — a fundamental challenge. In: Cooper M., Hammer G.L. (Eds.), *Plant Adaptation, Crop Improvement*. CAB International/International Rice Research Institute (IRRI)/International Crops Research Institute for Semi Arid Tropics (CRISAT), Wallingford, UK/Los Banos, Laguna, Philippines/Hyderabad, India: 5 — 24.
- Cooper M., DeLacy I.H. 1994. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype by environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. *Theor. Appl. Genet.* 88: 561 — 572.
- Cooper M., DeLacy I.H., Basford K. E. 1996. Relationships among analytical methods used to analyze genotypic adaptation in multi-environment trials. In: *Plant Adaptation and Crop Improvement* (Eds Cooper M., Hammer G. L.), CAB International, Wallingford, UK: 191 — 224.
- Crossa J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44: 55 — 85.
- Dehghani H. 2008. Estimating yield stability by nonparametric stability analysis in maize (*Zea mays* L.). *Plant Breed. Seed Sci.* 58: 61 — 77.
- de la Vega A.J., Chapman S.C., Hall A.J. 2001. Genotype by environment interaction and indirect selection for yield in sunflower. I. Two-mode pattern analysis of oil and biomass yield across environments in Argentina. *Field Crop Res.* 72: 17 — 38.
- de la Vega A.J., Chapman S.C. 2010. Mega-environment differences affecting genetic progress for yield and relative value of component traits. *Crop Sci.* 50: 574 — 583.

- de la Vega A.J., Chapman S.C. 2006. Defining sunflower selection strategies for a highly heterogeneous target population of environments. *Crop Sci.* 46: 136 — 144.
- Dopierała P., Bujak H., Kaczmarek J., Dopierała A. 2003. Ocena interakcji genotypowo-środowiskowej plonu populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego. *Biul. IHAR* 230: 243 — 254.
- Dreccer M.F., Borgognone M.G., Ogbonnaya F.C., Trethowan R.M., Winter B. 2007. CIMMYT-selected derived synthetic bread wheats for rainfed environments: Yield evaluation in Mexico and Australia. *Field Crops Res.* 100: 218 — 228.
- Drzazga T., Paderewski J., Mądry W., Kajewski P. 2009. Ocena rodzajów reakcji plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach PDO na przestrzennie zmienne warunki przyrodnicze w kraju. *Biul. IHAR* 253: 71 — 82.
- Duarte J.B., Zimmermann M.J. 1995. Correlation among yield stability parameters in common bean. *Crop Sci.* 35: 905 — 912.
- Eberhard S.A., Russell W.A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- Ebdon J.S., Gauch H.G. 2002b. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: II. Cultivar recommendations. *Crop Sci.* 42: 497 — 506.
- Elandt R. 1964. Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczeń rolniczych. PWN, Warszawa.
- Epinat-Le Signor C., Dousse S., Lorgeou J., Denis J.B., Bonhomme R., Carolo P., Charcosset A. 2001. Interpretation of genotype $\times$ environment interactions for early maize hybrids over 12 years. *Crop Sci.* 41: 663 — 669.
- Eskridge K.M. 1990. Selection of stable cultivars using a safety-first rule. *Crop Sci.* 30: 369 — 374.
- Eskridge K.M., Byrne P.F., Crossa J. 1991. Selection of stable varieties by minimizing the probability of disaster. *Field Crops Res.* 27: 169 — 181.
- Eskridge K.M., Johnson B.E. 1991. Expected utility maximization and selection of stable plant cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 81: 825 — 832.
- Eskridge K.M., Mumm R.F. 1992. Choosing plant cultivars based on the probability of outperforming a check. *Theor. Appl. Genet.* 84: 494 — 500.
- Eskridge K.M., Smith O.S., Byrne P.F. 1993. Comparing test cultivars using reliability functions of test-check differences from on-farm trials. *Theor. Appl. Genet.* 87: 60 — 64.
- Fan X.M., Kang M.S., Chen H., Zhang Y., Tan J., Xu C. 2007. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agron. J.* 99: 220 — 228.
- Finlay K.W., Wilkinson G.N. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Austr. J. Agric. Res.* 14: 742 — 754.
- Flores F., Moreno M.T., Cubero J.I. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G $\times$ E interaction. *Field Crops Res.* 56: 271 — 286.
- 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.
- Fufa H., Stephen Baenziger P., Beecher B.S., Graybosch R.A., Eskridge K.M., Nelson L.A. 2005. Genotypic improvement trends in agronomic performances and end-use quality characteristics among hard red winter wheat cultivars in Nebraska. *Euphytica* 144: 187 — 198.
- Ghaderi A., Adams M.W., Saettler A.W. 1982. Environmental response patterns in commercial classes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.* 63: 17 — 22.
- Gauch H.G. 1992. Statistical analysis of regional yield trials. AMMI analysis of factorial designs. Elsevier Science, New York.
- Gauch H.G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488 — 1500.
- Gauch H.G., Piepho H.P., Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Sci.* 48: 866 — 889.
- Gauch H.G., Zobel R.W. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37: 311 — 326.
- Gomez-Becerra H., Morgounov A., Abugalieva A. 2007. Evaluation of yield grain stability, reliability and cultivar recommendation in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) from Kazakhstan and Siberia. *J. Cent. Eur. Agric.* 7: 649 — 660.

- Gomez — Becerra H.F., Yazici A., Ozturk L., Budak H., Peleg Z., Morgounov A., Fahima T., Saranga Y., Cakmak I. 2010. Genetic variation and environmental stability of grain mineral nutrient concentrations in *Triticum dicoccoides* under five environments. *Euphytica* 171: 39 — 52.
- Grausgruber H., Oberforster M., Werteker M., Ruckebauer P., Vollmann J. 2000. Stability of quality traits in Austrian-grown winter wheats. *Field Crops Res.* 66:257 — 267.
- Haussmann B.I.G., Obilana A.B., Ayiecho P.O., Blum A., Schipprack W., Geiger H.H. 2000. Yield and yield stability of four population types of grain sorghum in a semi-arid area of Kenya. *Crop Sci.* 40: 319 — 329.
- Helms T.C. 1993. Selection for yield and stability among oat lines. *Crop Sci.* 33: 423 — 426.
- Hernandez-Segundo E., Capettini F., Trethowan R., van Ginkel M., Mejia A., Carballo A., Crossa J., Vargas M., Balbuena-Melgarejo A. 2009. Mega-environment identification for barley based on twenty-seven years of global grain yield data. *Crop Sci.* 49: 1705 — 1718.
- Herring M.R., O'Brien L. 2000. A regional adaptation analysis of oats in New South Wales and southern Queensland for grain yield and dry matter production. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 961 — 970.
- Hill J., Becker H.C., Tigerstedt P.M. 1997. Quantitative and ecological aspects of plant breeding. Chapman and Hall, London.
- Howe T.G., Brunner A.M. 2005. An evolving approach to understanding plant adaptation. *New Phytol.* 167: 1 — 5.
- Hühn M. 1990 a. Nonparametric measures of phenotypic stability: Part 1. Theory. *Euphytica* 47: 189 — 194.
- Hühn M. 1990 b. Nonparametric measures of phenotypic stability: Part 2. Applications. *Euphytica* 47: 195 — 201.
- Hühn M. 1996. Nonparametric analysis of genotype $\times$ environment interactions by ranks. In: Genotype by environment interaction. (Eds.): M.S. Kang, Gauch H.G. CRC Press, Boca Raton, FL, USA: 213 — 228.
- Hussein M.A., Bjørnstad A., Aastveit A.H. 2000. SASG X ESTAB: A SAS program for computing genotype $\times$ environment stability statistics. *Agron. J.* 92: 454 — 459.
- Iwańska M., Mądry W., Drzazga T., Rajfura A. 2008. Zastosowanie miar statystycznych do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie serii doświadczeń przedrejestrowych. *Biul. IHAR* 250: 67 — 86.
- Iwańska M. 2010. Przydatność różnych miar statystycznych do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej. Praca doktorska, Wydział Rolnictwa i Biologii, SGGW, Warszawa.
- Jalaluddin M.D., Harrison S.A. 1993. Repeatability of stability statistics for grain yield in wheat. *Crop Sci.* 33: 720 — 725.
- Jarvie J.A., Shanahan P.E. 2009. Assessing tolerance to soybean rust in selected genotypes. *Field Crops Res.* 114: 419 — 425.
- Joshi A.K., Ortiz-Ferrara G., Crossa J., Singh G., Alvarado G., Bhatta M.R., Duveiller E., Sharma R.C., Pandit D.B., Siddique A.B., Das S.Y., Sharma R.N., Chand R. 2007a. Associations of environments in South Asia based on spot blotch disease of wheat caused by *Cochliobolus sativus*. *Crop Sci.* 47: 1071 — 1081.
- Joshi K.D., Musa A.M., Johansen C., Gyawali S., Harris D., Witcombe J.R. 2007b. Highly client-oriented breeding, using local preferences and selection, produces widely adapted rice varieties. *Field Crops Res.* 100: 107 — 116.
- Kaczmarek Z., Adamski T., Surma M. 1997. The influence of cytoplasmic effects on yielding and stability of barley DH lines. W: Krajewski P., Kaczmarek Z (Ed), *Advances in Biometrical Genetics*, Poznań: 159 — 163.
- Kang M.S. 1988. A rank-sum method for selecting high yielding stable corn genotypes. *Cereal Res. Comm.* 16:113 — 115.
- Kang M.S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: Consequences for growers. *Agron. J.* 85: 754 — 757.
- Kang M.S. 1998. Using genotype-by environment interaction for crop cultivar development. *Adv. Agron.* 62: 199 — 253.
- Kang M.S., Aggarwal V.D., Chirwa R.M. 2006. Adaptability and stability of bean cultivars as determined via yield-stability statistic and GGE biplot analysis. *J. Crop Improvement* 15: 97 — 120.
- Kang M.S., Magari R. 1995. Stable: a basic program for calculating stability and yield-stability statistics. *Agron. J.* 87: 276 — 277.

- Kang M.S., Pham H.N. 1991. Simultaneous selection for high and stable crop genotypes. *Agron. J.* 83: 161—165.
- Kataoka S. 1963. A stochastic programming model. *Econometrika* 31:181 — 196.
- Kaut A.H.E.E., Mason H.E., Navabi A., O'Donovan J. T., Spaner D. 2009. Performance and stability of performance of spring wheat variety mixtures in organic and conventional management systems in western Canada. *J. Agric. Sci.* 147: 141 —153.
- Kaya Y., Akcura M., Ayranci R., Taner S. 2006. Pattern analysis of multi-environment trials in bread wheat. *Commun. Biometry Crop Sci.* 1: 63 —71.
- Léon J., Becker H. C. 1988. Repeatability of some statistical measures of phenotypic stability — Correlations between single year results and multi years results. *Plant Breed.* 100: 137 — 142.
- Li W., Yan Z.H., Wei Y.M., Lan X.J., Zheng Y.L. 2006. Evaluation of genotype × environment interactions in Chinese spring wheat by the AMMI model, correlation and path analysis. *J. Agron. Crop Sci.* 192: 221 — 227.
- Lillemo M., van Ginkel M., Trethowan R. M., Hernandez E., Crossa J. 2005. Differential adaptation of CIMMYT bread wheat to global high temperature environments. *Crop Sci.* 45: 2443 — 2453.
- Lillemo M., Singh R.P., van Ginkel M. 2010. Identification of stable resistance to powdery mildew in wheat based on parametric and nonparametric methods. *Crop Sci.* 50: 478 — 485.
- Lin C.S., Binns M.R. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. *Can. J. Plant Sci.* 68: 193 — 198.
- Lin C.S., Binns M. R., Lefkovich L. P. 1986. Stability analysis: where do we stand? *Crop Sci.* 26: 894 — 900.
- Link W., Schill B., von Kittlitz E. 1996. Breeding for wide adaptation in faba bean. *Euphytica* 92: 185 — 190.
- Luquez J. E., Aguirreza L. A. N., Aguero M. E., Pereyra V. R. 2002. Stability and adaptability of cultivars in non-balanced yield trials: Comparison of methods for selecting 'high oleic' sunflower hybrids for grain yield and quality. *J. Agron. Crop Sci.* 188: 225 — 234.
- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Roln. Seria A.* 116: 11 — 24.
- Mądry W. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy × środowiska. Część II. Model mieszany Shukli i model regresji łącznej. *Coll. Biom.* 33: 207 — 220.
- Mądry W., Rajfura A. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy × środowiska. Część I. Model mieszany Scheffego-Calińskiego i model regresji łącznej. *Coll. Biom.* 33: 181 — 206.
- Mądry W., Talbot M., Ukalski K., Drzazga T., Iwańska M. 2006. Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 13 — 31.
- Mekbib F. 2002. Simultaneous selection for high yield and stability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *J. Agric. Sci.* 138: 249 — 253.
- Mekbib F. 2003. Yield stability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Euphytica* 130: 147 — 153.
- Moghaddam M.J., Pourdad S.S. 2009. Comparison of parametric and non-parametric methods for analysing genotype x environment interactions in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *J. Agric. Sci.* 147: 601 — 612.
- Mohammadi R., Amri A. 2008. Comparison of parametric and nonparametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica* 159: 419 — 432.
- Mohammadi R., Amri A. 2009. Analysis of genotype x environment interactions for grain yield in durum wheat. *Crop Sci.* 49: 1177 — 1186.
- Mohammadi R., Pourdad S.S., Amri A. 2008. Grain yield stability of spring safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Austr. J. Agric. Res.* 59: 546 — 553.
- Mohammadi R., Haghparast R., Amri A. Ceccarelli S. 2010. Yield stability of rainfed durum wheat and GGE biplot analysis of multi-environment trials. *Crop Pasture Sci.* 61: 92 — 101.
- Mohebodini M., Dehghani H., Sabaghpour S.H. 2006. Stability of performance in lentil (*Lens culinaris* Medik) genotypes in Iran. *Euphytica* 149: 343 — 352.

- Möhrling J., Piepho H. P. 2009. Comparison of weighting in two-stage analysis of plant breeding trials. *Crop Sci.* 49: 1977 — 1988.
- Mulema J.M.K., Olanya O.M., Adipala E., Wagoire W. 2004. Stability of late blight resistance in population B potato clones. *Potato Research* 47: 11 — 24.
- Murphy K.M., Campbell K.G., Lyon S.R., Jones S.S. 2007. Evidence of varietal adaptation to organic farming systems. *Field Crops Res.* 102: 172 — 177.
- Murphy S.E., Lee E.A., Woodrow L., Seguin P., Kumar J., Rajcan I., Ablett G.R. 2009. Genotype × environment interaction and stability for isoflavone content in soybean. *Crop Sci.* 49: 1313 — 1321.
- Navabi A., Yang R.-C., Helm J., Spaner D.M. 2006. Can spring wheat-growing mega-environments in the Northern Great Plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Sci.* 46: 1107 — 1116.
- Paderewski J. 2008. Przydatność modelu AMMI do badania reakcji roślin rolniczych na warunki środowiskowe. Praca doktorska, Wydział Rolnictwa i Biologii, SGGW, Warszawa.
- Paderewski J., Mądry W., Pilarczyk W., Drzazga T. 2008. Retrospektywne badanie reakcji plonu odmian pszenicy ozimej na warunki środowiskowe w miejscowościach za pomocą łącznej analizy AMMI i skupień: ocena postępu genetycznego w plonowaniu. *Biul. IHAR* 250: 87 — 106.
- Paderewski J., Gauch H.G., Mądry W., Drzazga T., Rodrigues P.C. 2011. Yield response of winter wheat to agro-ecological conditions using Additive Main Effects and Multiplicative Interaction and cluster analysis. *Crop Sci.* 51: 969 — 980.
- Pham H.N., Kang M.S. 1988. Interrelationships among repeatability of several stability statistics estimated from international maize trials. *Crop Sci.* 28: 925 — 928.
- Piepho H.P. 1995. Assessing cultivar adaptability by multiple comparison with the best. *Agron. J.* 87: 1225 — 1227.
- 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.
- Pritts M., Luby J. 1990. Stability indices for horticultural crops. *HortScience* 25:740 — 745.
- Przystalski M., Osman A., Thiemt E.M., Rolland B., Ericson L., Østergård H., Levy L., Wolfe M., Büchse A., Piepho H.P., Krajewski P. 2008. Comparing the performance of cereal varieties in organic and non-organic cropping systems in different European countries. *Euphytica* 163: 417 — 433.
- Rajfura A., Mądry W., 2001. Metoda wyboru genotypów o szerokiej adaptacji wykorzystująca zarówno ich średnie w rejonie jak i stabilność plonowania. *Coll. Biom.*: 169 — 182.
- Robert N. 2002. Comparison of stability statistics for yield and quality traits in bread wheat. *Euphytica* 128: 333 — 341.
- Robinson J., Jalli M. 1999. Sensitivity of resistance to net blotch in barley. *J. Phytopathol.* 147: 235 — 241.
- Rodriguez M., Rau D., Papa R., Attene G. 2008. Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.): different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. *Euphytica* 163: 231 — 247.
- Romay M. C., Malvar R.A., Campo L., Alvarez A., Moreno-González J., Ordás A., Pedro R. 2010. Climatic and genotypic effects for grain yield in maize under stress conditions. *Crop Sci.* 50:51 — 58.
- Roozeboom K.L., Schapaugh W.T., Tuinstra M.R., Vanderlip R.L., Milliken G.A. 2008. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. *Crop Sci.* 48: 317 — 330.
- Rose L.W., Das M.K., Taliaferro C.M. 2008. A comparison of dry matter yield stability assessment methods for small numbers of genotypes of bermudagrass. *Euphytica* 164: 19 — 25.
- Sabaghnia N., Dehghani H., Sabaghpour S.H. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype x environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 — 1106.
- Sabaghnia N., Sabaghpour S.H., Dehghani H. 2008. The use of an AMMI model and its parameters to analyse yield stability in multi-environment trials. *J. Agric. Sci.* 146: 571 — 581.
- Samonte S.O., Wilson L.T., McClung A.M., Medley J.C. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Sci.* 45: 2414 — 2424.

- Scapim C.A., Oliveira V.R., Braccinil A.L., Cruz C.D., Andrade C.A.B., Vidigal M.C.G. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Gen. Mol. Biol.* 23: 387 — 393.
- Scapim C.A., Pacheco C.A., Amaral A.T., Vieira R.A., Pinto R.J., Conrado T.V. 2010. Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica* (w druku) .
- Segherloo A.E., Sabaghpour S.H., Dehghani H., Kamrani M. 2008. Nonparametric measures of phenotypic stability in chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica* 162: 221 — 229.
- Shah S.H., Shah S.M., Khan M.I., Ahmed M., Hussain I., Eskridge K.M. 2009. Nonparametric methods in combined heteroscedastic experiments for assessing stability of wheat genotypes in Pakistan. *Pak. J. Bot.* 41: 711 — 730.
- Sharma R.C., Ortiz-Ferrera G., Crossa J., Bhatta M.R., Sufian M.A., Shoran J., Joshi A.K., Chand R. Singh G., Ortiz R. 2007. Wheat grain yield and stability assessed through regional trials in the Eastern Gangetic Plains of South Asia. *Euphytica* 157: 457 — 464.
- Sharma R.C., Morgounov A.I., Braun H.J., Akin B., Keser M., Bedoshvili D., Bagci A., Martius C. van Ginkel M. 2010. Identifying high yielding stable winter wheat genotypes for irrigated environments in Central and West Asia. *Euphytica* 171: 53 — 64.
- Shukla G.K. 1972. Some aspects of partitioning genotype. environmental components of variability. *Heredity* 28:237 — 245.
- Silva W.C., Duarte J.B. 2006. Statistical methods to study phenotypic adaptability and stability in soybean (praca w języku portugalskim). *Pesq. agropec. bras.* Brasília 41:23 30 <http://www.scielo.br/pdf/pab/v41n1/28136.pdf>.
- Singh R.P., Huerta-Espino J., Sharma R., Joshi A.K., Trethowan R. 2007. High yielding spring bread wheat germplasm for global irrigated and rainfed production systems. *Euphytica* 157: 351 — 363.
- Sivapalan S., O'Brien L., 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. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 903 — 915.
- Sivapalan S., O'Brien L., Ortiz-Ferrera G., Hollamby G.J., Barclay I., Martin P.J. 2003. A comparative study for yield performance and adaptation of some Australian and CIMMYT/ICARDA wheat genotypes grown at selected locations in Australia and WANA region. *Austr. J. Agric. Res.* 54: 91 — 100.
- Smith A.B., Cullis B.R., Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *J. Agr. Sci. Cam.* 143: 449 — 462.
- Solomon K.F., Smit H.A., Malan E., Du Toit W.J. 2007. Comparison study using rank based nonparametric stability statistics of durum wheat. *World J. Agric. Sci.* 3: 444 — 450.
- Stefanova K.T., Buirchell B. 2010. Multiplicative mixed models for genetic gain assessment in lupin breeding. *Crop Sci.* 50: 880 — 891.
- St-Pierre C.A., Klinck H.R., Gauthier F.M. 1967. Early generation selection under different environments as it influences adaptation of barley. *Can. J. Oplant Sci.* 47: 507 — 517.
- Tollenaar M., Lee E.A. 2002. Yield potential, yield stability and stress tolerance in maize *Field Crops Res.* 75: 161 — 169.
- Trethowan R.M., van Ginkel M., Rajaram S. 2002. Progress in breeding wheat for yield and adaptation in global drought affected environments. *Crop Sci.* 42: 1441 — 1446.
- Ulukan H. 2008. Agronomic adaptation of some field crops: a general approach. *J. Agronomy & Crop Sci.* 194: 169 — 179.
- Waldron B.L., Asay K.H., Jensen K.B. 2002. Stability and yield of cool — season pasture grass species grown at five irrigation levels. *Crop Sci.* 42: 890 — 896.
- Wamatu J.N., Thomas E. 2002. The influence of genotype x environment interaction on the grain yields of 10 pigeonpea cultivars grown in Kenya. *J. Agron. Crop Sci.* 188: 25 — 33.
- Weber R., Zalewski D. 2006. Wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej na plonowanie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 33 — 42.
- Williams R.M., O'Brien L., Eagles H.A., Solah V.A., Jayasena V. 2008. The influences of genotype, environment, and genotype × environment interaction on wheat quality. *Aust. J. Agric. Res.* 95: 95 — 111.

- Wójcik A.R. 1987. Statystyka matematyczna z elementami rachunku prawdopodobieństwa i statystyki opisowej. Wydawnictwo SGGW-AR, Warszawa.
- Wricke G. 1965. Zur Berechnung der Ökivalenz bei Sommerweizen und Hafer. *Pflanzenzüchtung* 52: 127 — 138.
- Yang R.C. 2007. Mixed model analysis of crossover genotype x environment interactions. *Crop Sci.* 47: 1051 — 1062.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnick Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597 — 605.
- Yan W., Kang M.S. 2003. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton, FL, CRC Press.
- Yan W., Rajcan I. 2003. Prediction of cultivar performance based on single- versus multiple-year tests in soybean. *Crop Sci.* 43: 549 — 555.
- Yan W., Tinker N.A. 2005. An integrated system of biplot analysis for displaying, interpreting, and exploring genotype-by-environment interactions. *Crop Sci.* 45: 1004 — 1016.
- Yan W., Kang M.S., Ma B., Woods S., Cornelius P.L. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47: 643 — 655.
- Yau S.K., Hamblin J. 1994. Relative yield as a measure of entry performance in variable environments. *Crop Sci.* 34: 813 — 817.
- Yue G.L., Roozeboom K.L., Schapaugh W.T., Liang G.H. 1997. Evaluation of soybean cultivars using parametric and nonparametric stability estimates. *Plant Breed.* 116: 271 — 275.
- Zhang M., Kang M.S., Reese P.F., Harbans J., Bhardwaj L. 2005. Soybean cultivar evaluation via GGE biplot analysis. *J. New Seeds* 7: 37 — 50.

HENRYK J. CZEMBOR**JERZY H. CZEMBOR****ALEKSANDRA PIETRUSIŃSKA****OLGA DOMERADZKA**

Pracownia Genetyki Stosowanej

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Radzików

Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2010*

Resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) in barley cultivars included to registration trials in Poland in 2010

Określono uwarunkowania genetyczne odporności na mączniaka (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) u 9 odmian jęczmienia ozimego i 21 odmian jęczmienia jarego, które zostały włączone badań rejestrowych w Polsce w roku 2010. U odmian ozimych stwierdzono występowanie jednego lub więcej genów odporności związanych z locus *Mla* (*Mla6*, *Mla14*). W odmianach jarych stwierdzono obecność genów *Mla1*, *Ml 1-B-53* oraz *mlo*. W 3 odmianach ozimych oraz 2 odmianach jarych odporność uwarunkowana była genami niezidentyfikowanymi. Prowadzone badania wykazały, że na populację *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* występującą w Polsce odporne są tylko odmiany z genem *mlo* oraz 2 odmiany o bliżej nieokreślonych genach.

Słowa kluczowe: geny odporności, jęczmień, mączniak prawdziwy, odporność odmian

Genetic resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) was investigated among 9 winter barley cultivars and 21 spring barley cultivars included in the registration trials in Poland in the year 2010. Winter cultivars had one or more genes for resistance (*Mla6*, *Mla14*). In the spring cultivars the presence of the following genes was detected: *Mla1*, *Ml 1-B-53* and *mlo*. In 3 winter cultivars and 2 spring cultivars resistance was determined by unidentified genes. Based on the obtained results it was possible to conclude that only cultivars with gene *mlo* and 2 cultivars with unidentified genes had high level of resistance to population of *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* occurring in Poland.

Key words: barley, resistance genes, powdery mildew, resistance of cultivars

* Praca częściowo dofinansowana z programu wieloletniego MRiRW, zadanie 6.7

WSTĘP

Mączniak prawdziwy powodowany przez grzyba *Blumeria graminis* D.C. f.sp. *hordei* (Marchal) to jedna z ważniejszych chorób liści jęczmienia w Polsce. W różnych latach występuje ona z różnym nasileniem na terenie całego kraju powodując straty w plonach (Gacek i in., 1996). W warunkach sprzyjających dla rozwoju grzyba straty w plonie ziarna mogą sięgać 25% natomiast przeciętnie wynoszą ok. 10% (Kozdój i in., 2009). Silniejsze porażenie mączniakiem plantacji jęczmienia browarnego prowadzi do pogorszenia wartości technologicznej ziarna, jako surowca dla przemysłu piwowarskiego, głównie z powodu podwyższenia zawartości białka (Pecio i Bichoński, 2003). Straty w plonie ziarna można ograniczyć przez stosowanie w uprawie odpowiednich fungicydów, uprawę odmian odpornych oraz wykorzystanie naturalnych mechanizmów współzależności roślin między sobą i środowiskiem (Czembor i Gacek, 1990; Gacek, 1990; Nieróbca i in., 2003). Odporność uprawianych odmian na patogeny i możliwie zróżnicowana pod względem genetycznego jej uwarunkowania jest jednym z ważniejszych elementów nowoczesnej proekologicznej produkcji roślinnej. Znajomość genów odporności występujących w uprawianych odmianach jest konieczna do interpretacji współdziałania między populacją patogena a jego gospodarzem. Umożliwia to również rolnikom zwiększyć stabilność odporności przez właściwy z punktu widzenia zdrowotności dobór odmian, przestrzenne zróżnicowanie uprawy odmian o różnym uwarunkowaniu genetycznym odporności. W przypadku jęczmienia pastewnego uprawę mieszanek odpowiednio dobranych odmian (Czembor i Gacek, 1990; Gacek i in., 1996; Finckh i in., 1999).

Uwzględniając hipotezę Flora „gene-for-gene” można przez zakażanie roślin izolatami patogena o znanym zakresie wirulencji określić spektrum reakcji danej odmiany i na tej podstawie ustalić jej fenotyp odporności (Flor, 1956; Wolfe i McDermott, 1994; Czembor i Czembor, 2001).

Celem podjętych badań było określenie genów odporności na mączniaka prawdziwego występujących w odmianach jęczmienia jarego i ozimego przyjętych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2010.

MATERIAŁ I METODY

Odmiany jęczmienia

Tabela 1

Lista odmian jęczmienia ozimego włączona do badań COBORU w roku 2010
List of winter barley cultivars included to COBORU registration trials in 2010 (Siwiak, 2011)

Odmiana — Cultivar	Kraj pochodzenia — Origin	Hodowca — Breeder
BE 200010170 DE	DE	Borries-Eckendorf
BKH 3042	PL	HR Smolice
BKH 3115	PL	HR Smolice
DIE 11527.05 DE	DE	Dieckmann GmbH
LP 6-761 DE	DE	KWS Lochow GmbH
NORD 06060/73 DE	DE	Nordsaat Saatzucht
POA 6230/02/2	PL	HR Danko
SZD 4545	DE	Saatzucht Donau GmbH

W badaniach uwzględniono 9 odmian jęczmienia ozimego (tab. 1) i 21 odmian jęczmienia jarego przyjętych do badań rejestrowych w roku 2010 przez COBORU (tab. 2). Nasiona otrzymano od hodowców poszczególnych odmian.

Tabela 2

Lista odmian jęczmienia jarego włączonych do badań COBORU w roku 2010
List of spring barley cultivars included to COBORU registration trials in 2010 (Siwiak, 2010)

Odmiana — Cultivar	Kraj — Country	Hodowca — Breeder
AC 04/588/131	DE	Ackermann Saatzucht
BKH 131-4890	PI	HR Smolice
BKH 23/08	PL	HR Smolice
CHD 144/02-4E	FR	SECOBRA
LP 07/33	DE	KWS Lochow
MHR-PJ-0109	PL	MHR HBP
MHR-PJ-0209	PL	MHR HBP
MOB 6443/05	PL	HR DANKO
MOB 7765/05	PL	HR DANKO
MOB 7783/05	PL	HR DANKO
NORD 06/1108	DE	NORDSAAD
NORD 06/2402	DE	NORDSAAD
RAH 826/06	PL	HR Smolice
RAH 837/06	PL	HR Smolice
S. 16022	DE	Serasem
STH 7509	PL	HR Strzelce
STH 7609	PL	HR Strzelce
STH 7709	PL	HR Strzelce
STH 7809	PL	HR Strzelce
Sunshine	DE	Saatzucht J. Breun
SZD 4748	DE	Saadzuch Donau

Izolaty różnicujące

W badaniach wykorzystano 31 izolatów *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* z kolekcji Pracowni Genetyki Stosowanej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie (IHAR). Wybrane izolaty rozmnażano na podatnej odmianie Manchurian, a ich patogeniczność określono na siewkach zestawu linii izogenicznych Pallas (Kolster i in., 1986) i dodatkowo na 9. odmianach z genami innymi niż obecne w serii Pallas (tab. 3).

Ocena odporności

Badania prowadzono w szklarni IHAR w Radzikowie w okresie od października 2010 do kwietnia 2011. Siewki testowanych roślin uprawiano w warunkach sztucznego doświetlania (długość dnia 16 h) przy temperaturach w granicach 16–22°C. Inokulacji siewek dokonywano przez strząsanie nad nimi zarodników konidialnych z roślin porażonych wybranym izolatem. Po 8–10 dniach od inokulacji oceniano reakcję roślin w pięciostopniowej skali Mainsa i Dietza uzupełnionej o stopień 0(4) charakteryzujący reakcję odmian z genem *mlo* (za Czembor i Czembor, 2001). Rośliny o reakcji 0–2 klasyfikowano, jako odporne, 3–4 jako podatne, a 0(4) jako efekt obecności genu *mlo*.

Tabela 3

Reakcja odmian różnicujących jęczmienia na zakażenie 31 izolatami *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*
Reaction of differential set of barley cultivars after inoculation with 31 isolates of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Odmiana Cultivar	Gen Gene	Izolat — Isolate																
		1	3	4	6	8	9	11	12	13	17	18	19	20	21	24	24R	
Pallas	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
P01	<i>Mla1</i>	0	4	4	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
P02	<i>Mla3</i>	0	0	0	4	0	0	1	0	1	0	0	0	0	4	0	4	
P03	<i>Mla6</i> , <i>Mla14</i>	0	0	0	0	0	4	4	0	0	4	4	4	0	4	4	4	
P04A	<i>Mla7</i> , <i>Mlk</i> , +?	4	4	0	4	0	0	1	0	4	0	2	2	2	1	0	2	
P04B	<i>Mla7</i> , +?	4	4	2	4	0	0	0	0	4	4	4	4	4	1	0	4	
P06	<i>Mla7</i> , <i>MILG2</i>	4	4	2	4	0	4	0	0	4	2	4	4	1	0	0	4	
P07	<i>Mla9</i> , <i>Mlk</i>	4	4	0	4	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	2	0	
P08A	<i>Mla9</i> , <i>Mlk</i>	4	4	0	4	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	2	0	
P08B	<i>Mla9</i>	4	4	0	4	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	
P09	<i>Mla10</i> , <i>MIDu2</i>	4	4	0	4	0	4	0	0	4	0	0	0	4	0	0	0	
P10	<i>Mla12</i>	0	4	0	4	0	4	0	0	0	4	4	2	4	0	0	0	
P11	<i>Mla13</i> , <i>MIRu3</i>	4	4	4	4	0	0	0	0	0	0	4	4	0	0	0	0	
P12	<i>Mla22</i>	4	0	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	0	4	4	4	
P13	<i>Mla23</i>	4	1	2	4	2	2	1	2	2	1	2	2	2	1	2	1	
P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
P15	<i>Ml(Ru2)</i>	2	4	4	4	2	4	2	4	2	2	4	4	4	4	2	4	
P17	<i>Mlk</i>	4	4	2	2	0	2	2	2	4	0	2	2	2	2	2	1	
P18	<i>Mlnn</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	2	
P19	<i>Mlp</i>	2	2	2	2	2	2	2	2	0	2	2	2	2	0	2	2	
P20	<i>Mlat</i>	2	2	4	2	2	2	2	2	4	2	2	2	2	2	2	2	
P21	<i>Mlg</i> , <i>Ml(CP)</i>	4	4	0	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
P22	<i>mlo5</i>	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	3	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	
P23	<i>Ml(La)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	
P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	4	4	1	4	4	4	4	4	4	4	4	
Benedicte	<i>Mla9</i> , <i>Ml(IM9)</i>	0	4	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Lenka	<i>Mla13</i> , <i>Ml(Ab)</i>	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	0	0	0	0	
Gunnar	<i>Mla3</i> , <i>Ml(Tu2)</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Steffi	<i>Ml(St1)</i> , <i>l(St2)</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Kredit	<i>Ml(Kr)</i>	4	4	2	0	4	1	0	0	3	0	4	4	2	0	0	2	
Jarek	<i>Ml1192</i> , +?	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	
Triumph	<i>Mla7</i> , <i>Ml(Ab)</i>	4	0	4	4	4	0	4	4	0	4	4	4	0	4	0	4	
Borwina	<i>Ml(Bw)</i>	2	2	2	2	2	0	0	0	2	2	4	4	4	2	2	4	
Peggy	<i>Ml(Sl-1)</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Manchurian		4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	

c. d. Tabela 3

Odmiana Cultivar	Gen Gene	Izolat — Isolate														
		25	26	27	28	29	30	34	38	39	40	48	50	51	123	130
Pallas	<i>Mla8</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
P01	<i>Mla1</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4
P02	<i>Mla3</i>	0	0	0	0	4	0	1	0	0	4	0	0	1	0	4
P03	<i>Mla6,</i> <i>Mla14</i>	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	4	4	4	4	4
P04A	<i>Mla7,</i> <i>Mlk, +?</i>	4	0	0	0	4	1	2	0	4	2	0	4	4	4	4
P04B	<i>Mla7, +?</i>	4	0	2	0	4	1	4	0	4	2	0	4	4	4	4
P06	<i>Mla7,</i> <i>MILG2</i>	4	0	0	0	2	0	4	0	4	2	0	4	4	4	4
P07	<i>Mla9,</i> <i>Mlk</i>	4	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	4	0	4	0
P08A	<i>Mla9,</i> <i>Mlk</i>	4	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	4	0	4	0
P08B	<i>Mla9</i>	4	4	0	0	4	0	0	0	0	0	0	4	0	4	0
P09	<i>Mla10,</i> <i>MlDu2</i>	4	4	4	4	4	4	0	1	4	0	0	4	4	4	4
P10	<i>Mla12</i>	0	0	0	0	4	4	4	0	0	4	0	0	4	4	4
P11	<i>Mla13,</i> <i>MIRu3</i>	0	4	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	4	4
P12	<i>Mla22</i>	0	0	0	4	4	0	4	4	4	4	4	0	4	0	0
P13	<i>Mla23</i>	2	2	2	2	1	1	2	2	2	1	4	2	4	1	1
P14	<i>Mlra</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
P15	<i>Ml(Ru2)</i>	4	2	2	2	4	2	4	2	4	4	4	4	4	4	4
P17	<i>Mlk</i>	4	4	0	1	2	2	1	0	4	2	0	4	4	4	4
P18	<i>Mlnn</i>	4	2	2	4	2	2	4	4	4	2	4	4	4	4	2
P19	<i>Mlp</i>	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
P20	<i>Mlat</i>	4	2	2	2	2	2	2	2	2	4	2	2	4	2	4
P21	<i>Mlg,</i> <i>Ml(CP)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	0	0	4	4	4
P22	<i>mlo5</i>	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0 (4)
P23	<i>Ml(La)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	2
P24	<i>Mlh</i>	4	4	4	4	4	2	4	0	4	4	4	4	4	4	4
Benedicte	<i>Mla9,Ml(</i> <i>IM9)</i>	0	0	0	0	4	4	4	0	0	4	0	0	4	4	4
Lenka	<i>Mla13,Ml</i> <i>(Ab)</i>	0	2	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	4	4
Gunnar	<i>Mla3,</i> <i>Ml(Tu2)</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
Steffi	<i>Ml(St1),</i> <i>l(St2)</i>	3	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	2	4	4
Kredit	<i>Ml(Kr)</i>	4	4	0	0	4	0	4	0	2	2	0	2	4	4	4
Jarek	<i>Ml1192,</i> <i>+?</i>	4	2	2	4	2	2	4	4	4	2	4	4	4	4	2
Triumph	<i>Mla7,</i> <i>Ml(Ab)</i>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
Borwina	<i>Ml(Bw)</i>	4	2	1	2	2	2	4	2	2	4	3	4	4	4	4
Peggy	<i>Ml(SI-1)</i>	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2	0	4
Manchurian		4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4

Postulowanie genów odporności

Hipotezę o obecności w badanej odmianie specyficznego genu odporności sprawdzano na podstawie porównania jej reakcji z reakcją odmian różnicujących na zakażenie zestawem izolatów o znanym spektrum wirulencji. Identyfikacji genów odporności dokonywano przez eliminację genów odporności nieobecnych w badanej odmianie. Dalsze postępowanie polegało na określeniu obecności możliwych genów odporności zgodnych z hipotezą gen na gen. W przypadku, kiedy obserwowano porównywalną reakcję (ocena 3 i 4) na zakażenie danym izolatem przyjmowano, że badana odmiana nie ma genów odporności, dla których użyty izolat był awirulentny. Natomiast w przypadku niezgodnej reakcji (ocena 0–2) na zakażenie izolatem mającym tylko jeden gen awirulencji w stosunku do pozostałych możliwych genów odporności oznaczało to możliwość obecności w badanej odmianie postulowanego genu odporności (Flor, 1956; Brown i Jorgensen, 1991; Czembor i Czembor, 2001).

WYNIKI

Na podstawie reakcji siewek na zakażenie wybranymi izolatami *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* stwierdzono występowanie różnych genów odporności w 28 badanych odmianach jęczmienia. Dwie odmiany jęczmienia ozimego były podatna na wszystkie znane patotypy *B. graminis* f.sp. *hordei* występujące w Polsce. W pozostałych odmianach jęczmienia ozimego stwierdzono: geny *Mla6*, *Mla14* w dwóch odmianach, geny nieoznaczone (u) w trzech, a dwie odmiany były heterogeniczne (tab. 4).

Tabela 4

Reakcja odmian jęczmienia ozimego przyjętych do badań w roku 2010 na zakażenie 29 izolatami *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*
Reaction of winter barley cultivars included to the registration trials in Poland in the year 2010 after inoculation with 29 isolates of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Odmiana Cultivar	Kraj Country	Izolat — Isolate																Postulowany gen Postulated gene
		1	3	4	6	8	9	11	12	13	17	18	19	20	21	24	<i>u</i>	
BE 200010170 DE	DE	0	0	4	0	0	4	2	0	0	4	2	2	0	4	2	<i>mix</i>	
BKH 3042	PL	0	2	0	2	3	2	2	0	0	4	2	2	2	2	1	<i>Mla6, Mla14</i>	
BKH 3115	PL	0	0	0	0	0	4	4	0	0	4	4	4	0	4	4	brak	
DIE 11527.05 DE	DE	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	<i>u</i>	
LP 6-761 DE	DE	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	2	0	2	0	<i>u</i>	
NORD 06060/73 DE	DE	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	<i>Mla6, Mla14</i>	
POA 6230/02/2	PL	0	0	4	0	0	4	4	4	0	4	4	4	0	4	4	<i>mix</i>	
SZD 4545	DE	0	2	4	0	4	0	0	4	4	0	2i4	0	3	0i4	0	brak	
WID 909	PL	4	4	3	4	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4		

c. d. Tabela 4

Odmiana Cultivar	Kraj Country	Izolat — Isolate														Postulowany gen Postulated gene
		24R	25	26	27	28	29	30	34	38	39	40	48	50	51	
BE 200010170 DE	DE	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4	<i>u</i>
BKH 3042	PL	4	4	2	0	0	2	2	2	0	0i4	2	4	3	2i4	<i>mix</i>
BKH 3115	PL	4	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	4	4	4	<i>Mla6, Mla14</i>
DIE 11527.05 DE	DE	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	brak
LP 6-761 DE	DE	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	3	2	<i>u</i>
NORD 06060/73 DE	DE	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	<i>u</i>
POA 6230/02/2	PL	4	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	4	4	4	<i>Mla6, Mla14</i>
SZD 4545	DE	4	3	2	4	4	2	0	2	0	0	2	0	2	3	<i>mix</i>
WID 909	PL	4	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	brak

W odmianach jarych stwierdzono: gen *mlo* w 13 odmianach, *Ml 1-B-53* w dwóch, *Mla1* w dwóch, geny nieoznaczone (*u*) w dwóch i w dwóch odporność miała charakter heterogenny (tab. 5).

Tabela 5

Reakcja odmian jęczmienia jarego przyjętych do badań w roku 2010 na zakażenie 29 izolatami

Blumeria graminis* f. sp. *hordei

Reaction of winter barley cultivars included to the registration trials in Poland in the year 2010 after inoculation with 29 isolates of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*

Odmiana Cultivar	Kraj Country	Izolat — Isolate															Postulowany gen Postulated gene
		1	3	4	6	8	9	11	12	13	17	18	19	20	21	24	
AC 04/588/131	DE	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0	0 (4)	0 (4)	0	0	0	0	0i4	0 (4)	0	0	0 (4)	<i>mlo</i>
BKH 131-4890	PL	0	4	0 (4)	0	0 (4)	0 i4	0	0	0	2	0	4	4	0	0 (4)	<i>mix</i>
BKH 23/08	PL	0	4	0 (4)	0	0 (4)	4	0	0	0	2	0	0	0i4	0	0 (4)	<i>mix</i>
CHD 144/02-4E	PL	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	4	0	0 (4)	<i>mlo</i>
LP 07/33	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	<i>1-B-53</i>
MHR-PJ-0109	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>u</i>
MHR-PJ-0209	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>u</i>
MOB 6443/05	PL	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	<i>mlo</i>
MOB 7765/05	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	<i>mlo</i>
MOB 7783/05	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	<i>mlo</i>
NORD 06/1108	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>mlo</i>
NORD 06/2402	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>mlo</i>
RAH 826/06	PL	0	4	4	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>Mla1</i>
RAH 837/06	PL	0	1	0 (4)	0	0 (4)	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	1	0	0	0 (4)	<i>mlo</i>
S. 16022	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>mlo</i>
STH 7509	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0/4	0	0	0	0	0	0	<i>mlo</i>
STH 7609	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	<i>mlo</i>
STH 7709	PL	0	4	4	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>Mla1</i>
STH 7809	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	0 (4)	<i>mlo</i>
Sunshine (1-B-53)	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>1-B-53</i>
SZD 4748	DE	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	<i>mlo</i>

c.d. Tabela 5

Odmiana Cultivar	Kraj Country	Izolat — Isolate														Postulowany gen Postulated gene
		24R	25	26	27	28	30	34	38	39	48	50	51	123	130	
AC 04/588/131	DE	0	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
BKH 131-4890	PL	0 (4)	1	0	0	0	4	4	0 (4)	0	0	0	4	4	4	<i>mix</i>
BKH 23/08	PL	1	1	0	0	0	4	4	4	0	0 (4)	0	4	4	4	<i>mix</i>
CHD 144/02-4E	PL	0	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
LP 07/33	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	<i>l-B-53</i>
MHR-PJ-0109	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>u</i>
MHR-PJ-0209	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<i>u</i>
MOB 6443/05	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	<i>mlo</i>
MOB 7765/05	PL	0	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
MOB 7783/05	PL	0 (4)	0	0 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
NORD 06/1108	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
NORD 06/2402	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
RAH 826/06	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	<i>Mla1</i>
RAH 837/06	PL	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0i4	0 (4)	1	<i>mlo</i>
S. 16022	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0/4	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
STH 7509	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0/4	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
STH 7609	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0/4	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>
STH 7709	PL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	4	4	<i>Mla1</i>
STH 7809	PL	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	4	<i>mlo</i>
Sunshine (l-B-53)	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	<i>l-B-53</i>
SZD 4748	DE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0 (4)	0 (4)	0 (4)	<i>mlo</i>

DYSKUSJA

Intensyfikacja rolnictwa spowodowała ujednolicenie pod względem genetycznym uprawianych na dużych obszarach odmian oraz stosowanie wysokiego nawożenia azotem, co sprzyja szybkiemu rozprzestrzenianiu się chorób (Wolfe, 1984; Nieróbca i in., 2003). W celu ograniczenia strat w plonach często stosuje się fungicydy i to nie zawsze w odpowiednich dawkach (w zbyt dużych lub zbyt małych). Przyszłe technologie uprawy jęczmienia powinny uwzględniać w większym stopniu wymogi ograniczonego stosowania pestycydów i nawozów mineralnych. Istotnym elementem strategii rozwoju proekologicznego produkcji roślinnej jest hodowla odmian odpornych (Gulliano i Kuijpers, 1994; Czembor i Gacek, 1995; Jacobsen, 1997; McDonald i Linde, 2002).

Spośród 33 genów odporności na *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* wykorzystywanych powszechnie w hodowli jęczmienia w przeszłości, 28 jest ściśle ze sobą sprzężonych lub ma charakter alleliczny. Powoduje to, że są one mało efektywne w stosunku do aktualnego spektrum patogeniczności populacji mączniaka w Polsce (Jorgenson, 1994; Gacek i in., 2004; Czembor, 2008). Prezentowane w tej pracy wyniki wskazują na znaczący przyrost udziału w doświadczeniach rejestrowych odmian jęczmienia jarego o odporności uwarunkowanej genem *mlo* — 62% ocenianych odmian (tab. 5).

W celu zwiększenia trwałości odporności hodowcy dążą do większego zróżnicowania materiałów wyjściowych do hodowli, wprowadzania większej liczby genów odporności do stworzonych odmian oraz wykorzystania genów warunkujących częściową odporność.

W populacji mączniaka w Polsce występują z różnym nasileniem patotypy wirulentne w stosunku do większości genów obecnych w zarejestrowanych w Polsce odmianach za wyjątkiem genu *mlo* (Czembor i Czembor, 2004; Gacek i in., 2004). Odporność typu *Mlo* odgrywa bardzo ważną rolę w hodowli nowych odmian jęczmienia jarego w Europie, ponieważ jak dotąd nie stwierdzono w świecie występowania patotypów *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* wirulentnych w stosunku do genu *mlo* (Hovmoller i in., 2000; Czembor i Czembor 2001).

W zestawie badanych odmian jarych stwierdzono występowanie wcześniej nie notowanego w Polsce genu *MI* (1-B-53) warunkującego wysoką odporność na porażenie przez *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (tab. 4, 5). Gen *MI(SI-1)* i kilka innych pochodzących z *Hordeum spontaneum*: *Mlf*, *Mlt*, *MI(1-B-53)*, *MI(WI-1)* i *MI(WI-7)*, to nowe geny wprowadzone do hodowli niemieckiej w latach 90-tych, w stosunku, do których nie stwierdzono izolatów wirulentnych w populacji *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* (Anonymous, 2010).

WNIOSEK

Kandydujące do rejestracji odmiany mają różne geny warunkujące odporność w stosunku do *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* i mogą być wykorzystane w tworzeniu strategii ochrony plantacji jęczmienia przed mączniakiem.

LITERATURA

- Anonymous 2010. Bundessortenamt, Beschreibende Sortenliste 2011, Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen, Hackfrüchte. Deutscher Landwirt. GmbH: 45 — 48.
- Brown J. K. M., Jorgensen J. H. 1991. A catalogue of mildew resistance genes in European barley varieties. In: Jorgensen J. H. ed., Integrated control of cereal mildews: Virulence patterns and their change. Riso National Laboratory, Roskilde, Denmark: 263 — 286.
- Czembor H. J. 2008. Odporność na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) odmian jęczmienia włączonego do badań rejestrowych w Polsce w latach 2004–2006. Biul. IHAR 248: 33 — 42.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2001. Resistance to powdery mildew in barley cultivars and breeding lines included in 1998–2000 Polish registration trials. Plant Breeding and Seed Science 45 (1): 21 — 41.
- Czembor H.J., Czembor J. H. 2004. Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) w Polsce w roku 2000. Biul. IHAR 233:107 — 115.
- Czembor H. J., Gacek E. 1990. Wybrane problemy hodowli odpornościowej zbóż na choroby. Biul. IHAR 173/174: 53 — 64.
- Czembor H. J., Gacek E. S. 1995. System for increasing durability of diseases resistance in cereals. In: Arseniuk E., Góral T., Czembor P. C. (eds), Plant Resistance to Diseases, Pests and Unfavourable Environmental Conditions. IHAR Radzików, Poland: 39 — 48.
- Finckh M. R., Gacek E. S., Czembor H. J., Wolfe M. S. 1999. Host frequency and density effects on powdery mildew and yield in mixtures of barley cultivars. Plant Pathol. 48: 807 — 816.
- Flor H. H. 1956. The complementary gene systems in flaxs and flaxs rust. Adv. Genet. 8: 29 — 54.

- Gacek E. 1990. Studia nad sposobami wykorzystania odporności genetycznej jęczmienia w zwalczaniu mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* DC f.sp. *hordei* Marchal). Hod. Rośl. Aklim. i Nasien. 34, 5/6: 3 — 48.
- Gacek E., Biliński Z. R., Czembor H. J., Czembor J. H. 2004. Chorobotwórczość mączniaka prawdziwego jęczmienia (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*) w Polsce w latach 1993–1996. Biul. IHAR 231: 365 — 376.
- Gacek E., Czembor H. J., Nadziak J. 1996. Wpływ zróżnicowania genetycznego w mieszaninach i mieszankach zbożowych na rozwój chorób i plonowanie. Biul. IHAR 200: 203 — 209.
- Gulliano M. L., Kuijpers L. A. M. 1994. Social and political implications of managing plant diseases with restricted fungicides in Europe. Annu. Rev. Phytopathol. 32: 559 — 579.
- Hovmoller M. S., Caffier V., Jalli M., Andersen O., Besenhofer G., Czembor J. H., Dreiseitel A., Flath K., Fleck A., Heinrichs F., Jonsson R., Limpert E., Mercer P., Plesnik S., Rashal I., Skinnies H., Slater S., Wronska O. 2000. The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery 1993–1999. Agronomie 20 (7): 729 — 744.
- Jacobsen B. J. 1997. Role of plant pathology in integrated pest management. Annu. Rev. Phytopathol. 35: 373 — 391.
- Jorgensen J. H. 1994. Genetics of powdery mildew resistance in barley. Plant Sci. 13: 97 — 119.
- Kolster P., Munk L., Stolen O., Lohde J. 1986. Near-isogenic barley lines with genes for resistance to powdery mildew. Crop Sci. 26: 903 — 907.
- Kozdój J., Mańkowski D., Czembor H. J. 2009. Analiza plonu jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) porażonego mączniakiem prawdziwym (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*). Komunikat. Biul. IHAR 254: 65 — 74.
- McDonald B., Linde C. 2002. Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. Annual Review of Phytopathology. 40: 349 — 379.
- Nieróbca A., Horoszkiewicz-Janka J., Czembor J. H. 2003. Ochrona roślin — ważny element technologii uprawy zbóż w UE. Pamiętnik Puławski 132: 311 — 320.
- Pecio A., Bichoński A. 2003. Plon i jakość browarna ziarna jęczmienia jarego w zależności od sposobu ochrony roślin przed chorobami. Biul. IHAR 230: 317 — 326.
- Siwiak J. 2010. Jęczmień ozimy. Synteza wyników doświadczeń rejestrowych. 2010. COBORU. Z. 91: 7 — 16.
- Siwiak J. 2010. Jęczmień jary. Synteza wyników doświadczeń rejestrowych. Zboża jare, 2009. COBORU, Słupia Wielka Z. 87: 7 — 24.
- Wolfe M. S. 1984. Trying to understand and control powdery mildew. Plant Pathol. 33: 451 — 466.
- Wolfe M. S., McDermott. 1994. Population genetics of plant pathogen interactions: the example of the *Erysiphe graminis* — *Hordeum vulgare* pathosystem. Ann. Rev. Phytopath. 32: 89 — 113.

IRENA KOLASIŃSKA¹**WALDEMAR BRUKWIŃSKI**²**JACEK JAGODZIŃSKI**¹**MICHAŁ MATERKA**³¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB² Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o.³ Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.

Zdolność kombinacyjna wybranych form rodzicielskich żyta

Combining ability of parental genotypes of winter rye

Badano zdolność kombinacyjną wybranych komponentów matecznych i ojcowskich wytworzonych w firmach hodowlanych: Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. W doświadczeniu przeprowadzonym w 2009 r. oceniano 45 mieszańców F₁ pochodzących z krzyżowania 9 męskosterylnych mieszańców pojedynczych (CMS-SC) z 5 populacjami przywracającymi płodność (restorerami). Doświadczenie prowadzone w 2010 roku zawierało 35 mieszańców F₁ uzyskanych poprzez krzyżowanie 7 męskosterylnych mieszańców pojedynczych (CMS-SC) z 5 restorerami płodności. Doświadczenia polowe zostały założone metodą bloków niekompletnych w 3 miejscowościach (Choryń, Nagradowice, Radzików) i w 3 powtórzeniach. Wielkość poletka wynosiła 5 m², a gęstość siewu 250 kielkujących ziaren/m². Analizowano następujące cechy: plon ziarna, masa 1000 ziaren, wysokość roślin, termin kłoszenia, intensywność pylenia, porażenie rdzą brunatną i stopień wylegania. Przeprowadzono analizę wariancji zdolności kombinacyjnej, oszacowano efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej rodziców (GCA) i swoistej zdolności kombinacyjnej par rodzicielskich (SCA) oraz ich współdziałanie ze środowiskiem. Analiza wariancji wykazała istotne różnicowanie mieszańców doświadczenia przeprowadzonego w 2009 roku pod względem wszystkich cech użytkowych. Stwierdzono istotną zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej komponentów matecznych i ojcowskich pod względem większości cech. Zmienność swoistej zdolności kombinacyjnej okazała się istotna głównie dla porażenia rdzą brunatną. Mieszańce oceniane w doświadczeniu przeprowadzonym w 2010 roku także były istotnie różnicowane pod względem większości cech użytkowych. Komponenty mateczne i ojcowskie różniły się istotnie pod względem ogólnej zdolności kombinacyjnej większości cech. Zmienność swoistej zdolności kombinacyjnej była znacząca tylko dla intensywności pylenia. Oszacowano wielkość i istotność efektów GCA wszystkich komponentów matecznych i ojcowskich średnio w trzech miejscowościach oraz w poszczególnych miejscowościach. Spośród genotypów ocenianych w latach 2009 i 2010, wyodrębniono komponenty mateczne oraz ojcowskie o dobrej zdolności kombinacyjnej plonu ziarna i innych cech użytkowych do wykorzystania w programie hodowli mieszańców.

Słowa kluczowe: dziedziczenie ilościowe, hodowla odmian mieszańcowych, *Secale cereale* L., zdolność kombinacyjna, żyto

General (GCA) and specific (SCA) combining abilities of several rye genotypes were determined in two experiments performed in the seasons 2008/2009 and 2009/2010. The first experiment included 45 F₁ hybrids produced by crossing nine female components (CMS-SC) with five male components (restorers) in a factorial mating design. The second experiment included 35 F₁ hybrids derived by crossing seven CMS single crosses to five restorers. Parental components were created in three plant breeding companies: Danko Plant Breeders Ltd., Poznań Plant Breeders Ltd., Smolice Plant Breeding Ltd. F₁ hybrids were produced in spatial isolation fields. Hybrid seed were sown in field trials (3 locations, 3 replicates, plot size - 5 m², sowing density - 250 viable kernels/m²). The following traits were assessed: grain yield, heading date, pollen shedding, plant height, lodging, resistance to brown rust and 1000 grain weight. Statistical analyses were made with the Eksplan computer package. Significant variation was observed among hybrids for all traits in the first experiment. In the second experiment genotype variation proved to be significant for all the traits except for lodging. General combining ability of both males and females was significant for majority traits in both experiments. Significant specific combining ability was detected mainly for the resistance to brown rust in the first experiment and for pollen shedding in the second one. The tests allowed to select CMS single crosses and restorers with significant favourable GCA effects for breeding programme of rye hybrids.

Key words: combining ability, hybrid breeding, quantitative inheritance, rye, *Secale cereale* L.

WSTĘP

Najważniejszym zadaniem w programie hodowli odmian mieszańcowych żyta jest wyprowadzenie dużej liczby linii wsobnych, wytworzenie odpowiednich komponentów rodzicielskich oraz ocena ich zdolności kombinacyjnej. W początkowych etapach tego programu jest prowadzona ocena ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) dużej liczby komponentów rodzicielskich, krzyżowanych z odpowiednimi testerami w układzie topcross. Do oceny zdolności kombinacyjnej męskosterylnych komponentów matecznych, najczęściej używa się testerów w postaci syntetyków restorerów (Syn-R). Zdolność kombinacyjna komponentów ojcowskich jest oceniana poprzez krzyżowanie ich z męskosterylnymi mieszańcami pojedynczymi jako testerami (CMS-SC). W dalszych etapach programu hodowlanego jest prowadzona ocena ogólnej (GCA) i swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) wybranych komponentów matecznych i ojcowskich krzyżowanych ze sobą w układzie czynnikowym. Najbardziej efektywną metodą umożliwiającą zarówno ocenę zdolności kombinacyjnej rodziców, jak i wnioskowanie o genetycznym uwarunkowaniu cech jest analiza statystyczno-genetyczna mieszańców uzyskanych poprzez krzyżowanie określonej liczby genotypów matecznych i ojcowskich w układzie czynnikowym — North Carolina II (Snedecor i Cochran, 1991; Węgrzyn, 1996).

Znajomość zdolności kombinacyjnej genotypów wytworzonych w puli matecznej i ojcowskiej umożliwia wytworzenie różnego typu mieszańców o pożądanych cechach użytkowych. Ponadto określenie udziału ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) form rodzicielskich i swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) par rodzicielskich w zmienności genetycznej mieszańców wskazuje na model genetycznego uwarunkowania cech ilościowych. W literaturze nie ma jednoznacznych poglądów o genetycznym uwarunkowaniu cech ilościowych żyta. Te niejednoznaczne wnioski są wynikiem prowadzenia badań z wykorzystaniem różnych genotypów oraz różnych metod krzyżowania, zakładania doświadczeń i obliczeń statystycznych. Nieliczne i niepełne są opracowania dotyczące dziedziczenia cech ilościowych form żyta posiadających sterylizującą cytoplazmę Pampa.

Wyniki dotychczasowych badań (Kolasińska i Węgrzyn, 2001; Kolasińska, 2009) wskazują na konieczność prowadzenia oceny wytworzonych mieszańców w zróżnicowanych warunkach środowiska ze względu na występowanie istotnej interakcji składników głównych ze środowiskiem — mieszańiec $\times$ środowisko, a często także GCA $\times$ środowisko i SCA $\times$ środowisko.

Celem badań było określenie zdolności kombinacyjnej najnowszej generacji genotypów, wybranych z puli komponentów matecznych i ojcowskich, w zróżnicowanych warunkach środowiska.

MATERIAŁ I METODYKA

Materiał badań stanowiło 45 mieszańców F_1 , pochodzących z krzyżowania 9 komponentów matecznych z 5 komponentami ojcowskimi (grupa 1), oraz 35 mieszańców F_1 , uzyskanych poprzez krzyżowanie 7 komponentów matecznych z 5 komponentami ojcowskimi (grupa 2). Te dwie grupy mieszańców oraz odmiany wzorcowe badano w doświadczeniach polowych przeprowadzonych odpowiednio w sezonach wegetacyjnych 2008/2009 i 2009/2010. Komponentami matecznymi były męskosterylne mieszańce pojedyncze (CMS-SC), wytworzone w wyniku krzyżowania linii męskosterylnych (linie P) z liniami dopełniającymi sterility (linie N) w tunelach foliowych. Komponenty ojcowskie to populacje syntetyczne przywracające płodność (Syn-R) uzyskane poprzez krzyżowanie linii restorerów. Komponenty rodzicielskie wytworzonych mieszańców zostały wyhodowane w firmach hodowlanych: Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Mieszańce F_1 wytworzono w wyniku krzyżowania komponentów matecznych z ojcowskimi w warunkach przestrzennej izolacji polowej (topcross R) w wymienionych firmach hodowlanych.

Doświadczenia polowe zostały założone metodą bloków niekompletnych w 3 miejscowościach (Choryń, Nagrodowice, Radzików) i w 3 powtórzeniach. Wielkość poletka wynosiła 5 m², a gęstość siewu 250 kiełkujących ziaren/m²). Oceniono następujące cechy: plon ziarna, masa 1000 ziaren (MTZ), wysokość roślin (WYS), wczesność kłoszenia (LDK) mierzona liczbą dni od 1.05 do początku kłoszenia roślin, intensywność pylenia (PYL), porażenie rdzą brunatną (RBR), wyleganie (WYL). Dwie ostatnie cechy oceniono w skali 1–9°, przy czym 9° — najlepszy). Obliczenia statystyczne wykonano za pomocą programu komputerowego Eksplan, które obejmowały: analizę wariancji, analizę zdolności kombinacyjnej, oszacowanie efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej rodziców (GCA) i swoistej zdolności kombinacyjnej par rodzicielskich (SCA) oraz ich interakcję ze środowiskiem.

WYNIKI I DYSKUSJA

Mieszańce F_1 uzyskane poprzez krzyżowanie 9 komponentów matecznych z 5 populacjami ojcowskimi oceniane w doświadczeniu przeprowadzonym w 2008/2009 roku były istotnie zróżnicowane pod względem wszystkich cech (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji mieszańców F₁ żyta ocenianych w 2009 roku: Choryń (CHD), Nagradowice (NAD), Radzików (RAH)
Mean squares from the analysis of variance of rye hybrids evaluated in 2009: Choryń (CHD), Nagradowice (NAD), Radzików (RAH)

Źródło zmienności Source of variation	St. sw. Df	Plon Yield			Kłoszenie Heading			Pylenie Pollen shedding			Wysokość Height			Rdza brunatna Brown rust			Wyleganie Lodging			Masa 1000 ziaren 1000 grain weight		
		CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH
Bloki Blocks	20	44,9	248,4	142,6	0,3	0,6	1,3	1,1	0,4	1,3	76,6	256,1	106,3	1,6	0,6	2,9	2,3	2,9	10,3	8,2	10,5	13,1
Obiekty Entries	48	80,2*	155,0*	73,8*	0,5*	1,1*	0,8*	3,3*	0,4*	1,2*	52,1*	85,8*	58,5*	1,2*	0,9*	4,1*	1,8*	1,4*	4,5*	12,6*	12,4*	13,4*
GCA matek GCA of females	8	158,2*	257,6*	42,7*	0,3	0,8	2,2*	13,1*	0,3*	2,1*	134,4*	115,7*	86,5*	1,5*	0,4	4,8*	3,9*	4,2*	7,8*	34,5*	17,3*	34,4*
GCA ojców GCA of males	4	259,9*	526,1*	406,4*	1,2*	2,0*	0,9*	2,2*	0,1	1,0*	130,9*	161,1*	156,4*	1,8*	0,8	5,0*	6,8*	4,1*	26,5*	9,8*	11,6*	17,7*
SCA SCA	32	26,1	89,6	26,3	0,2	0,9*	0,3	0,5	0,4*	0,5	7,6	28,4*	13,6	0,6*	1,1*	2,3*	0,5	0,4	1,1	1,1	2,7	1,1
Błąd Error	78	17,1	87,5	21,1	0,2	0,4	0,3	0,4	0,2	0,4	7,1	18,0	9,8	0,2	0,5	0,6	0,4	0,4	1,6	1,6	1,7	0,8

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

Wykazano istotną zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej zarówno komponentów matecznych jak i ojcowskich dla większości cech użytkowych. Zmienność swoistej zdolności kombinacyjnej okazała się istotna głównie dla porażenia rdzą brunatną. Stwierdzono nieistotną zmienność SCA par rodzicielskich dla plonu ziarna, wylegania i masy 1000 ziaren. Natomiast zmienność SCA pod względem pozostałych cech użytkowych (kłoszenie, pylenie, wysokość) najczęściej była istotna tylko w jednej z miejscowości. Oszacowane średnie efekty GCA komponentów matecznych i ojcowskich ocenianych w tym doświadczeniu przedstawiono odpowiednio w tabelach 2 i 3. W grupie komponentów matecznych na uwagę zasługuje CSIN 119, który wykazał istotnie różne od zera korzystne efekty GCA ważnych cech użytkowych (tab. 2). Jego potomstwo charakteryzowało się istotnie wcześniejszym kłoszeniem, niższą wysokością roślin, większą odpornością na wyleganie, ale niestety także niższą masą 1000 ziaren w porównaniu ze średnią ogólną pierwszej grupy mieszańców (tab. 2).

Tabela 2

Średnie efekty GCA komponentów matecznych ocenianych w 2009
Mean GCA effects of female components evaluated in 2009

Matka Female	Plon Yield	Kłoszenie Heading	Pylenie Pollen shedding	Wysokość Height	Rdza brunatna Brown rust	Wyleganie Lodging	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
CSIN 90	4,69	0,07	-0,21	-0,31	0,06	0,34	1,26
CSIN 119	3,72	-0,25*	-0,10	-2,89*	-0,06	0,40**	-0,77**
CSIN 120	1,31	-0,14	-0,62	-0,61	0,67	0,16	-2,01*
CSIN 203	0,28	-0,21	-0,45	-0,51	0,13	-1,35*	-0,95**
NSIN 0538	-1,54	0,03	0,30	-2,63*	-0,37	-0,35*	0,52
NSIN 0516	-1,72	-0,11	0,53	2,43	-0,26	0,57	1,53**
CSIN 211	-1,84	0,44*	-0,23	4,35**	0,20	-0,20	-1,91*
NSIN 0536	-1,86	0,29	0,12	-1,63	-0,25	0,05	0,81
NSIN 0517	-3,03	-0,10	0,67	1,81	-0,11	0,39	1,53*

*, ** Istotnie różne od zera odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different from zero at the 0.05 and 0.01 levels of significance, respectively

Pogrubiona czcionka — istotna interakcja GCA ze środowiskiem; **In bold** — significant GCA $\times$ location interaction

Pozostałe cechy jego półrodzeństwa były zbliżone (różnice nieistotne) do średniej ogólnej kombinacji. Warto podkreślić stabilność tej formy matecznej, o czym świadczy brak istotnej interakcji jej zdolności kombinacyjnej ze środowiskiem dla wszystkich cech z wyjątkiem porażenia rdzą brunatną. Komponenty mateczne NSIN 0516 i NSIN 0517 miały istotne dodatnie efekty GCA dla masy 1000 ziaren i można je wykorzystać do tworzenia mieszańców o zwiększonej masie ziaren. Jednak w tym przypadku należy się liczyć z możliwością obniżenia plonu ziarna, gdyż komponenty te wykazały nieistotne efekty GCA plonu. Wszystkie komponenty mateczne wykazały średnie efekty GCA plonu ziarna nieistotnie różne od zera. Jednak oszacowanie efektów GCA w doświadczeniach przeprowadzonych w poszczególnych miejscowościach wskazuje, że dwa z nich (CSIN 119 i CSIN 90) można wykorzystać do tworzenia wysokoplennych mieszańców. Stwierdzono istotną interakcję efektów GCA większości komponentów matecznych ze środowiskiem dla wysokości roślin i intensywności pylenia. Natomiast najbardziej stabilna

okazała się zdolność kombinacyjna matek pod względem odporności na wyleganie. Spośród komponentów ojcowskich tej grupy dobrą zdolnością kombinacyjną plonu ziarna wyróżniły się restorery 18R i 19R (istotne dodatnie efekty GCA). Ponadto restorer 18R przekazał potomstwu dużą masę 1000 ziaren i odporność na wyleganie w połączeniu z wyższą wysokością roślin (tab. 3). Restorer 19R zwiększył zdolność plonowania półrodzeństwa, przy zachowaniu pozostałych cech użytkowych na poziomie średniej ogólnej kombinacji w wykonanym układzie krzyżowania. Żaden z komponentów ojcowskich nie wykazał istotnie różnych od zera efektów GCA dla wczesności kłoszenia i intensywności pylenia. Szczegółowa analiza efektów GCA komponentów matecznych i ojcowskich w doświadczeniach przeprowadzonych w poszczególnych miejscowościach (dane nieprzedstawione w pracy) potwierdza powyższe wnioskowanie oparte o średnie z trzech miejscowości.

Tabela 3

Średnie efekty GCA komponentów ojcowskich ocenianych w 2009
Mean GCA effects of male components evaluated in 2009

Ojciec Male	Plon Yield	Kłoszenie Heading	Pylenie Pollen shedding	Wysokość Height	Rdza brunatna Brown rust	Wyleganie Lodging	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
18R	5,36*	0,13	-0,14	4,17**	-0,08	0,96*	0,69*
19R	2,63*	0,26*	-0,17	-0,63	0,12	-0,05	-0,07
20R	-1,93	0,07	0,00	-2,16*	0,08	-0,98	-1,24**
17R	-2,53	-0,29	0,28	0,15	-0,07	0,09	0,19
5R	-3,53	-0,17	0,03	-1,52*	-0,06	-0,01	0,43*

*, ** Istotnie różne od zera odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different from zero at the 0.05 and 0.01 levels of significance, respectively

Pogrubiona czcionka — istotna interakcja GCA ze środowiskiem; **In bold** — significant GCA $\times$ location interaction

W sezonie wegetacyjnym 2009/2010 skoncentrowano się na ocenie zdolności kombinacyjnej siedmiu specjalnie wytworzonych komponentów matecznych (WSIN 11, WSIN 12, WSIN 13, WSIN 14, WSIN 15, WSIN 16, WSIN 17) poprzez krzyżowanie wybranych linii męskosterylnych z liniami dopełniającymi pochodzącymi z różnych firm hodowlanych oraz pięciu zróżnicowanych populacji ojcowskich (19R, 22R, 23R, WM19, WM20). Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie mieszańców we wszystkich miejscowościach pod względem plonu ziarna, intensywności pylenia i porażenia rdzą brunatną (tab. 4). Ponadto w większości miejscowości mieszańce istotnie różniły się także wczesnością kłoszenia. Stwierdzono istotną zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej komponentów matecznych i ojcowskich pod względem większości cech użytkowych. We wszystkich miejscowościach wystąpiło wczesne (wkrótce po fazie kłoszenia) i bardzo silne wyleganie roślin mieszańców, które zostało spowodowane silnymi burzami z ulewnym deszczem. W tych warunkach nie obserwowano istotnego zróżnicowania mieszańców, a następnie ogólnej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich pod względem wylegania. Wczesne i silne wyleganie roślin wpłynęło także na obniżenie masy 1000 ziaren wszystkich mieszańców i mogło spowodować nieistotne zróżnicowanie genotypów.

Tabela 4

Średnie kwadraty z analizy wariancji mieszańców F₁ żyta ocenianych w 2010 roku: Choryń (CHD),
Nagradowice (NAD), Radzików (RAH)

Mean squares from the analysis of variance of rye hybrids evaluated in 2010: Choryń (CHD),
Nagradowice (NAD), Radzików (RAH)

Źródło zmienności Source of variation	St. sw. Df	Plon Yield			Kłoszenie Heading			Pylenie Pollen shedding		Rdza brunatna Brown rust			Wyleganie Lodging		Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	
		CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	NAD	RAH	CHD	NAD	RAH	CHD	NAD	NAD	RAH
Bloki Blocks	17	52,7	87,9	140,0	0,6	0,9	1,1	1,5	0,5	0,7	2,0	0,5	0,4	4,0	20,0	4,5
Obiekty Entries	35	89,8**	90,8**	88,1**	0,3	1,8**	1,0**	1,7**	0,7**	1,0**	2,3**	0,7**	0,4	0,4	7,2	3,5**
GCA matek GCA of females	6	230,4**	247,9**	168,1**	0,4	1,3**	1,5**	1,0*	1,1**	0,6	2,6**	1,2**	0,3	0,1	20,1*	5,1**
GCA ojców GCA of males	4	169,9**	72,7*	236,0**	1,0**	6,8**	3,3**	1,9**	0,5**	3,5**	5,6**	1,5**	0,7	0,0	1,5	5,2**
SCA SCA	24	23,8	42,3	29,7**	0,2	1,2**	0,4	1,7**	0,3*	0,2	1,7**	0,4	0,3	0,5	5,0	1,0
Błąd Error	55	17,1	27,7	13,1	0,3	0,2	0,4	0,4	0,1	0,3	0,5	0,3	0,3	0,5	7,9	0,7

*, ** Istotne odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $\alpha = 0,01$; Significant at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively

Tabela 5

Średnie efekty GCA komponentów matecznych ocenianych w 2010
Mean GCA effects of female components evaluated in 2010

Matka Female	Plon Yield	Kłoszenie Heading	Pylenie Pollen shedding	Rdza brunatna Brown rust	Wyleganie Lodging	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
WSIN 13	4,65*	-0,30	-0,24	0,30	-0,01	0,44
WSIN 11	4,10*	0,17	0,08	0,06	0,08	1,21
WSIN 12	1,69	-0,17	-0,28	-0,15	0,04	0,98
WSIN 14	0,82	-0,27	-0,16	-0,28	-0,23	-0,15
WSIN 15	-1,69*	0,21	0,21	0,26	-0,06	-0,50
WSIN 16	-3,88**	0,08	0,41*	0,09	0,04	-0,67*
WSIN 17	-5,70	0,29	-0,03	-0,26	0,13	-0,77**

*, ** Istotnie różne od zera odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different from zero at the 0.05 and 0.01 levels of significance, respectively

Pogrubiona czcionka — istotna interakcja GCA ze środowiskiem; **In bold** — significant GCA effect $\times$ location interaction

Stąd oszacowanie efektów GCA komponentów rodzicielskich dla tej cechy było możliwe tylko w doświadczeniu przeprowadzonym w Radzikowie. Średnie efekty GCA komponentów matecznych i ojcowskich ocenianych w tym doświadczeniu przedstawiono odpowiednio w tabelach 5 i 6. Wszystkie formy mateczne tej grupy wykazały nieistotnie różne od zera efekty GCA dla wczesności kłoszenia, porażenia rdzą brunatną i odporności na wyleganie (tab. 5). Dwa spośród komponentów matecznych – WSIN 13 i WSIN 11 mają zdolność tworzenia wysokopennego potomstwa, o czym świadczą istotne średnie efekty GCA, a także efekty GCA w poszczególnych miejscowościach. Te dwa komponenty mateczne wykazały także istotnie różne od zera dodatnie efekty GCA dla masy 1000 ziaren i odporności na rdzę brunatną w doświadczeniu przeprowadzonym w Radzikowie (dane nieprzedstawione w pracy). Stwierdzono istotną interakcję zdolności kombinacyjnej niektórych matek ze środowiskiem, szczególnie dla intensywności pylenia i masy 1000 ziaren. Komponenty ojcowskie tej grupy różniły się nieistotnie pod względem zdolności kombinacyjnej wczesności kłoszenia, przywracania płodności, wylegania i masy 1000 ziaren (tab. 6).

Tabela 6

Średnie efekty GCA komponentów ojcowskich ocenianych w 2010
Mean GCA effects of male components evaluated in 2010

Ojciec Male	Plon Yield	Kłoszenie Heading	Pylenie Pollen shedding	Rdza brunatna Brown rust	Wyleganie Lodging	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
19R	3,72*	0,22	0,21	0,72*	0,02	-0,25
WM19	1,25	0,26	-0,11	0,41	0,01	-0,17
23R	-0,55	-0,62	0,18	-0,65*	-0,26	0,24
WM20	-1,06	0,32	-0,09	-0,17	0,14	0,15
22R	-3,37*	-0,17	-0,19	-0,31	0,09	0,02

*, ** Istotnie różne od zera odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different from zero at the 0.05 and 0.01 levels of significance, respectively

Pogrubiona czcionka — istotna interakcja GCA ze środowiskiem; **In bold** — significant GCA $\times$ location interaction

Spośród komponentów ojcowskich na wyróżnienie zasługuje 19R, który przekazywał potomstwu zdolność plonowania i odporność na rdzę brunatną. Pozostałe cechy jego półrodzeństwa były zbliżone (różnice nieistotne) do średniej ogólnej kombinacji w wykonanym układzie krzyżowania. Stwierdzono istotne interakcje efektów GCA ojców ze środowiskiem szczególnie w przypadku takich cech jak: intensywność pylenia, porażenie rdzą brunatną i masa 1000 ziaren. Wariancja swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) okazała się istotna tylko dla intensywności pylenia w dwóch miejscowościach (NAD, RAH) oraz dla plonu, wczesności kłoszenia i porażenia rdzą brunatną w jednej z miejscowości. Istotne dodatnie efekty SCA dla plonu ziarna wykazały kombinacje mieszańcowe WSIN 11 $\times$ 23R i WSIN 16 $\times$ 19R (tab. 7). Mieszańce WSIN 13 $\times$ WM20 i WSIN 16 $\times$ WM19 wyróżniły się intensywnością pylenia spośród pozostałych kombinacji tych form rodzicielskich.

Badania przeprowadzone w sezonach wegetacyjnych 2008/2009 i 2009/2010 pozwoliły na oszacowanie ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej dwóch grup komponentów matecznych i ojcowskich wybranych spośród genotypów wytworzonych w firmach

hodowlanych: Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o., Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. Uzyskane wyniki umożliwią tworzenie różnego typu mieszańców żyta o pożądanych cechach użytkowych. Doświadczenia przeprowadzone w sezonie 2009/2010 były mniej precyzyjne niż w poprzednim roku ze względu na silne porażenie pleśnią śniegową w niektórych miejscowościach oraz bardzo wczesne wylęganie spowodowane silnymi burzami z obfitymi opadami. W tej sytuacji w żadnej miejscowości nie określono wysokości roślin, a w doświadczeniu prowadzonym w Choryni nie oceniono intensywności pylenia i masy 1000 ziaren. W obu doświadczeniach stwierdzono istotne efekty interakcji GCA $\times$ środowisko dla większości cech użytkowych. Testowanie takich interakcji pozwala lepiej ocenić przydatność tych genotypów do tworzenia nowych wartościowych mieszańców. Celowe byłoby testowanie interakcji składników głównych ze środowiskiem w większej liczbie zróżnicowanych warunków środowiska.

Tabela 7

Efekty SCA par rodzicielskich w doświadczeniu przeprowadzonym w Radzikowie w 2010 roku
SCA effects for parental pairs in the experiment conducted in Radzików, in 2010

Kombinacja mieszańcowa Hybrid combination	Plon Yield	Pylenie Pollen shedding
WSIN11 $\times$ WM19	-5,18**	0,07
WSIN11 $\times$ 19R	-3,87*	0,02
WSIN11 $\times$ 22R	1,55	-0,08
WSIN11 $\times$ 23R	5,11**	-0,17
WSIN13 $\times$ WM20	0,76	0,61**
WSIN13 $\times$ 19R	-0,41	-0,37
WSIN13 $\times$ 22R	0,59	-0,55**
WSIN14 $\times$ 19R	-4,07*	-0,25
WSIN14 $\times$ 23R	-2,14	0,17
WSIN15 $\times$ WM20	-0,85	-0,38*
WSIN15 $\times$ 19R	2,85	0,13
WSIN15 $\times$ 22R	-5,36**	0,26
WSIN16 $\times$ WM19	-1,36	0,39*
WSIN16 $\times$ WM20	0,45	-0,48**
WSIN16 $\times$ 19R	4,78**	0,12
WSIN16 $\times$ 23R	-2,27	-0,22

*, ** Istotnie różne od zera odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different from zero at the 0.05 and 0.01 levels of significance, respectively

Badania wykazały istotną wariancję ogólnej zdolności kombinacyjnej ocenianych komponentów matecznych i ojcowskich dla większości cech użytkowych. Znaczącą rolę swojej zdolności kombinacyjnej stwierdzono tylko u par rodzicielskich dla odporności na rdzę brunatną w 2009 roku (tab. 1) i dla przywracania płodności w 2010 roku (tab. 4). Najczęściej zmienność SCA mieszańców była istotna tylko w pojedynczych miejscowościach przeprowadzonych doświadczeń. Wyniki niniejszej pracy są zgodne z wynikami badań większości autorów, prowadzonych z udziałem heterozygotycznych materiałów hodowlanych żyta, które wskazują na główną rolę addytywnego działania genów lub przewagę tego typu działania genów w warunkowaniu większości cech ilościowych (Grochowski i in., 1994a; 1994b; Grochowski i in., 1996; Kolasińska i Węgrzyn 2001; Bujak, 2003). W badaniach, prowadzonych z wykorzystaniem linii wsobnych i populacji

żyta, wykazano większe znaczenie nieaddytywnego działania genów w dziedziczeniu cech ilościowych, szczególnie plonu ziarna i niektórych jego komponentów (Łapiński, 1976; Ruebenbauer i in., 1981; Kaczmarek i Kadłubiec, 1985; Bujak i in., 1995; Węgrzyn i Śmiałowski, 1995). Zdaniem tych autorów istotną rolę w dziedziczeniu cech żyta spełnia dominacja i epistaza, przy stosunkowo małym udziale addytywnych efektów genetycznych. Interesujące są wyniki badań opartych na współczesnych materiałach hodowlanych żyta. Wilde i in. (2003) stwierdzili, że ogólna zdolność kombinacyjna odgrywa większą rolę w przypadku materiałów zróżnicowanych, a swoista zdolność kombinacyjna u materiałów spokrewnionych. Podobnie Melchinger i Gumber (1998) uważają, że zmienność efektów GCA jest ważniejsza niż SCA u mieszańców pochodzących z krzyżowania rodziców należących do różnych puli genowych. Natomiast zmienność SCA odgrywa większą rolę u mieszańców z krzyżowania rodziców pochodzących z tej samej puli. Konieczne jest prowadzenie dalszych badań z udziałem dużej liczby zróżnicowanych i spokrewnionych genotypów w celu poznania sposobu działania genów warunkujących cechy użytkowe u żyta.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie mieszańców F_1 uzyskanych w wyniku krzyżowania wybranych genotypów żyta pod względem większości cech użytkowych.
2. Wykazano istotną wariancję ogólnej zdolności kombinacyjnej wśród ocenianych komponentów matecznych i ojcowskich dla większości cech użytkowych.
3. Swoista zdolność kombinacyjna okazała się istotna głównie dla porażenia rdzą brunatną i intensywności pylenia.
4. Poznanie zdolności kombinacyjnej komponentów matecznych i ojcowskich oraz jej interakcji ze środowiskiem umożliwia wykorzystanie ich do tworzenia kombinacji mieszańcowych o pożądanym cechach użytkowych.

LITERATURA

- Bujak H. 2003. Studia nad wartością hodowlaną żółtoziarnistych form żyta ozimego. Rozprawy CC. Zesz. Nauk. AR Wrocław, nr 465.
- Bujak H., Kaczmarek J., Kadłubiec W. 1995. Dialleliczna analiza zdolności kombinacyjnej oraz efekty działania genów cech ilościowych żyta. Hod. Rośl. Aklim. Nasien. 39, 6: 95 — 102.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1994 a. Analiza zmienności i zdolności kombinacyjnych linii wsobnych żyta o żółtym ziarnie. Cz. I. Wstępna ocena wartości hodowlanej linii krzyżowanych z formami SMH 108 i Motto. Biul. IHAR 190: 3 — 8.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1994b. Analiza zmienności i zdolności kombinacyjnych linii wsobnych żyta o żółtym ziarnie. Cz. II. Ocena hodowlana linii krzyżowanych z populacją CHDM 16. Biul. IHAR 190: 9 — 15.
- Grochowski L., Kaczmarek J., Kadłubiec W., Bujak H. 1996. Genetic analysis of variability and combining ability of rye hybrid cultivars. Plant Breed. Seed Sci. 40: 37 — 47.
- Kaczmarek J., Kadłubiec W. 1985. Oszacowanie efektów wartości kombinacyjnej 7 linii wsobnych żyta (*Secale cereale* L.) w diallelicznym krzyżowaniu. Hod. Rośl. Aklim. Nasien. 29, 5/6: 61 — 68.
- Kolańska I., Węgrzyn S. 2001. Combining ability for selected quantitative characters in winter rye (*Secale cereale* L.). Cereal Res. Com. 29, 1-2: 69 — 76.

- Kolasińska I. 2009. Genetyczno-hodowlane aspekty wykorzystania systemu CMS-Pampa w hodowli heterozyjnej żyta. Monografie i Rozprawy Naukowe nr 31, IHAR Radzików.
- Łapiński M. 1976. Estimates of heterosis effects and combining ability of seven inbred lines of rye (*Secale cereale* L.) in diallel crosses. Genet. Pol. 17, 3: 293 — 308.
- Melchinger A. E., Gumber R. K. 1998. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. In: Concepts and breeding of heterosis in crop plants. Lamkey K. R. and Staub J. S. (eds). CSSA Publication, Madison, 25: 29 — 44.
- Ruebenbauer T., Kubara-Szpunar Ł., Łoś T. 1981. Genes controlling quantitative traits in rye (*Secale cereale* L.). Genet. Pol. 22, 4: 397 — 410.
- Snedecor G. W., Cochran W. G. 1991. Statistical methods applied to experiments in agriculture and biology. 5th ed. Iowa State Univ. Ames.: 362 pp.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowania komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. Biul. IHAR 200: 7 — 13.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T. 1995. Sposoby działania genów epistatycznych, dominujących i addytywnych kontrolujących ważne cechy użytkowe w odmianach populacyjnych żyta. Biul. IHAR 195/196: 273 — 281.
- Wilde P., Menzel J., Schmiedchen B. 2003. Estimation of general and specific combining ability variances and their implications on hybrid rye breeding. Plant Breed. Seed Sci. 47: 89 — 98.

IRENA KOLASIŃSKA

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

Identyfikacja genotypów przywracających płodność mieszańców z cytoplazmą Pampa wśród linii wsobnych żyta o różnym pochodzeniu

Identification of male fertility restorers for the Pampa cytoplasm among inbred lines of rye with different origins

W latach 2009 i 2010 badano zdolność przywracania męskiej płodności dużej liczby młodych linii wsobnych pokoleń S₁–S₃ wyprowadzonych z polskich populacji hodowlanych oraz z populacji wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych. Wykonano krzyżowanie roślin tych linii z męskosterylnym testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt). Męską płodność mieszańców testowych określano poprzez wizualną bonitację intensywności pylenia kłosów na poletkach obserwacyjnych i/lub wyznaczenie indeksu restoracji na podstawie wyników oceny męskiej płodności pojedynczych roślin. Stwierdzono, że pełne restorery płodności występowały bardzo rzadko wśród linii wsobnych wyprowadzonych z polskich populacji żyta. Frekwencja linii całkowicie przywracających płodność swoim mieszańcom z CMS-Tt wynosiła odpowiednio tylko 1,2% i 0,3% w grupie linii ocenianych odpowiednio w latach 2009 i 2010. Przeważającą większość (75,8% i 79,2%) tych linii stanowiły częściowe restorery. Znacznie większą zdolnością przywracania płodności i częstością efektywnych restorerów charakteryzowała się grupa linii wsobnych wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych. Frekwencja genotypów o indeksie restoracji ponad 70% wynosiła 48,3% i 82,3% odpowiednio w latach 2009 i 2010. Połowa spośród linii wsobnych ocenianych w 2010 roku miała indeks restoracji wynoszący 100%. Wydaje się, że wybrane linie restorery mogą być wykorzystane w programie hodowli komponentów ojcowskich dla mieszańców żyta.

Słowa kluczowe: hodowla odmian mieszańcowych, męska sterylność, przywracanie męskiej płodności, *Secale cereale*, żyto

The objective of this study was to identify effective male fertility restorers among rye genotypes developed from Polish breeding populations and Turkish landrace populations. In the years 2009 and 2010, restoring ability of numerous inbred lines developed from both groups of rye populations was studied. Single plants of inbred lines were crossed to a hard-restoration tester (CMS-Tt) under isolation bags. The level of male fertility of test hybrids was assessed in plastic tunnels and/or in field by pollen shedding visual scores of plant plots and/or by anther dehiscence visual scores of single plants with a 1–9 scale. The restoration indices (RI) were calculated according to the formulae: $RI = \% \text{ of male fertile plants} + \frac{1}{2} \times \% \text{ of partially male fertile plants}$. It was found, that majority of inbred lines developed from

Polish breeding population were only partial restorers. Frequency of effective restorers among the genotypes assessed in 2009 and 2010 was 1.2% and 0.3%, respectively. In contrast, inbred lines derived from Turkish landrace populations were highly effective in restoration of male fertility of their test hybrids. Frequency of effective restorers (RI above 70%) among genotypes assessed in 2009 and 2010 was 48.3% and 82.3%, respectively. In 2010, half of the tested inbred lines proved to be very effective restorers (RI = 100%). Introgression of these inbred lines into the restorer gene pool should result in improved male fertility in Pampa-based rye hybrids.

Key words: hybrid breeding, male sterility, restoration of male fertility, rye, *Secale cereale*

WSTĘP

Hodowla odmian mieszańcowych żyta jest głównie prowadzona z wykorzystaniem systemu cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterility typu Pampa (CMS-Pampa lub CMS-P). To źródło męskiej sterility powstało w wyniku krzyżowania wewnątrzgatunkowego prymitywnej argentyńskiej odmiany Pampa z linią wsobną pochodzącą z odmiany Petkuser Normal (Geiger i Schnell, 1970). Wkrótce potem wyodrębniono pierwszą linię (L18) efektywnie przywracającą płodność mieszańcom z cytoplazmą Pampa (Geiger, 1972), która z powodu słabej wartości cech rolniczych nigdy nie została wykorzystana w programie hodowli. Męska sterility typu Pampa jest łatwa do utrzymania, ponieważ genotypy dopełniające męską sterility powszechnie występują we wszystkich populacjach hodowlanych żyta oraz stabilna w szerokim zakresie warunków uprawy w Europie (Geiger i in., 1995). Znaczne problemy jednak sprawia pełne przywrócenie męskiej płodności u roślin mieszańców z tego typu cytoplazmą, co jest spowodowane niską frekwencją genotypów wystarczająco przywracających płodność (restorerów), które stanowią zaledwie od 1 do 5% w europejskich populacjach żyta (Geiger i Morgenstern, 1975; Geiger i in., 1995). Dodatkowym utrudnieniem jest złożone uwarunkowanie genetyczne tej cechy zakładające działanie dwóch (Madej, 1976), trzech (Scoles i Evans, 1979), a nawet czterech (Ruebenbauer i in., 1984) par genów. Geny przywracające płodność w systemie CMS-P dotychczas zlokalizowano na pięciu chromosomach żyta, z których największe znaczenie miały *loci* z chromosomów 1RS i 4 RL (Miedaner i in., 2000). Sukcesem zakończyło się poszukiwanie genotypów przywracających płodność wśród egzotycznych populacji żyta pochodzących z Ameryki Południowej i Bliskiego Wschodu. Źródłami genów efektywnie przywracających płodność okazały się irańska prymitywna populacja Iran IX i argentyńska odmiana miejscowa Pico Gentario (Geiger i Miedaner, 1996). Linie wyprowadzone z tych prymitywnych populacji charakteryzowały się wyraźnie większą zdolnością przywracania płodności i zapewniały swoim mieszańcom większą produkcyjność pyłku w porównaniu z obecnie używanymi restorerami pochodzenia europejskiego. Ponadto męska płodność mieszańców uzyskanych z udziałem egzotycznych restorerów w mniejszym stopniu zależała od genotypu komponenta matcznego i była bardziej stabilna w zróżnicowanych warunkach środowiskowych (Geiger i Miedaner, 1996; Miedaner i in., 2005). Jednak wartość cech rolniczych pierwszych pokoleń linii wsobnych wyprowadzonych z tych prymitywnych

populacji była bardzo słaba, co przekreślało możliwość ich bezpośredniego wykorzystania w programach hodowlanych (Miedaner i in., 2005). Znaczne trudności pojawiły się także z wykorzystaniem tych dawców genów przywracania płodności (*Rf*) w komercyjnych programach hodowli. Okazało się, że główne geny przywracania płodności (*Rfp1* i *Rf2*) z Iran IX i Pico Gentario są silnie sprzężone z genami warunkującymi niekorzystne cechy rolnicze, a szczególnie wysokość roślin (Dreyer, 2000; Miedaner i in., 2000; Kociuba i Stojałowski, 2009). Wcześniejsze badania (Kolasińska, dane niepubl.) wykazały, że miejscowe populacje żyta pochodzące z Turcji charakteryzują się większą niż populacje hodowlane zdolnością przywracania męskiej płodności u mieszańców z cytoplazmą Pampa. Rozpoczęto badania nad możliwością wykorzystania genów przywracających płodność pochodzących z tureckich populacji w programie hodowli restorerów.

Celem badań było znalezienie efektywnych restorerów męskiej płodności dla CMS-Pampa wśród genotypów żyta wyprowadzonych z polskich odmian hodowlanych oraz w grupie genotypów wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowym Instytucie Badawczym w latach 2009 i 2010. Materiał badawczy stanowiły linie wsobne pokolenia S_1 – S_2 wyprowadzone z polskich populacji hodowlanych oraz linie wsobne S_2 – S_3 pochodzące z populacji utworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych. W latach 2009 i 2010 badaniami objęto odpowiednio 495 i 614 genotypów wyprowadzonych z polskich odmian żyta oraz 109 i 130 genotypów wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych. W celu określenia zdolności przywracania płodności obu grup linii wsobnych wykonano krzyżowanie pojedynczych roślin tych linii z męskosterylnym testerem trudnym do przywrócenia płodności (CMS-Tt). Testerem tym była linia 5P, która z posiadanymi restorerami tworzyła mieszańce o najniższej płodności pyłku (Kolasińska 2001, Kolasińska, 2009).

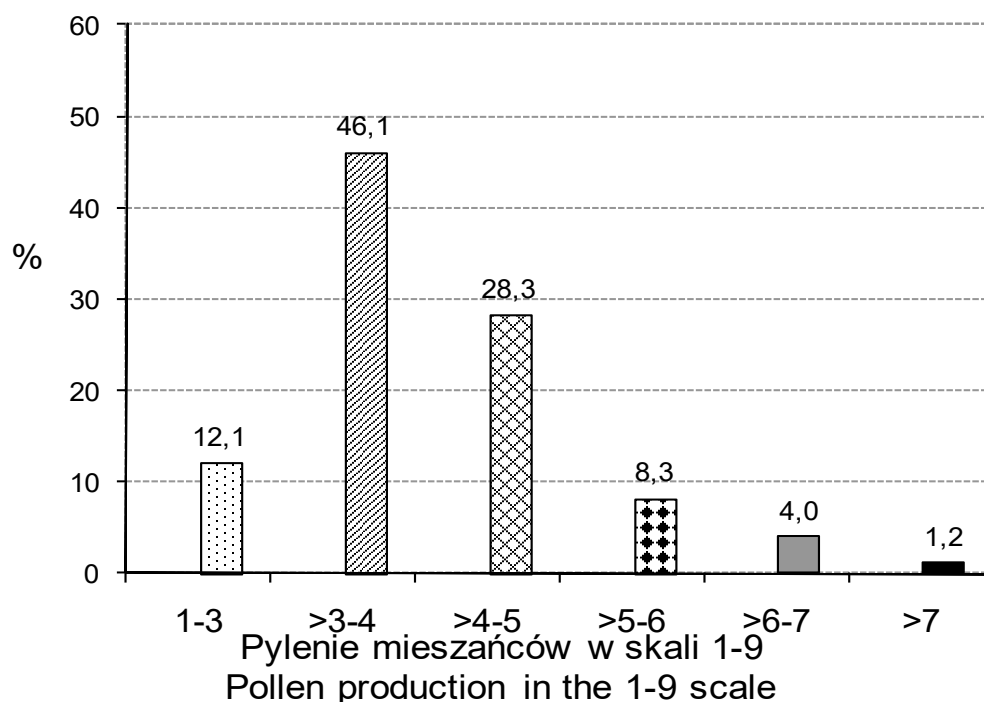
Poziom przywrócenia męskiej płodności mieszańców testowych uzyskanych z krzyżowania CMS-Tt z liniami wsobnymi oceniano poprzez określenie intensywności pylenia kłosów roślin na poletkach obserwacyjnych i/lub wyznaczenie indeksu restoracji męskiej płodności (IR) na podstawie bonitacji płodności pylników pojedynczych roślin. Intensywność pylenia mieszańców oznaczano w stadium pełni kwitnienia, oceniając wizualnie stopień pylenia kłosów roślin na poletkach w skali 1–9° (Geiger i Morgenstern, 1975). Stopnie 1–3 przydzielano mieszańcom, których wszystkie rośliny na poletku były męskosterylne, ale różniły stopniem degeneracji pylników. Stopień 9 znaczył, że wszystkie kłosa mieszańców miały płodne pylniki, a ponad 90% kłosów dobrze pyliło. Stopnie od 4 do 8 oznaczały różny udział kłosów z częściowo i całkowicie płodnymi pylnikami na poletku. Męską płodność mieszańców określano także poprzez wizualną bonitację pylników 20–40 roślin w skali 1–9° prowadzoną w pełni kwitnienia (Morgenstern, 1983), przy czym 1 oznacza pylniki silnie zdegenerowane, puste i niepekające, a 9 to pylniki

normalnej wielkości, pękające i obficie pyłące. Następnie obliczono liczbę i procentowy udział roślin w trzech klasach płodności: męskosterylne [1–3°], częściowo-płodne [3–6°] i płodne [7–9°] i wyznaczono indeks restoracji płodności (*IR*) według wzoru (Geiger i Morgenstern, 1975):

$$IR, \% = \% \text{ roślin płodnych} + 1/2 \% \text{ roślin częściowo płodnych.}$$

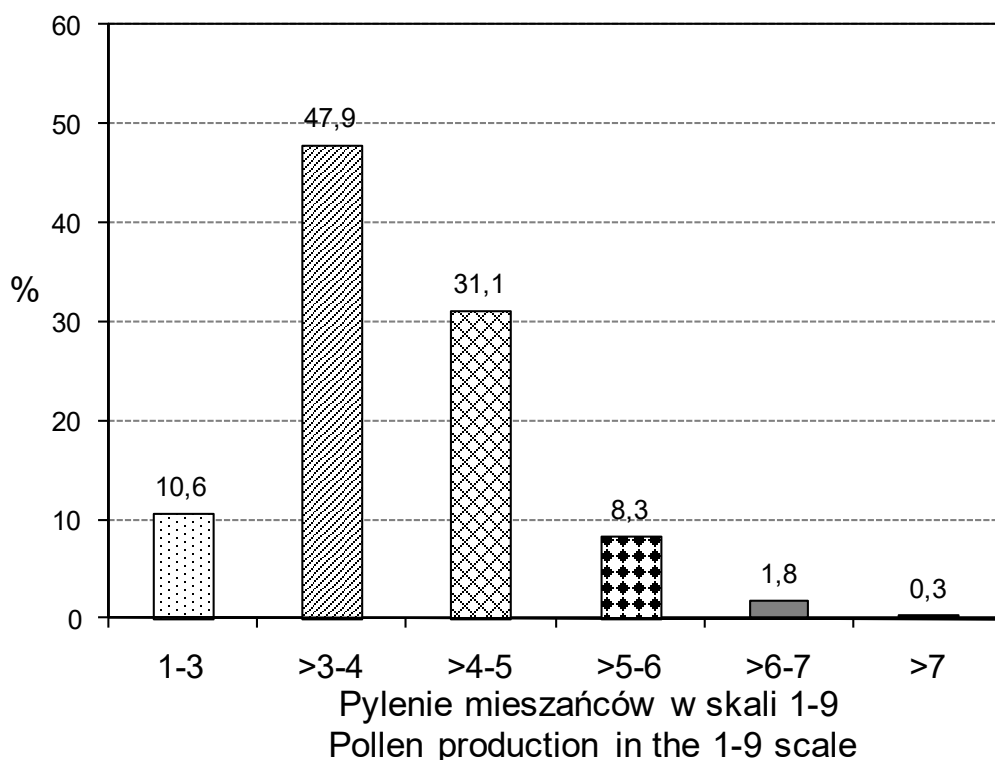
WYNIKI I DYSKUSJA

Dwuletnie badania wykazały, że pełne restorery męskiej płodności bardzo rzadko występowały wśród linii wsobnych pokolenia S_1 – S_2 pochodzących z polskich odmian hodowlanych żyta. Linie wsobne, które całkowicie przywróciły płodność u mieszańców (pylenie ponad 7 stopni) z linią męskosterylną 5P (testerem trudnym do przywrócenia płodności) stanowiły tylko 1,2% i 0,3% ogólnej liczby linii ocenianych odpowiednio w 2009 (rys. 1) i w 2010 roku (rys. 2).



Rys. 1. Frekwencja genotypów o różnej zdolności przywracania płodności wśród linii wsobnych pochodzących z polskich populacji żyta w 2009 roku

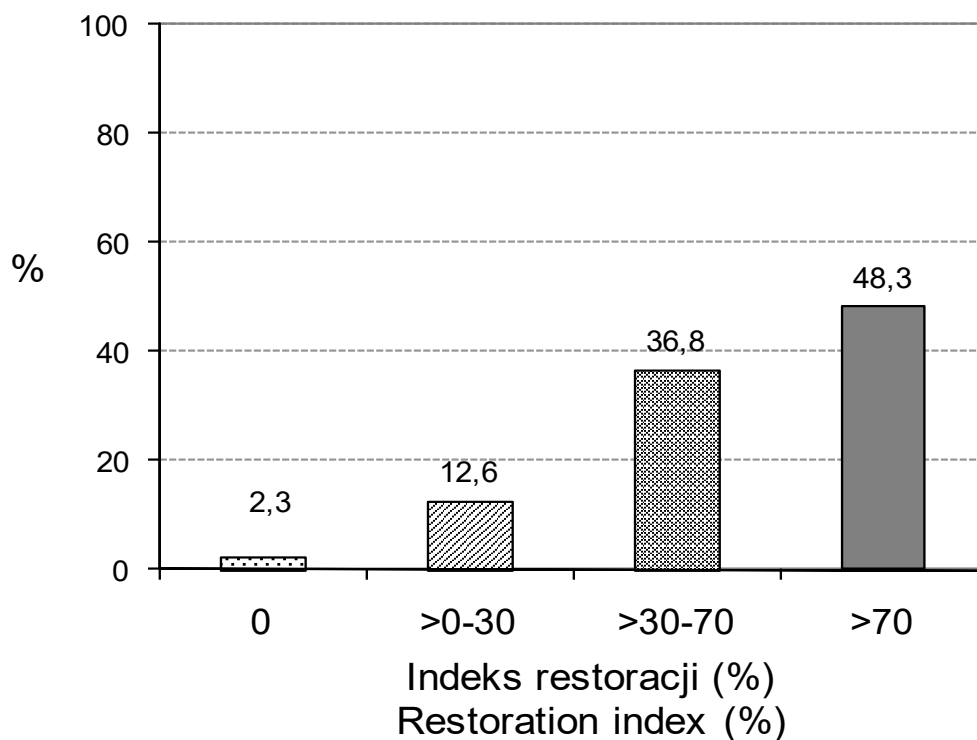
Fig. 1. Frequency of genotypes with various restoring ability among inbred lines developed from Polish populations of rye in 2009



Rys. 2. Frekwencja genotypów o różnej zdolności przywracania płodności wśród linii wsobnych pochodzących z polskich populacji żyta w 2010 roku

Fig. 2. Frequency of genotypes with various restoring ability among inbred lines developed from Polish populations of rye in 2010

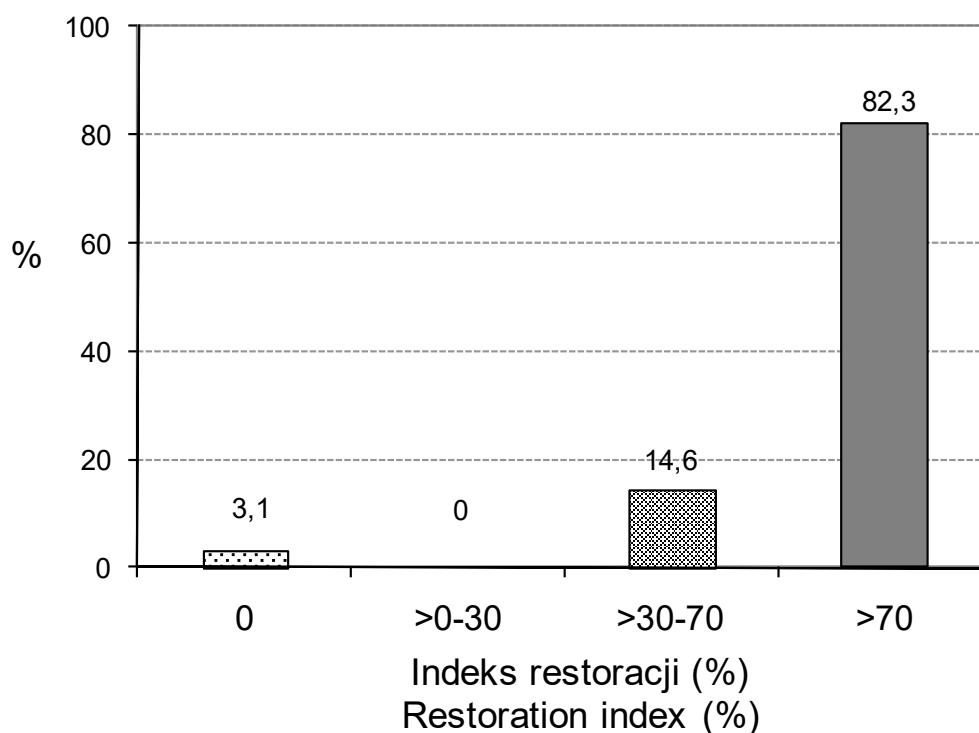
Linie wsobne, których mieszańce testowe charakteryzowały się intensywnością pylenia od 5,5 do 7 stopni wynosiły 12,3% i 10,1% odpowiednio w latach 2009 i 2010. Przeważająca większość linii tej grupy tylko w niewielkim stopniu przywróciła płodność mieszańcom testowym (pylenie 3,5 do 5 stopni) lub tworzyła całkowicie sterylne potomstwo (1–3 stopni). Obiecujące rezultaty uzyskano w wyniku testowania zdolności przywracania płodności u linii wsobnych wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych. Zdecydowana większość linii wsobnych tej grupy wyróżniła się zadawalającą zdolnością przywracania płodności u mieszańców z linią męskosterylną 5P (rys. 3, 4). Frekwencja pełnych restorerów (*IR* ponad 70%) wynosiła 48,3% i 82,3% odpowiednio w latach 2009 i 2010. W tym ostatnim roku połowa spośród ocenianych linii wsobnych tworzyła z linią 5P całkowicie płodne potomstwo o indeksie restoracji wynoszącym 100%.



Rys. 3. Frekwencja genotypów o różnej zdolności przywracania płodności wśród linii wsobnych wyprowadzonych z udziałem tureckich populacji w 2009 roku

Fig. 3. Frequency of genotypes with various restoring ability among inbred lines developed from Turkish populations of rye in 2009

Bardzo ważnym zadaniem w programie hodowli mieszańców jest wyprowadzenie restorerów całkowicie przywracających płodność oraz charakteryzujących się dobrą zdolnością kombinacyjną plonu ziarna i innych cech rolniczych. Poszukiwanie takich genotypów prowadzono w pierwszym rzędzie wśród linii wsobnych o pożądanym cechach rolniczych pochodzących z populacji hodowlanych, a następnie wśród obiektów wyprowadzonych przy udziale tureckich populacji miejscowych zgromadzonych w Banku Genów IHAR. W celu porównania zdolności restoracji obu grup linii wsobnych, w charakterze formy matecznej, użyto linii 5P, która na podstawie wcześniejszych badań została określona jako trudna do przywrócenia płodności (Kolasińska, 2009). Badania wykazały niską frekwencję genotypów całkowicie przywracających płodność wśród młodych linii wsobnych wyprowadzonych z polskich odmian hodowlanych. Wyniki te potwierdzają wcześniejsze doniesienia o trudnościach ze znalezieniem pełnych restorerów płodności wśród populacji europejskiego pochodzenia (Geiger i Morgenstern, 1975; Geiger i in., 1995).



Rys. 4. Frekwencja genotypów o różnej zdolności przywracania płodności wśród linii wsobnych wyprowadzonych z udziałem tureckich populacji w 2010 roku

Fig. 4. Frequency of genotypes with various restoring ability among inbred lines developed from Turkish populations of rye in 2010

Ulepszenie zdolności przywracania płodności u genotypów wyprowadzonych z europejskich populacji żyta utrudnia jego oligogeniczne dziedziczenie (Miedaner i in., 2000) i związany z tym duży wpływ genotypu matecznego i warunków środowiska na fenotypową ekspresję sterility/płodności roślin (Geiger i Miedaner, 1996). Trudności pojawiły się także z wykorzystaniem w komercyjnych programach hodowli genów przywracania płodności (*Rf*), pochodzących z egzotycznych populacji (Iran IX, Pico Gentario), spowodowane ich silnym sprzężeniem z genami warunkującymi niekorzystne cechy rolnicze (Dreyer, 2000; Miedaner i in., 2000). Wszystkie dotychczas wyprowadzone linie z udziałem tych egzotycznych materiałów wykazują słabą wartość cech rolniczych (obniżony plon i masę ziaren, podatność na wyleganie), co prawdopodobnie jest spowodowane przez segmenty genomu donora znajdujące się w bliskim sąsiedztwie genu restoracji i zawierające geny warunkujące wymienione cechy. (Miedaner i in., 2005). Stąd istnieje potrzeba dalszego poszukiwania nowych dawców genu/genów efektywnie przywracających płodność (*Rf*). Wcześniejsze badania własne wykazały, że populacje miejscowe żyta pochodzące z Turcji wyróżniają się zdolnością przywracania męskiej

plodności u mieszańców z cytoplazmą Pampa. Stąd niektóre z tych populacji wykorzystano do wytworzenia populacji wyjściowej dla wyprowadzania linii wsobnych. Stwierdzono, że linie wsobne pokolenia S_2 – S_3 uzyskane z udziałem tureckich populacji charakteryzowały się znacznie większą zdolnością przywracania płodności niż młode linie wsobne wyprowadzone z polskich odmian. Większość linii wsobnych całkowicie przywróciła męską płodność u mieszańców z linią 5P. Wstępne wyniki badań wskazują na prostszy sposób dziedziczenia cechy sterylność/płodność u linii wsobnych pochodzących z tureckich populacji w porównaniu z liniami wyprowadzonymi z polskich odmian. Niektóre linie wsobne mogą być wykorzystane, jako donory efektywnych genów przywracania płodności, w programie hodowli komponentów ojcowskich mieszańców żyta.

WNIOSKI

1. Restorery męskiej płodności dla CMS-Pampa zidentyfikowano wśród genotypów żyta pochodzących z polskich odmian hodowlanych oraz w grupie genotypów wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych.
2. Frekwencja efektywnych restorerów wśród młodych linii wsobnych wyprowadzonych z polskich odmian żyta była niska. Większość genotypów wykazała słabą lub średnią zdolność przywracania płodności.
3. W grupie linii wsobnych wytworzonych z udziałem tureckich populacji miejscowych stwierdzono wysoką frekwencję efektywnych restorerów. Większość linii wsobnych całkowicie przywróciła płodność u mieszańców testowych z cytoplazmą Pampa.

LITERATURA

- Dreyer F. 2000. Chromosomale Localisation von Restorerogenen argentinischer und Iranischer Herkunft in F_2 Populationen von Winterroggen (*Secale cereale* L.). Dissertation, Shaker Verlag, Aachen.
- Geiger H. H. 1972. Wiederherstellung der Pollenfertilität in cytoplasmatisch männlich sterilem Roggen. Theor. Appl. Genet. 42: 32 — 33.
- Geiger H. H. 1975. Anforderungen an das Ausgangsmaterial für eine Hybridroggenzüchtung. Bericht über die Arbeitstagung 1975 der Arbeitsgemeinschaft der Saatzüchtleiter, Gumpenstein, Austria: 203 — 214.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male-fertility restoration in rye. Vortr. Pflanzenzüchtg. 35: 27 — 38.
- Geiger H. H., Morgenstern K. 1975. Angewandt-genetische Studien zur cytoplasmatischen pollensterilität bei winterroggen. Theor. Appl. Genet. 46: 269 — 276.
- Geiger H. H., Schnell F. W. 1970. Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). Crop Sci. 10: 590 — 593.
- Geiger H. H., Yuan Y., Miedaner T., Wilde P. 1995. Environmental sensitivity of cytoplasmic-genic male sterility (CMS) in *Secale cereale* L. In: Genetic Mechanisms for Hybrid Breeding. Kück U., G. Wricke (eds). Adv. Plant Breed. 18: 7 — 17, Paul Parey Sci. Publ., Berlin, Hamburg.
- Kociuba M., Stojałowski S. 2009. Efektywność markerów molekularnych SCAR z chromosomu 4RL w selekcji genotypów męskopłodnych oraz ich związek z wybranymi cechami morfologicznymi żyta (*Secale cereale* L.). Biul. IHAR 252: 139 — 149.
- Kolasińska I. 2001. Przywracanie płodności pyłku u mieszańców żyta CMS-Pampa × restorer. Biul. IHAR 218/219: 341 — 350.
- Kolasińska I. 2009. Genetyczno-hodowlane aspekty wykorzystania systemu CMS-Pampa w hodowli heterozyjnej żyta. Monografie i Rozprawy Naukowe nr 31, IHAR Radzików.

- Madej L. 1976. Charakterystyka genetyczna trzech źródeł męskiej jałowości żyta (*Secale cereale* L.). Hod. Rośl. Aklim. Nasien. 20: 157 — 174.
- Miedaner T., Glass C., Dreyer F., Wilde P., Wortmann H., Geiger H. H. 2000. Mapping of genes for male-fertility restoration in 'Pampa' CMS winter rye (*Secale cereale* L.). Theor. Appl. Genet. 101: 1226 — 1233.
- Miedaner T., Wilde P., Wortmann H. 2005. Combining ability of non-adapted sources for male-fertility restoration in Pampa CMS of hybrid rye. Plant Breed. 124: 39 — 43.
- Morgenstern K. 1983. Ausprägung der cytoplasmatisch-genischen Pollensterilität (CMS) bei Roggen in Abhängigkeit von Plasmotyp und Genotyp. Dissertation, Univ. Hohenheim, Stuttgart.
- Ruebenbauer T., Kubara-Szpunar Ł., Pająk K. 1984. Testing of a hypothesis concerning interaction of genes with mutated cytoplasm controlling male sterility of the „Pampa” type in rye (*Secale cereale* L.). Genet. Pol. 25, 1: 1 — 16.
- Scoles G. J., Evans L. E. 1979. The genetics of fertility restoration in cytoplasmic male sterile rye. Can. J. Gen. Cytol. 21, 3: 417 — 422.

KRZYSZTOF UKALSKI¹**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**²¹ Katedra Ekonometrii i Statystyki, Zakład Biometrii

Szkola Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB

Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie

Wielocechowa analiza wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym

Multivariate analysis of data from preliminary trials with winter rye

Przedmiotem badań było 30 form żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych przez sześć Zakładów Hodowli Roślin oraz Zakład Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie. Wyniki prezentowane w pracy dotyczą obiektów badanych w 2009 r. w 6 miejscowościach. Pod uwagę wzięto 10 cech: plon, MTZ, wysokość, odporność na wyleganie, przezimowanie, liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie, odporność na mączniaka i rdzę brunatną. Celem pracy było: 1. zastosowanie analizy składowych głównych (PCA) na wartościach transformowanych dla cech wyrażonych w skali bonitacyjnej, 2. szczegółowe porównanie badanych form żyta przy użyciu regresji składowych głównych (PCR). Analiza składowych głównych PCA na wartościach poddanych transformacji wyjaśniła ponad 15% więcej zmienności całkowitej niż PCA na wartościach nietransformowanych dla trzech pierwszych składowych. Wyniki analizy PCR przedstawiono za pomocą wykresów przedstawiających zróżnicowanie badanych form żyta ozimego pod kątem wybranej cechy. Forma populacyjna HRSM 4 swoimi właściwościami zbliżona jest do form mieszańcowych.

Słowa kluczowe: analiza składowych głównych, formy mieszańcowe, formy populacyjne, plon ziarna, regresja składowych głównych, transformacja, żyto ozime

The subjects of the study were 30 lines of winter rye examined in preliminary trials coordinated by the Plant Breeding and Acclimatization Institute, the Department of Cereals Crops in Cracow. The results presented in the paper concern objects examined in 6 locations in 2009. Ten traits were taken into account: grain yield, 1000 grains weight, plant height, lodging score, winter hardiness, no. of days to heading, no. of days to maturity, pollen fertility, powdery mildew score and brown rust score. The aim of the study was: firstly, the application of principal component analysis (PCA) on transformed values for traits formulated in valuation scale, secondly, detailed comparison of examined forms of winter rye using principal component regression (PCR). Principal component analysis PCA on values under transformation explained over 15% more total variation than PCA on non-transformed values for three first components. The results of PCR analysis are shown on graphs presenting diversity of examined forms of winter rye with consideration of particular traits. The population form HRSM 4 is similar, by its characteristics, to the hybrid lines.

Key words: grain yield, hybrid forms, population forms, principal component analysis, principal component regression, transformation, winter rye

WSTĘP

Odmiany,rody i mieszańce żyta ozimego charakteryzują się wysoką zmiennością oraz współzależnością cech użytkowych. Wskazują na to wyniki badań zgromadzonych w bankach genów form żyta (Kubicka i in., 2006; Węgrzyn i in., 1996) oraz badanych na zawansowanym etapie hodowli jakim są doświadczenia wstępne (Śmiałowski i in., 2001, 2007). Do analizy tych genetyczno-hodowlanych zjawisk bardzo przydatne okazują się metody wielowymiarowe stosowane do oceny wielocechowej zbóż szczególnie na podstawie wyników doświadczeń odmianowych prowadzonych w kilku środowiskach (Ukalski i in., 2009).

Jedną z najczęściej stosowanych metod wielowymiarowych przy badaniu wielocechowej zmienności roślin uprawnych jest analiza składowych głównych PCA (Pearson, 1901; Hotelling 1933, 1936; Rao, 1964). Stosując tę metodę należy pamiętać o założeniach. Dane, na których chcemy wykonać PCA, powinny spełniać założenia wymagane dla współczynników korelacji Pearsona (Hatcher i Stepanski, 1994). Zatem, wszystkie analizowane zmienne powinny być ciągłe oraz powinny mieć rozkład normalny lub zbliżony do normalnego. Inne założenia wymagane przy analizie PCA opisali Hatcher i Stepanski (1994).

Zwykle wśród cech badanych w doświadczeniach hodowlanych są cechy o wartościach wyrażonych w skali bonitacyjnej. Są to wartości w skali porządkowej nie spełniające podanych wyżej założeń. Efektywność analizy składowych głównych, a w związku z tym jakość wnioskowania na jej podstawie, można próbować poprawić za pomocą transformacji cech wyrażonych w skali bonitacyjnej (Kruskal i Shepard, 1974; Young i in., 1978; Winsberg i Ramsay, 1983).

Cele pracy: (i) ocena form mieszańcowych i populacyjnych żyta ozimego pod kątem ważnych cech tego gatunku na podstawie wielowymiarowych metod statystycznych — analizy składowych głównych PCA z transformacją cech o wartościach wyrażonych w skali bonitacyjnej, hierarchicznej analizy skupień, analizy zmiennych kanonicznych CVA oraz regresji na składowych głównych PCR; (ii) propozycja analizy wyników za pomocą prostych w interpretacji wykresów regresji na składowych głównych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 30 form żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych prowadzonych przez Zakłady i Stacje Hodowli Roślin koordynowane przez Zakład Roślin Zbożowych IHAR — PIB w Krakowie. W doświadczeniach badano 12 genotypów populacyjnych, w tym dwa wzorce (Bosmo, Dańkowskie Diament) i 18 mieszańcowych z dwoma wzorcami (Balistic, Minello). Wyniki prezentowane w pracy dotyczą obiektów badanych w 2009 roku w 6 miejscowościach (środowiskach): Choryń, Laski, Nagradowice, Radzików, Smolice oraz Sobiejuchy. Doświadczenia polowe przeprowadzono w układzie bloków niekompletnych w 3 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m². Zabiegi agrotechniczne; nawożenie, ochronę przed chwastami i szkodnikami zastosowano odpowiednio do lokalnych potrzeb. W okresie wegetacji i po

zbiorach badano wiele cech z których wybrano 10, wśród których były cechy rolnicze (wysokość [cm], odporność na wyleganie [9°], przezimowanie [9°], liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie [9°]), cechy odporności na choroby (mączniak [9°], rdza brunatna [9°]) oraz cechy opisujące strukturę plonu (MTZ [g] i plon ziarna [dt/ha], przy 15% H₂O).

Metody statystyczne. Wyniki doświadczeń stanowiły niekompletną klasyfikację krzyżową genotypy × środowiska ze względu na to, iż w niektórych miejscowościach nie badano wszystkich wziętych pod uwagę cech. Zatem, do oceny efektów genotypów wykorzystano predyktory BLUP (best linear unbiased predictors) (Krzyszowski, 1988; Searle i in., 1992; Mohammadi i Prasanna, 2003; Hooks i in., 2006; Ukalska i in., 2009). Wartości BLUP policzono za pomocą procedury MIXED programu SAS (SAS Institute Inc., 2008). Na ich podstawie wyznaczono poprawione średnie genotypowe badanych cech poprzez środowiska, których wartości wykorzystano następnie we wszystkich analizach wielowymiarowych.

Wielocechową charakterystykę 30 form żyta ozimego wykonano za pomocą analizy składowych głównych PCA przeprowadzonej na dwa sposoby. Pierwszy, klasyczny sposób, polegał na przeprowadzeniu analizy PCA na standaryzowanych poprawionych średnich genotypowych. Drugi sposób analizy polegał na wykonaniu PCA na transformowanych wartościach cech wyrażonych w skali bonitacyjnej (odporność na wyleganie, przezimowanie, liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie, odporność na mączniaka oraz na rdzę brunatną). Wykorzystano transformację wartości optymalnych Fishera (Fisher's method of Optima Scores) (Fisher i Mackenzie, 1923; Fisher, 1938).

Uzyskane po transformacji wyniki poddano kontroli, której celem było sprawdzenie, czy zastosowanie transformacji poprawiło jakość analizy, poprzez zwiększenie odsetka wyjaśnionej wariancji, ale jednocześnie, czy nie zmieniło znacząco wartości cech, co mogłoby skutkować podaniem złych charakterystyk badanych obiektów. Kontrolę transformacji wykonano na podstawie hierarchicznej analizy skupień oraz analizy zmiennych kanonicznych CVA. W analizie skupień wykorzystano metodę Warda (Ward, 1963). Obiekty podzielono na jednorodne wielocechowo grupy, wydzielone na podstawie wartości statystyki pseudo t^2 (Duda i Hart, 1973; Caliński i Harabasz, 1974; Khattree i Naik, 2000; Crossa i Franco, 2004). Na podstawie analizy CVA opisano wydzielone grupy genotypów pod względem rozważanych cech (Mohammadi i Prasanna, 2003). Pod uwagę wzięto zwłaszcza te grupy, w których wystąpiły wzorce. Odmiany wzorcowe, jako obiekty o znanych własnościach, posłużyły jako odniesienie w analizie kontrolnej. Przeciętne wartości cech uzyskane dla grup z wzorcami porównano ze średnimi wartościami dla wzorców tych cech, które były silnie skorelowane ze zmiennymi kanonicznymi. Wykorzystano średnie wartości cech dla wzorców podawane przez ich hodowców.

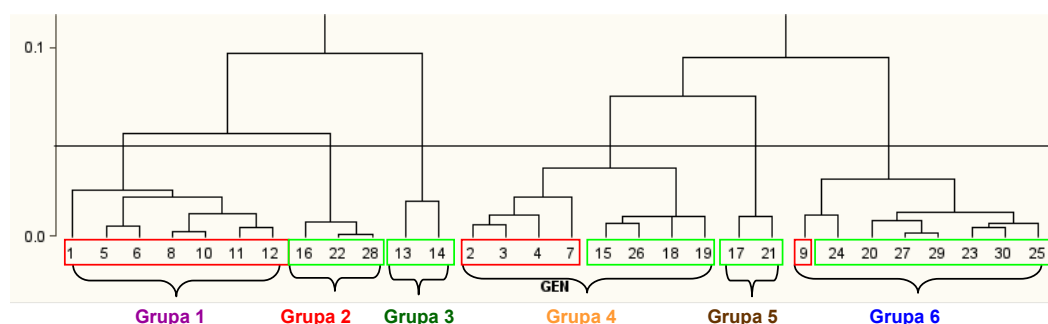
Następnie wykonano regresję na składowych głównych PCR (Jolliffe, 1982, 1986; Hadi i Ling, 1998). Wyniki tej wielowymiarowej metody analizy danych przedstawiono za pomocą wykresów wykonanych dla poszczególnych cech w skali tych dwóch składowych głównych, dla których wyznaczona funkcja charakteryzowała się największym współczynnikiem determinacji R^2 . Wykresy takie są bardziej czytelne i łatwiejsze

w interpretacji niż wykresy przedstawiające zróżnicowanie obiektów uzyskane na podstawie PCA w przestrzeni dwu lub trójwymiarowej, zwłaszcza przy dużej liczbie badanych obiektów i badanych cech.

Analizy wielowymiarowe przeprowadzono za pomocą procedur CLUSTER, CANDISC, PRINCOMP i TREE, natomiast prezentowane w pracy wykresy wykonano za pomocą procedur graficznych pakietu SAS (Khattree i Naik, 2000; SAS Institute Inc., 2008).

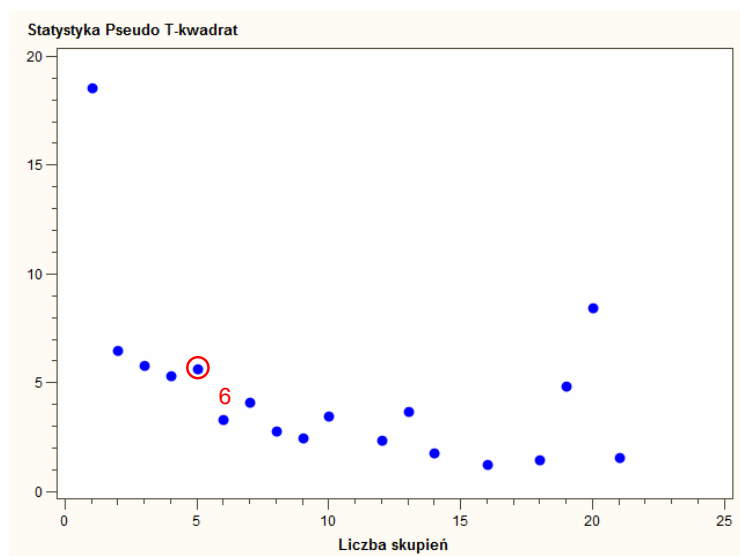
WYNIKI I DYSKUSJA

Na poprawionych średnich genotypowych cech przez środowiska wykonano analizę składowych głównych na dwa sposoby. Dla danych nie poddanych transformacji pierwsze trzy składowe główne wyjaśniły łącznie 70,64% procent zmienności całkowitej, z czego PCA1 — 32,67%, PCA2 — 22,22%, PCA3 — 15,75%. Analogiczne wyniki dla danych przetransformowanych wyniosły odpowiednio: PCA1 — 56,66%, PCA2 — 15,32%, PCA3 — 14,09%, w sumie 86,06%. Pierwsze trzy składowe główne dla danych poddanych transformacji wyjaśniły o 15,42% więcej całkowitej zmienności, dlatego też na tych wartościach przeprowadzono wielocechową charakterystykę badanych form żyta ozimego.



Rys. 1. Dendrogram podobieństwa genotypów żyta ozimego z podziałem na 6 grup
Fig. 1. Dendrogram of similarities between winter rye genotypes divided into 6 groups

Wyniki hierarchicznej analizy skupień przedstawiono za pomocą dendrogramu (rys. 1), na którym zaznaczono podział badanych form żyta ozimego na 6 grup, wydzielonych za pomocą statystyki pseudo t^2 (rys. 2). Według tej statystyki można dokonać podziału obiektów na tyle grup, ile wynosi kolejna jej wartość po lokalnym maksimum. Pierwsze lokalne maksimum statystyki pseudo t^2 (rys. 2) wynosi 5, zatem można dokonać podziału obiektów na 6 grup. Na dendrogramie (rys. 1) odmiany populacyjne oznaczono liczbami 1-12, gdzie 1 i 2 to wzorce, a odmiany mieszańcowe liczbami 13-30, gdzie 13 i 14 to odmiany wzorcowe. Opis genotypów doświadczalnych i przypisaną im numerację zamieszczono w tabeli 1. Podział badanych form żyta ozimego jest zgodny z ich podziałem na odmiany mieszańcowe i populacyjne. W grupie 1 znalazły się tylko odmiany populacyjne, w grupach 2, 3 i 5 tylko formy mieszańcowe, w grupie 6 wśród genotypów mieszańcowych stwierdzono tylko jedną formę populacyjną (numer 9), a na grupę 4 składały się po cztery formy obu typów.



Rys. 2. Wykres wartości statystyki pseudo t^2
 Fig. 2. The graph of pseudo t^2 statistic values

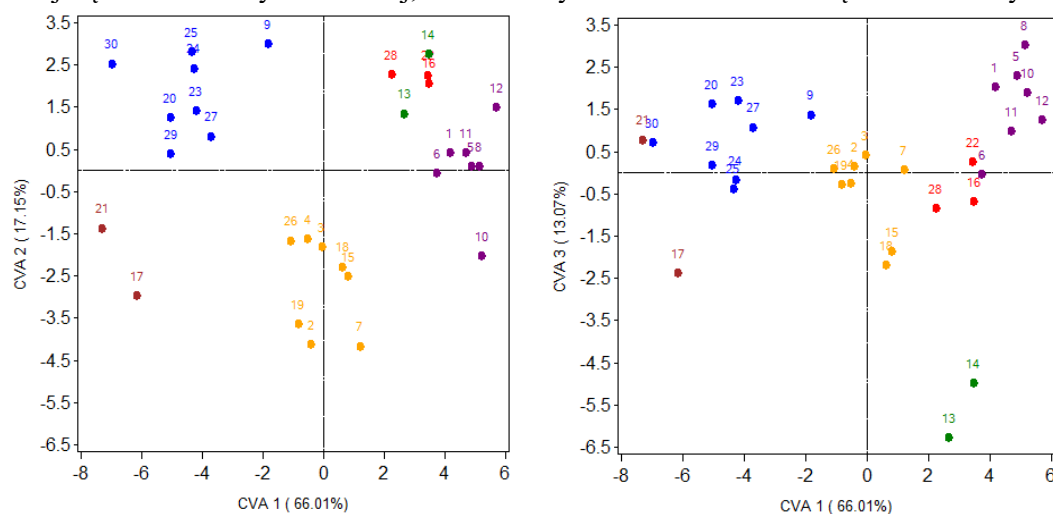
Tabela 1

Genotypy żyta ozimego badane w analizowanych doświadczeniach wstępnych (1, 2 — wzorce populacyjne, 13, 14 — wzorce mieszańcowe)
 Winter rye genotypes tested in preliminary trials (1, 2 — standards for population forms, 13, 14 — standards for hybrid forms)

Genotypy — Genotypes					
populacyjne — population forms		mieszańcowe — hybrid forms			
nazwa name	numer number	nazwa name	numer number	nazwa name	numer number
Bosmo	1	Balistic	13	SMH8121	22
D.Diamant	2	Minello	14	SMH7186	23
CHD17	3	CHD516	15	SMH8311	24
CHD28	4	CHD548	16	SMH7191	25
CHD43	5	CHD617	17	SMH8312	26
CHD62	6	CHD621	18	SMH7334	27
CHD101	7	CHD627	19	SMH8240	28
HRSM1	8	NAD472	20	SMH7205	29
HRSM4	9	SMH7183	21	SMH7213	30
HRSM7	10				
HRSM8	11				
HRSM9	12				

Analizę zmiennych kanonicznych wykonano z uwzględnieniem podziału badanych form na 6 grup. Na podstawie wykresów CVA (rys. 3) w układzie pierwszej i drugiej oraz pierwszej i trzeciej zmiennej kanonicznej, wykonano charakterystykę 6 wydzielonych grup pod względem 10 obserwowanych cech. W tabeli 2 umieszczono opisy wydzielonych grup ze względu na wszystkie obserwowane cechy. Zastosowano symboliczny opis

wydzielonych grup: symbole $\uparrow$ i $\uparrow$ oznaczają odpowiednio dużo większą i większą wartość cechy względem średniej, symbole $\downarrow$ i $\downarrow$ oznaczają odpowiednio dużo mniejszą i mniejszą wartość cechy od średniej, natomiast symbol 0 oznacza średnią wartość cechy.



Rys. 3. Rozmieszczenie grup genotypów żyta ozimego w układzie 1 i 2 (CVA1 i CVA2) oraz 1 i 3 (CVA1 i CVA3) zmiennej kanonicznej

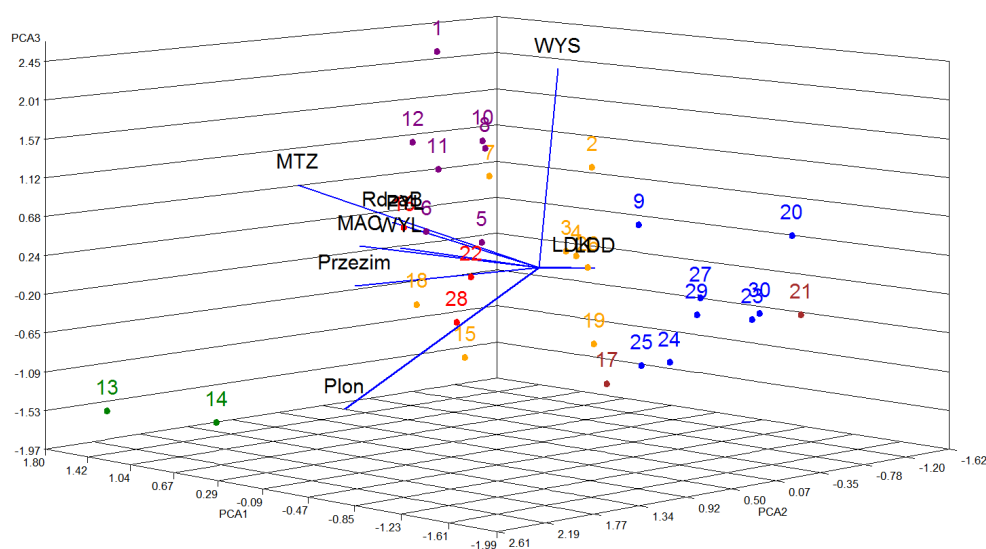
Fig. 3. Layout of winter rye genotypes' groups for the 1st and 2nd (CVA1 and CVA2) and for the 1st and 3rd (CVA1 and CVA3) canonical variable

Kontrolę wykonanej transformacji przeprowadzono biorąc pod uwagę grupę 3, ze względu na to, że w jej składzie znalazły się dwie wzorcowe odmiany mieszańcowe Balistic i Minello. Na podstawie informacji dotyczących tych wzorców, podanych na stronach internetowych firm hodowlanych: KWS LOCHOW POLSKA (online) — hodowcy odmiany Balistic, oraz SAATEN-UNION (online) — hodowcy odmiany Minello, sprawdzono czy właściwości obiektów z grupy 3 pokrywają się z właściwościami wzorców podanymi przez formy hodowlane. Grupa 3 charakteryzowała się następującymi właściwościami na tle pozostałych grup (tab. 2, rys. 3): bardzo wysoki plon ($\uparrow$), duża wartość MTZ ($\uparrow$), bardzo mała wysokość ($\downarrow$), dobra odporność na wyleganie ($\uparrow$), dobra mrozoodporność ($\uparrow$), LDK i LDD powyżej średniej liczby dni dla wydzielonych grup ($\uparrow$), wysokie pylenie ($\uparrow$), dobra odporność na mączniaka i rdzę brunatną. Po stwierdzeniu dużej zgodności otrzymanego opisu grupy 3 z informacjami firm hodowlanych o odmianach Balistic i Minello, stwierdzono, że dane poddane transformacji nie uległy zniekształceniu i mogą zostać wykorzystane do dalszych analiz.

Tabela 2

Charakterystyka grup genotypów żyta ozimego
The description of groups of winter rye genotypes

	Plon Yield	MTZ 1000 grain weight	Wyso- kość Plant height	Wylega- nie Lodging	Przezimo- wanie Winter hardiness	LDK No. of days to heading	LDD No. of days to maturity	Pylenie Pollen fertility	Mączniak Poldery mildew	Rdza brunatna Brown rust
Zmienna kanoniczna Canonical variable	3	1	3	1	1	2	2	1	1	1
Współczynnik korelacji cechy ze zmienną kanoniczną Correlation coefficients between trait and canonical variable	-0,79	0,62	0,67	0,75	0,74	0,92	0,65	0,81	0,82	0,81
Grupa 1	↓	↑	↑	↑	↑	0	0	↑	↑	↑
Grupa 2	0	↑	0	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑
Grupa 3	↑	↑	↓	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑
Grupa 4	0	0	0	0	0	↓	↓	0	0	0
Grupa 5	↑	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓
Grupa 6	↓	↓	↑	↓	↓	↑	↑	↓	↓	↓

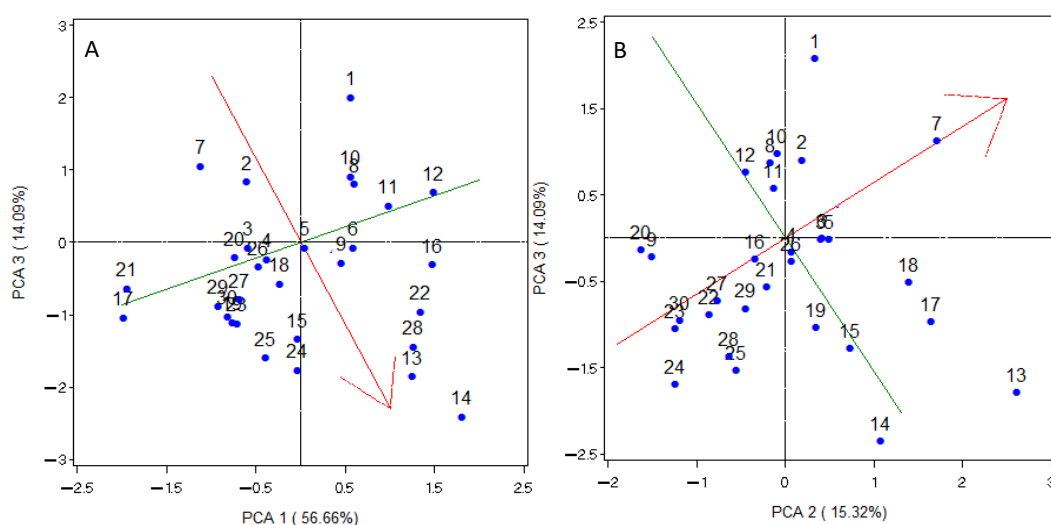


Rys. 4. Rozmieszczenie genotypów żyta ozimego w układzie trzech pierwszych składowych głównych
Fig. 4. Layout of winter rye genotypes coordinated by first three principal components

Wielocechowe zróżnicowanie badanych obiektów można scharakteryzować na podstawie wykresu w układzie pierwszych trzech składowych głównych (rys. 4). Charakterystyka ta może być dosyć trudna zwłaszcza przy dużej liczbie cech skorelowanych ze składowymi głównymi

i dużej liczbie obiektów. Ponadto posługiwanie się wyznaczonymi kierunkami zmienności poszczególnych cech na wykresie w układzie pierwszych trzech składowych głównych (rys. 4) może sprawiać trudności. Aby ułatwić ocenę obiektów zaproponowano regresję na składowych głównych PCR, która pozwala uzyskać osobne wykresy dla poszczególnych cech w skali tych dwóch składowych głównych, dla których wyznaczona funkcja ma największy współczynnik determinacji R^2 .

Na rysunkach 5, 6 i 7 pokazano położenie badanych form w układzie dwóch składowych głównych. Linia zakończona grotem wskazuje kierunek przebiegu wyznaczonej funkcji regresji, a grot wzrost wartości cechy. Linia prostopadła do linii z grotem wskazuje obszar średnich wartości cechy.

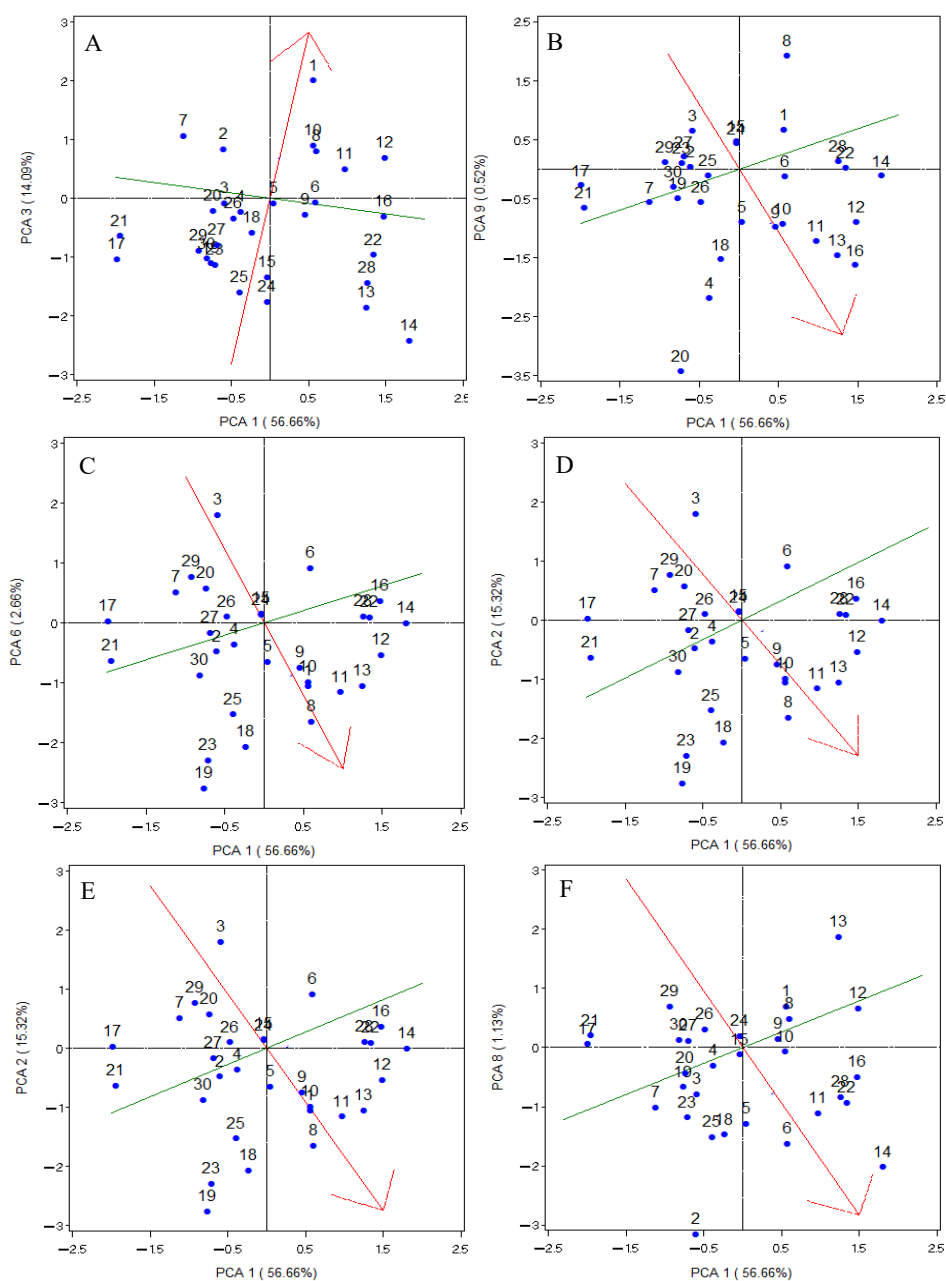


Rys. 5. Funkcja regresji na dwóch składowych głównych dla plonu (na pierwszej PCA1 i trzeciej składowej głównej i PCA3; rys. A) i MTZ (PCA2 i PCA3; rys. B)

Fig. 5. Regression function on two principal components for grain yield (on first PCA1 and third PCA3; fig. A) and 1000 grains weight (PCA2 and PCA3; fig. B)

Na rysunku 5A przedstawiono funkcję regresji PCR dla plonu. Dla pierwszej i trzeciej składowej głównej funkcja regresji PCR osiągnęła największą wartość R^2 wynoszącą 0,68. Analizując wykres tej funkcji stwierdzamy, że najwyższym plonem charakteryzowały się genotypy mieszańcowe 14- Minello, 13- Balistic 28- SMH8240, 24- SMH8311, 22- SMH8121. Spośród form populacyjnych najwyżżej plonowały 9- HRSM4 oraz 6- CHD62.

Na rysunku 5B pokazano funkcję regresji PCR dla MTZ (dla pierwszej i szóstej składowej głównej funkcja osiągnęła wartość $R^2 = 0,75$). Na podstawie tego wykresu można zauważyć, że większą wartość MTZ osiągnęły formy populacyjne niż mieszańcowe z kilkoma wyjątkami: dużą wartością charakteryzowały się genotypy mieszańcowe 13- Balistic, 18- CHD621, 17- CHD617, a małą forma populacyjna 9- HRSM4. Najwyższą wartość uzyskano dla formy populacyjnej 7- CHD101.

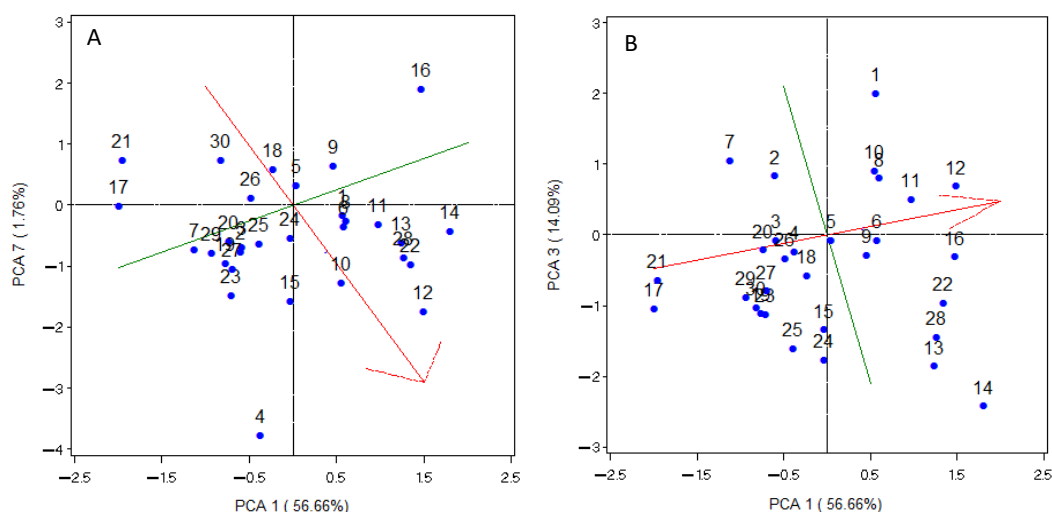


Rys. 6. Funkcje regresji na dwóch składowych głównych dla wysokości (A), odporności na wyleganie (B), przezimowania (C), LDK (D), LDD (E) oraz dla pylenia (F)

Fig. 6. Regression functions on two principal components for plant height (fig. A), lodging score (fig. B), winter hardiness (fig. C), no. of days to heading (fig. D), no. of days to maturity (fig. E) and for pollen shed (fig. F)

Na rysunku 6 przedstawiono wykresy funkcji regresji PCR dla badanych cech rolniczych. Wyższymi odmianami są odmiany populacyjne (rys. 6A, $R^2=0,81$) niż mieszańcowe, najwyższą jest forma 1- Bosmo (wzorzec odmian populacyjnych), najniższymi są formy 14- Minello, 24- SMH 8311, 25- SMH 7191, 13- Balistic. Najwyższą odpornością na wyleganie (rysunek 6B, $R^2=0,99$) wśród badanych form charakteryzowały się 20- NAD 472, 16- CHD 548, 13- Balistic, 4- CHD 28. Największą mrozoodporność (rys. 6C, $R^2=0,90$) stwierdzono dla 19- CHD 627, 18- CHD 621, 23- SMH 7186, 8- HRSM 1, 13- Balistic. Najmniejszą liczbą dni do kłoszenia (rys. 6D, $R^2=0,70$) i liczbą dni do dojrzałości (rys. 6E, $R^2=0,78$) charakteryzowały się formy 3- CHD 17, 29- SMH 7205, 7- CHD 101, 17- CHD 617, a największą 13- Balistic, 12- HRSM 9, 11- HRSM 8, 14- Minello, 8- HRSM 1. Bardzo dobrym pyleniem (rys. 6F, $R^2=0,94$) charakteryzowały się formy 14- Minello, 22- SMH 8121, 6- CHD 62, 11- HRSM 8, 28- SMH 8240.

Na rysunku 7 przedstawiono wykresy funkcji regresji PCR dla odporności na mączniaka (rys. 7A, $R^2=0,93$) oraz na rdzę brunatną (rys. 7B, $R^2=0,99$). Bardziej odpornymi na mączniaka były odmiany populacyjne niż mieszańcowe, gdyż większość form populacyjnych jest położona na wykresie wokół linii prostopadłej (obszar wartości średnich) i poniżej (kierunek zgodny ze strzałką na wykresie). Najbardziej odpornymi formami były 4- CHD 28, 12- HRSM 9, 22- SMH 8121, 28- SMH 8240, 14- Minello, 13- Balistic, a najmniej 21- SMH 7183, 30- SMH 7213, 17- CHD 617. Na rdzę brunatną najbardziej odpornymi były 12- HRSM 9, 16- CHD 548, 14- Minello, 22- SMH 8121, 11- HRSM 8, a najmniej 17- CHD 617, 21- SMH 7183, 29- SMH 7205.



Rys. 7. Funkcje regresji na dwóch składowych głównych dla odporności na mączniaka (A) oraz dla odporności na rdzę brunatną (B)

Fig. 7. Regression functions on two principal components for resistance to powdery mildew (fig. A) and brown rust (fig. B)

Dwuwymiarowe wykresy funkcji regresji na składowych głównych PCR pozwalają na wnikliwą ocenę badanych genotypów żyta ozimego, umożliwiającą uzyskanie dokład-

niejszych wniosków niż analiza wykresu PCA, ze względu na to, iż każdą cechę możemy analizować na osobnym wykresie.

WNIOSKI

1. Analiza składowych głównych PCA przeprowadzona na wartościach cech w skali bonitacyjnej poddanych transformacji wyjaśniła ponad 15% więcej zmienności całkowitej (86%) niż PCA na wartościach nietransformowanych (71%) dla trzech pierwszych składowych. Zastosowana transformacja nie spowodowała zniekształcenia własności badanych obiektów.
2. W pracy pokazano wykorzystanie wykresów funkcji regresji PCR na dwóch składowych głównych w celu uproszczenia interpretacji wielocechowej analizy badanych form żyta ozimego. Wykresy takie umożliwiają dokładniejszą ocenę badanych genotypów niż wykres składowych głównych, co ułatwi wykrycie genotypów o ponadprzeciętnych własnościach mogących mieć duże znaczenie w hodowli żyta ozimego.
3. Na podstawie zastosowanych metod wielowymiarowych stwierdzono, że wśród form populacyjnych obiekt HRSM 4 zbliżony jest swoimi właściwościami do form mieszańcowych.

LITERATURA

- Caliński T., Harabasz J. 1974. A dendrite method for cluster analysis. *Comm. Stat.* 3: 1 — 27.
- Crossa J., Franco J. 2004. Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica* 137: 19 — 37.
- Duda R. O., Hart P. E. 1973. *Pattern classification and scene analysis*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Fisher R. A. 1938. *Statistical methods for research workers*. 7th Edition. Oliver and Boyd, Edinburgh.
- Fisher R. A., Mackenzie W. A. 1923. Studies in crop variation: II The manorial response of different potato varieties. *Journal of Agricultural Science* 13: 311 — 320.
- Hatcher, L. Stepanski, E. 1994. *A step-by-step approach to using the SAS system for univariate and multivariate statistics*. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Hooks T., Pedersen J.F., Marx D. B., Vogel K. P. 2006. Variation in the U.S. photoperiod insensitive sorghum collection for chemical and nutritional traits. *Crop Sci.* 46: 751 — 757.
- Hotelling H. 1933. Analysis of complex of statistical variables into principal components. *Journal of Education Psychology* 24: 417 — 441, 498 — 520.
- Hotelling H. 1936. Simplified computation of principal components. *Psychometrika* 1: 27 — 35.
- Jolliffe I. T. 1982. A note on the use of principal components in regression. *Applied Statistics* 31: 300 — 303.
- Jolliffe I. T. 1986. *Principal component analysis*. New York, Springer-Verlag.
- Kubicka H., Puchalski J., Niedzielski M., Łuczak W., Martyniszyn A. 2006. Gromadzenie i ocena zasobów genowych żyta. *Biul. IHAR* 240/241: 141 — 150.
- Khattree R., Naik D. N. 2000. *Multivariate data reduction and discrimination with SAS software*. SAS Institute Inc., Cary, NC. 558 pp.
- Kruskal J. B., Shepard, R. N. 1974. A nonmetric variety of linear factor analysis. *Psychometrika* 38: 123 — 157.
- Krzyszowski W.J. 1988. *Principles of multivariate analysis: a user's perspective*. Oxford University Press, Oxford.
- KWS LOCHOW POLSKA [dostęp 12 marca 2011]. <http://www.kws-lochow.pl/odmiany/wszystkie-odmiany/zboze/zyto-ozime/odmiana/balistic.html>.

- Mohammadi S.A., Prasanna B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-Salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.* 43: 1235 — 1248.
- Pearson K. 1901. On lines planes of closest fit to a system of points in space. *Philosophical Magazine* 2: 557 — 572.
- Rao C. R. 1964. The use and interpretation of principal components in applied research. *Sankhya A* 26:329 — 358.
- SAATEN-UNION [dostęp 12 marca 2011]. Dostępny w internecie: <http://www.saaten-union.pl/odmiany/ozime/index.php/minello/>.
- SAS Institute Inc. 2008. SAS/STAT® 9.2 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Searle S. R., Casella G., McCulloch C. E. 1992. Variance components. John Wiley & Sons, New York.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Zmienność i współzależność niektórych cech struktury plonu u żyta. *Biul. IHAR NR 218/219*: 401 — 408.
- Śmiałowski T. 2007. Zmienność plonu i wybranych cech form mieszańcowych i populacyjnych żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 2003–2005. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 517, cz. 2: 741 — 748.
- Ukalski K., Śmiałowski T. Ukalska J. 2009. Analiza plonowania i stabilności genotypów owsa za pomocą metody graficznej typu GGE. *Żywność. Nauka. Techn. Jakość.* Nr 3: 127 — 140.
- Ukalska J., Ukalski K., Kociuba W., Kramek A. 2010. Porównanie genotypów kolekcyjnych pszenżyta jarego × *Triticosecale* Wittmack; cz. 1. Analiza zmienności fenotypowej. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555: 437 — 445.
- Ward J. H., jr. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J. Am. Statist. Assoc.* 58: 236 — 244.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T., Grochowski L. 1996. Zmienność i współzależność cech oraz ocena zjawisk genetycznych w życie ozimym badanym w kolekcji 1977–1992. *Biul. IHAR* 200: 69 — 83.
- Winsberg S. Ramsay J. O. 1983. Monotone spline transformations for dimension reduction. *Psychometrika* 48: 575 — 595.
- Young F. W., Takane Y., de Leeuw J. 1978. The principal components of mixed measurement level multivariate data: An alternating least squares method with optimal scaling features. *Psychometrika* 43: 279 — 281.

JOANNA UKALSKA¹TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI²KRZYSZTOF UKALSKI¹¹ Katedra Ekonometrii i Statystyki, Zakład Biometrii

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB

Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie

Porównanie parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności na podstawie wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym

Comparison of parametric and non-parametric stability measures on the basis of data from preliminary trials with winter rye

W pracy analizowano stabilność plonowania 12 form populacyjnych i 18 mieszańcowych żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych prowadzonych w 2009 roku w 6 miejscowościach. Celem pracy było porównanie parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności oraz wskazanie stabilnie i wysoko plonujących genotypów żyta ozimego. Zastosowano 17 miar stabilności, wśród których wydzielono, na podstawie hierarchicznej analizy skupień, 3 grupy. Grupa 1 to miary wskazujące na stabilność dynamiczną silnie skorelowane ze średnią genotypową: P_i , D_i , YS i TOP ; grupa 2 — miary służące do wyznaczania genotypów o przeciętnym plonie ale wysokiej stabilności: b_i , α , S_i^2 i CV ; grupa 3 — miary stabilności w sensie statycznym wskazujące genotypy do uprawy ekstensywnej: $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ i $S_i^{(6)}$, S_{di}^2 , λ , θ , W_i i D^2 . Wśród genotypów populacyjnych stabilnymi i wysoko plonującymi rodami były CHD 62 i CHD 43. Rody te mogą być stosowane w uprawie intensywnej. Ród populacyjny CHD 17, ze względu na średni plon i wysoki poziom stabilności może znaleźć zastosowanie w uprawie ekstensywnej. Wśród genotypów mieszańcowych rodami wysoko plonującymi i wysoko stabilnymi wskazanymi do uprawy intensywnej były CHD 548, CHD 516, CHD 621, SMH 8121 i SMH 8240.

Słowa kluczowe: analiza skupień, formy mieszańcowe, formy populacyjne, parametryczne i nieparametryczne miary stabilności, plon ziarna, żyto ozime

Yield stability of 12 open-pollinated and 18 hybrid genotypes of winter rye was assessed in preliminary trials conducted in 6 locations in 2009. The aim of this work was to compare parametric and non-parametric stability measures and to indicate stable and high yielding genotypes of winter rye. On the basis of hierarchical cluster analysis 17 stability measures were classified into three groups. The first group related to the dynamic concept of stability and strongly correlated with mean yield included the parameters: P_i , D_i , YS and TOP ; the second group — stability measures pointing stable genotypes

with average yield included: b_i , α S_i^2 i CV ; the third group — stability measures reflecting the concept of static stability and indicating genotypes for extensive cultivation included $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ i $S_i^{(6)}$, S_{di}^2 , λ , θ , W_i i D^2 . Among the open-pollinated genotypes stable and high yielding ones were CHD62 and CHD 43. On account of average yield open-pollinated line CHD 17 can be used in extensive cultivation. High yielding and highly stable hybrid lines destined for intensive cultivation were CHD 548, CHD 516, CHD 621, SMH 8121 i SMH 8240.

Key words: cluster analysis, grain yield, hybrid lines, open-pollinated lines, parametric and non-parametric stability measures, winter rye

WSTĘP

Badanie wpływu interakcji genotypowo-środowiskowej (GE), czyli specyficznej reakcji genotypów na warunki środowiska jest ważnym aspektem analizy danych w doświadczeniach hodowlanych. Celem tych analiz może być np. wskazanie przydatności punktów doświadczalnych do oceny materiału hodowlanego (Śmiałowski i in., 2001) oraz genotypów stabilnie plonujących w różnych środowiskach (Becker i Leon, 1988). Równie ważne jest zwrócenie uwagi na wysoki poziom plonowania tych obiektów (Becker i Leon, 1988; Bujak i in., 2008; Mohammadi i Amri, 2008).

W kilku ostatnich dziesięcioleciach do badania stabilności plonowania w doświadczeniach hodowlanych zaproponowano wiele miar statystycznych. Należą do nich miary oparte na modelach regresji, modelach analizy wariancji (Piepho, 1998), oraz inne miary jednowymiarowe wśród których są miary zarówno parametryczne jak i nieparametryczne. Stosowane są również metody wielowymiarowe (Zobel i in., 1988; Gauch, 2006). Najczęściej stosowanymi miarami parametrycznymi opartymi na modelu regresji są współczynnik regresji Eberharta i Russela b_i (1966), podany wcześniej przez Finlaya i Wilkinsona (1963) oraz wariancja odchylen od regresji S_{di}^2 . Miara genotypowej stabilności Hansona D_i^2 (Hanson, 1970; Becker i Leon, 1988) wykorzystuje minimalną wartość b_i dla i -tego genotypu. Wprowadzone przez Tai'a (1971) efekt środowiskowy α oraz odchylenie od regresji λ , w interpretacji podobne do parametrów regresji, są estymatorami największej wiarygodności otrzymanymi z analizy wariancji. Wśród miar parametrycznych, które wskazują na wkład genotypu w wielkość wariancji dla interakcji GE są wariancja stabilności Shukli (1972), ekowalencja Wricke'a W_i (1962), wariancja interakcji GE bez i -tego genotypu $\theta_{(i)}$ (Plaisted 1960; Lin i in., 1986). Francis i Kanenberg (1978) zaproponowali wariancję środowiskową S_i^2 oraz współczynnik zmienności CV . Miarami kładącymi szczególny nacisk na porównanie ze średnim plonem są indeks nadrzędności genotypu P_i (Lin i Binns, 1988) oraz indeks atrakcyjności genotypu D_i (Hernandez i in., 1993).

Wymienione wyżej parametryczne miary stabilności są efektywne pod warunkiem spełnienia założeń wymaganych przy stosowaniu danej techniki statystycznej, zwykle są to założenia o normalności błędów oraz losowych efektów przyjętego modelu, najczęściej efektów interakcji GE i środowiska (Sabaghnia i in., 2006; Mohammadi i Amri, 2008). Dlatego też zaproponowano wiele miar nieparametrycznych, przy których stosowaniu nie

są wymagane założenia dotyczące rozkładu zmiennej, ponadto metody te nie są czułe na wartości odstające (Nassar i Hühn, 1987; Hühn, 1990). Wśród miar nieparametrycznych najczęściej stosowanymi są rangowe parametry stabilności $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$ (Nassar i Hühn, 1987), rangowa miara przewagi genotypu TOP (Fox i in., 1990) oraz miara Kanga RS (Kang i Pham, 1991) będąca wskaźnikiem wysokiego plonu i małej wariancji stabilności Shukli.

Wyniki otrzymywane na podstawie wymienionych miar dla tego samego zestawu danych eksperymentalnych różnią się. Nie wskazano jednej zawsze skutecznej metody, której wyniki mogłyby być z powodzeniem stosowane dla każdej serii doświadczeń. Zatem, warto stosować co najmniej kilka z nich do analizy wyników tych samych serii doświadczeń (Becker i Leon, 1988). Takie podejście zastosowało wielu autorów (Bhargava i in., 2008; Bujak i in., 2008; Mohammadi i Amri, 2008; Mut i in., 2010), którzy porównywali podobieństwo wyników uzyskanych za pomocą zastosowanych przez siebie miar stabilności.

Cel pracy był dwójaki: 1. porównanie parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności określających zróżnicowaną reakcję plonu form żyta ozimego na zmienne warunki środowiskowe w miejscowościach, 2. wskazanie stabilnie i wysoko plonujących genotypów żyta ozimego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy

Materiał badawczy obejmował wyniki doświadczeń wstępnych z żytem ozimym przeprowadzonych w 2009 r. dla potrzeb hodowli przez Stacje i Zakłady Hodowli Roślin koordynowanych przez Zakład Roślin Zbożowych IHAR — PIB w Krakowie. Doświadczenia przeprowadzono w 6 miejscowościach (Choryń, Laski, NAGRADOWICE, Radzików, Smolice, Sobiejuchy) w układzie bloków niekompletnych z trzema powtórzeniami na poletkach o powierzchni 10 m². Zabiegi agrotechniczne; nawożenie, ochronę przed chwastami i szkodnikami zastosowano odpowiednio do lokalnych potrzeb. W okresie wegetacji wykonano obserwacje porażenia chorobami (skala 1–9), podatności na wyleganie, zdolności pylenia kwiatostanów, pomiary wysokości, odnotowano daty kłoszenia, a po zbiorach oznaczono plon ziarna z poletka (przy 15% H₂O). Badano 30 genotypów żyta ozimego pochodzących z kilku ośrodków hodowlanych w Polsce (tab. 2). Było to 12 genotypów populacyjnych (w tab. 2 obiekty o numerach 1–12) — 10 rodów i 2 wzorce: Bosmo i Dańkowskie Diament oraz 18 mieszańcowych z 2 wzorcami: Balistic i Minello (w tab. 2 obiekty o numerach 13–30). W niniejszej pracy rozpatrywano plon ziarna [dt/ha].

Metody statystyczne

Przeprowadzono analizę wariancji w układzie bloków niekompletnych dla pojedynczych doświadczeń w celu estymacji średnich genotypowych, poprawionych ze względu na zastosowany układ doświadczalny. Tak uzyskane estymatory średnich genotypowych poddano dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej genotypy × środowiska (miejscowości) z interakcją. Zastosowano model mieszany, w którym efektami losowymi

były efekt główny środowiska i efekt interakcji GE (genotypy $\times$ środowiska), natomiast stałym był efekt genotypu. Do badania stabilności plonowania zastosowano 11 parametrycznych i 6 nieparametrycznych miar stabilności (tab. 1). Miary te wyznaczono według wzorów zaproponowanych w podanej w tabeli 1 literaturze. Nie podano wariancji stabilności Shukli, która dla potrzeb rangowania genotypów daje jednakowe wyniki jak miara ekowalencji Wricke'a (Piepho 1998). Badane genotypy rangowano według wartości wyznaczonych miar. Pomiędzy miarami zbadano istotność korelacji na podstawie współczynników korelacji Spearmana. W celu pogrupowania miar pod względem podobieństwa uzyskanych wyników wykonano hierarchiczną analizę skupień metodą Warda.

Tabela 1

Parametryczne i nieparametryczne miary stabilności
Parametric and non-parametric stability measures

Symbol Symbol	Oznaczenie na wykresie Label on the figure 1	Nazwa Name	Źródło Source
μ	m	Średnia genotypowa plonu — Genotypic mean of yield	
Miary parametryczne — Parametric measures			
b_i	b	Współczynnik regresji Eberhart'a i Russel'a oraz Finlay'a i Wilkinsona (Eberhart and Russel's regression coefficient)	Eberhart i Russell, 1966
S_{di}^2	S2di	Średni kwadrat odchyłeń od regresji (residual mean square of deviations from regression)	Eberhart i Russell, 1966
α	Alfa	Efekt środowiskowy alfa Tai'a (Tai's environmental alpha effect)	Tai, 1971
λ	Lambda	Odchylenie lambda Tai'a (Tai's lambda deviation from regression)	Tai, 1971
θ	Teta	Wariancja interakcji GE bez i -tego genotypu (Plaisted's teta variance component)	Plaisted, 1960
W_i	W	Ekowalencja Wricke'a (dla celów rangowania równoważna wariancji stabilności Shukli; Wricke's ecovalence)	Lin i in., 1986
S_i^2	S2i	Wariancja środowiskowa (Francis and Kannenberg's environmental variance)	Francis i Kannenberg, 1978
CV	CV	Współczynnik zmienności (Francis and Kannenberg's coefficient of variability)	Francis i Kannenberg, 1978
D^2	D2H	Miara genotypowej stabilności Hansona (Hanson's unadjusted genotypic stability)	Becker i Leon, 1988
P_i	Pi	Indeks nadrzędności genotypu (Superiority measure)	Lin & Binns, 1988
D_i	Di	Indeks atrakcyjności genotypu (Desirability index)	Hernandez i in., 1993
Miary nieparametryczne — Non-parametric measures			
$S_i^{(1)}$	Si(1)	Rangowe parametry stabilności (Hühn's nonparametric rank-based stability measures)	Nassar i Hühn, 1987
$S_i^{(2)}$	Si(2)		
$S_i^{(3)}$	Si(3)		
$S_i^{(6)}$	Si(6)		
TOP	TOP	Rangowa miara przewagi genotypu TOP (stratified rank superiority measure TOP)	Fox i in., 1990
YS	YS	Miara stabilności Kanga (Kang's yield stability)	Kang i Pham, 1991

Genotypy stabilnie i wysoko plonujące wskazano na podstawie 4 kryteriów: (i) sumy rang — genotyp stabilny powinien charakteryzować się jak najmniejszą wartością, (ii) liczby wystąpień genotypu na pierwszej pozycji — genotyp stabilny powinien występować

na tej pozycji jak najczęściej, (iii) liczby parametrów stabilności, których wartość dla danego genotypu była odpowiednio poniżej (jeśli niska wartość miary wskazuje genotyp stabilny) lub powyżej (jeśli wysoka wartość miary jest pożądana) średniej wartości miary — genotyp stabilny będzie charakteryzował się jak największą wartością, (iv) wielkości plonu — brano pod uwagę obiekty o większym niż średni plonie.

Analizy statystyczne wykonano przy użyciu pakietu SAS z wykorzystaniem procedur napisanych w języku SAS/IML (Interactive Matrix Language) oraz procedur graficznych (SAS Institute Inc. 2008a, 2008b).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wśród genotypów populacyjnych najwyższym plonem (tab. 2), jednocześnie wyższym od średniego plonu dla wszystkich badanych genotypów populacyjnych i mieszańcowych, charakteryzował się ród CHD 62, który jednocześnie uzyskał jedną z najmniejszych sum rang oraz wartości 11 miar stabilności były na poziomie pożądanym, tj. takim, który wskazuje na większą niż średnia stabilność środowiskową wśród badanych genotypów.

Tabela 2

**Średnie plonu poprzez środowiska oraz ranking genotypów według zastosowanych miar stabilności
(genotypy populacyjne 1–12, mieszańcowe 13–30)**
**Genotypic mean yield across environments and genotypes' ranking according to used stability
measures (open-pollinated genotypes 1–12, hybrid genotypes 13–30)**

Genotyp Genotype	Średnia genotypowa plonu Genotypic mean yield	Suma rang Rank sum	Liczba wystąpień na pierwszej pozycji Number of occurrences on the first position	Liczba miar o wartościach pożądanych* (maks. 17) Number of measures of desirable values
1	2	3	4	5
1 Bosmo	237,2	413	0	5
2 D. Diament	217,0	296	1	9
3 CHD 17	237,7	144	5	8
4 CHD 28	229,1	364	0	7
5 CHD 43	245,8	267	0	11
6 CHD 62	250,2	160	1	11
7 CHD 101	234,9	324	0	10
8 HRSM 1	238,1	245	0	10
9 HRSM 4	232,6	189	1	9
10 HRSM 7	233,9	366	1	5
11 HRSM 8	239,2	274	0	7
12 HRSM 9	240,7	213	0	13
Średnia genotypów populacyjnych Population objects mean				
	236,4			
13 Balistic	282,4	221	1	6
14 Minello	291,5	363	2	9
15 CHD 516	262,2	114	1	13
16 CHD 548	267,0	173	2	13
17 CHD 617	252,9	271	0	14
18 CHD 621	254,8	141	0	12
19 CHD 627	241,8	238	0	9
20 NAD 472 06	233,2	291	0	10

c.d. Tabela 2

	1	2	3	4	5
21	SMH 7183	238,0	172	4	14
22	SMH 7186	229,7	445	1	4
23	SMH 7191	245,6	205	1	14
24	SMH 7205	240,5	197	1	7
25	SMH 7213	233,5	392	0	3
26	SMH 7334	238,9	372	1	3
27	SMH 8121	259,5	145	1	11
28	SMH 8240	264,5	262	0	11
29	SMH 8311	252,5	266	2	10
30	SMH 8312	249,2	256	0	7
Średnia genotypów mieszańcowych					
Hybrid objects mean		252,1			
Średnia					
Mean		245,8	259,3	0,9	9,2

* Powyżej/poniżej średniej, jeśli duże/male wartości miary wskazują na stabilność; Above/below average if high/small values indicate stability

Ponadto ród ten dla jednej z rozważanych 17 miar wystąpił na pierwszej pozycji w rankingu genotypów. Podobny plon uzyskano dla rodu CHD 43, dla którego jednak suma rang była znacznie wyższa co oznacza, że zajmował dalsze pozycje w rankingu genotypów. Ze względu na wysoki średni plon poprzez środowiska można uznać, że rody te charakteryzują się stabilnością dynamiczną, zatem są obiecującymi rodami do uprawy intensywnej (Lin i in., 1986; Bujak i in., 2008). Najmniejszą sumą rang wśród genotypów populacyjnych, największą liczbą miejsc na 1 pozycji w rankingu i 8 miarami o wartościach pożądanых charakteryzował się ród CHD 17, którego jednak plon był na średnim poziomie rodów populacyjnych, zatem można uznać, że ten genotyp charakteryzuje się stabilnością statyczną i może być stosowany w uprawach ekstensywnych (Bujak i in., 2008).

Wśród genotypów mieszańcowych żyta ozimego obiektami o plonie najwyższym (tab. 2), charakteryzującymi się jednocześnie małymi sumami rang i dużą liczbą miar o wartościach pożądanых były mieszańce CHD 548, CHD 516, CHD 621 oraz SMH 8121. Najwyższy plon wśród badanych genotypów (poza wzorcami mieszańcowymi) uzyskano dla obiektu SMH 8240, który charakteryzował się dużą liczbą miar o wartościach pożądanых jednak sumą rang nieco ponad średnią co wskazuje na jego mniejszą stabilność niż wymienionych wcześniej mieszańców. Wskazane rody można uznać za stabilne w sensie dynamicznym. Średnia genotypowa poprzez środowiska μ była bardzo silnie skorelowana dodatnio z indeksem atrakcyjności genotypu D_i (tab. 3) i ujemnie z indeksem nadrzędności genotypu P_i . Nieco słabszą korelację stwierdzono pomiędzy średnim plonem genotypu a miarami TOP (dodatnia), YS i CV (ujemna). Zależności ujemne wynikają z faktu, że małe wartości miar P_i i YS CV wskazują na stabilność genotypu. Bardzo silną korelację ujemną wśród miar parametrycznych stwierdzono pomiędzy wariancją interakcji GE bez i -tego genotypu θ i z ekowalencją Wricke'a W_i , dlatego wartości bezwzględne współczynników korelacji tych miar z pozostałymi są takie same. Silną zależność ujemną stwierdzono także pomiędzy parami D_i i P_i , θ i D^2 , oraz θ i λ , natomiast dodatnią pomiędzy miarą genotypowej stabilności Hansona D^2 a odchyleniem λ , wariancją środowiskową S_i^2 i współczynnikiem zmienności CV. Współczynnik α był silnie skorelowany ze

współczynnikiem Eberharta i Russela b_i . Ujemna korelacja pomiędzy średnim plonem P_i wynika z tego, że małe wartości tej miary wskazują na stabilność genotypu. Wśród miar nieparametrycznych skorelowane były między sobą parametry wszystkie rozpatrywane parametry Hühna, z czego najsilniej $S_i^{(1)}$ z $S_i^{(2)}$ i $S_i^{(3)}$ z $S_i^{(6)}$. Podobne wyniki otrzymali Hühn (1990) oraz Sabaghnia (2006). Parametr $S_i^{(3)}$ był skorelowany dodatnio z miarą Hansona D^2 , a także z ekowalencją Wricke'a W_i i ujemnie z wariancją interakcji GE bez i -tego genotypu θ . Miara $S_i^{(1)}$, podobnie jak w pracy Hühna (1990), była skorelowana ujemnie ze średnim kwadratem odchylen od regresji S_{di}^2 . Mohammadi i in. (2008) uzyskali istotne korelacje dodatnie miar W_i^2 i S_{di}^2 ze wszystkimi parametrami Hühna, podobnie jak i Piepho i Lotito (1992), którzy, spośród miar Hühna badali $S_i^{(1)}$ i $S_i^{(2)}$.

Tabela 3

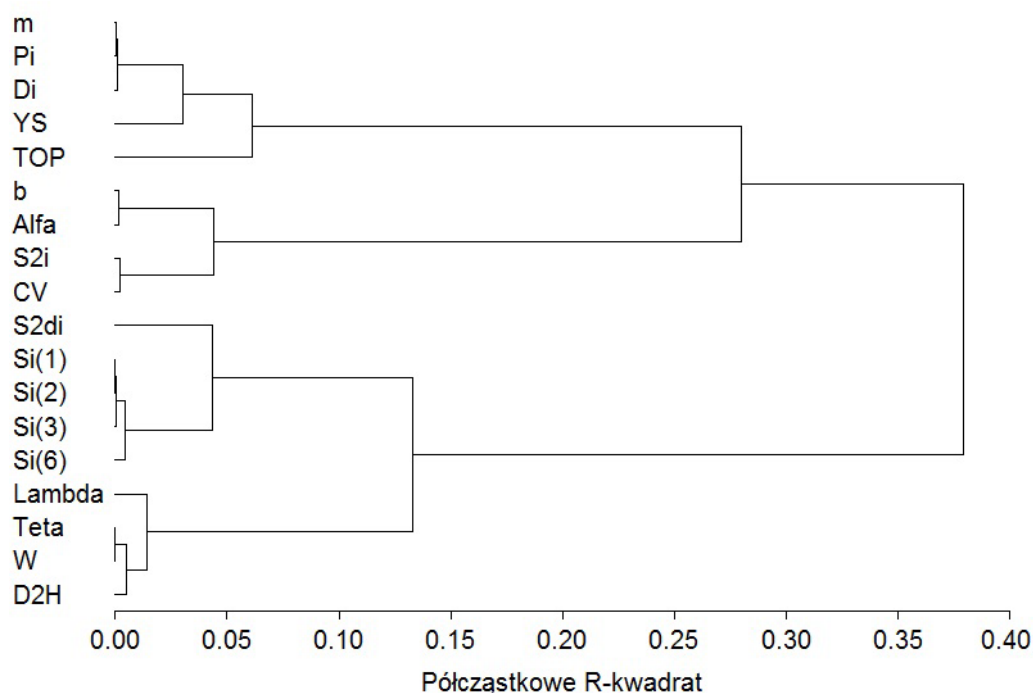
Współczynniki korelacji Spearmana pomiędzy parametrycznymi i nieparametrycznymi miarami stabilności

Spearman's coefficients of rank correlation between parametric and nonparametric stability measures																	
	μ	b_i	S_{di}^2	α	λ	θ	W_i	S_i^2	CV	D^2	P_i	D_i	$S_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$S_i^{(3)}$	$S_i^{(6)}$	TOP
b_i	0																
S_{di}^2	-0,06	0,37*															
α	-0,18	0,93**	0,3														
λ	0,09	-0,09	-0,45*	0,06													
θ	0,08	0,08	0,55**	-0,1	-0,84**												
W_i	-0,08	-0,08	-0,55**	0,1	0,84**	-1**											
S_i^2	-0,2	0,67**	-0,06	0,83**	0,53**	-0,59**	0,59**										
CV	-0,52**	0,59**	-0,01	0,79**	0,44*	-0,52**	0,52**	0,92**									
D^2	-0,16	0,27	-0,39*	0,46*	0,78**	-0,9**	0,9**	0,84**	0,78**								
P_i	-0,97**	0,03	-0,03	0,23	0,06	-0,21	0,21	0,33	0,63**	0,29							
D_i	0,97**	0,19	-0,01	0,01	0,07	0,07	-0,07	-0,05	-0,38*	-0,08	-0,93**						
$S_i^{(1)}$	0,09	0	-0,71**	0,1	0,53**	-0,66**	0,66**	0,42*	0,3	0,64**	-0,01	0,12					
$S_i^{(2)}$	0,09	0	-0,7**	0,1	0,53**	-0,66**	0,66**	0,42*	0,3	0,64**	-0,01	0,12	1**				
$S_i^{(3)}$	0,01	0,05	-0,69**	0,18	0,55**	-0,72**	0,72**	0,51**	0,41*	0,73**	0,08	0,05	0,97**	0,97**			
$S_i^{(6)}$	0,02	0,07	-0,61**	0,24	0,5**	-0,69**	0,69**	0,57**	0,44*	0,73**	0,06	0,06	0,89**	0,89**	0,94**		
TOP	0,7**	-0,19	-0,31	-0,25	0,41*	-0,34	0,34	-0,02	-0,3	0,2	-0,65**	0,66**	0,38*	0,38*	0,33	0,39*	
YS	-0,72**	-0,08	-0,31	0,15	0,49**	-0,72**	0,72**	0,49**	0,66**	0,69**	0,78**	-0,69**	0,37*	0,39*	0,47**	0,44*	-0,24

*, ** Istotność na poziomie odpowiednio $p=0,05$ i $p=0,01$; *, ** Significant at $p = 0.05$ and $p = 0.01$, respectively

Na podstawie hierarchicznej analizy skupień metodą Warda (rys. 1) podzielono miary stabilności na 3 grupy. Grupę 1 stanowi miary P_i , D_i , YS i TOP oraz średnia genotypową plonu μ . Ze względu na silne powiązanie ze średnią genotypową parametry z grupy 1 wskazują na stabilność w ujęciu dynamicznym, zatem mogą być stosowane do wyznaczania genotypów przeznaczonych do uprawy intensywnej. Podobne wyniki uzyskali Mohammadi i in. (2008) dla miar P_i i TOP, którzy w swojej pracy nie badali indeksu atrakcyjności genotypu D_i . Nie rekomendowali natomiast miary Kanga jako miary stabilności dynamicznej, podobnie jak Mut i in. (2010). W skład grupy 2 wchodzi współczynnik regresji Eberharta i Russela b_i , współczynnik α oraz wariancja środowiskowa S_i^2 i współczynnik zmienności CV . Miary te, ze względu na brak ich skorelowania ze średnią genotypową plonu, ale położenie na dendrogramie wskazujące na bliskie podobieństwo z grupą 1 (rys. 1), mogą służyć do wyznaczania genotypów o przeciętnym plonie i wysokiej stabilności. Grupę 3, najliczniejszą, tworzą cztery

nieparametryczne miary Hühna $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ i $S_i^{(6)}$, średni kwadrat odchyłeń od regresji Eberharta i Russela S_{di}^2 , odchylenie λ , parametr θ , ekowalencja Wricke'a W_i i miara Hansona D^2 . Grupa 3 to parametry wskazujące na stabilność statyczną, pozwalająca na wskazanie genotypów o przeciętnym plonie i średniej stabilności z powodzeniem stosowanych w uprawie ekstensywnej.



Rys. 1. Dendrogram podobieństwa parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności (oznaczenia miar podano w tab. 1)

Fig. 1. Dendrogram of similarities between parametric and nonparametric stability measures (measures' labels are shown in Table 1)

Autorzy prac, w których badano, na tym samym zbiorze danych, podobieństwo miar stabilności, zarówno parametrycznych jak i nieparametrycznych, wskazują na potrzebę stosowania jednocześnie kilku miar przy wyborze obiektów stabilnie plonujących (Becker i Leon, 1988; Piepho i Lotito, 1992; Mohammadi i in., 2008). Wyniki analiz przeprowadzonych w niniejszej pracy potwierdzają sensowność, a nawet konieczność takiego podejścia. Ze względu na duże zróżnicowanie wyników uzyskiwanych na podstawie prezentowanych miar do badania stabilności nowych form żyta ozimego w doświadczeniach wstępnych proponujemy zastosowanie co najmniej jednej miary z każdej wyznaczonej grupy. Parametryczne i nieparametryczne miary stabilności z tej samej grupy mogą być stosowane zamiennie.

WNIOSKI

1. Wśród badanych genotypów populacyjnych żyta ozimego stabilnymi i wysoko plonującymi rodami były CHD 62 i CHD 43. Rody te mogą być stosowane w uprawie intensywnej. Ród CHD 17 był stabilny w sensie statycznym, może znaleźć zastosowanie w uprawie ekstensywnej.
2. Wśród genotypów mieszańcowych wysoko plonującymi i wysoko stabilnymi wskazanymi do uprawy intensywnej były CHD 548, CHD 516, CHD 621, SMH 8121 i SMH 8240.
3. Na podstawie analizy skupień podzielono miary stabilności na 3 grupy: grupa 1 — miary wskazujące na stabilność dynamiczną: P_i , D_i , YS i TOP silnie skorelowane ze średnią genotypową; grupa 2 — miary służące do wyznaczania genotypów o przeciętnym plonie ale wysokiej stabilności: b_i , α , S_i^2 i CV ; grupa 3 — miary stabilności w sensie statycznym wskazujące genotypy do uprawy ekstensywnej: $S_i^{(1)}$, $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$ i $S_i^{(6)}$, S_{di}^2 , λ , θ , W_i i D^2 . Miary z tej samej grupy mogą być stosowane zamiennie.

LITERATURA

- Becker H. B., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101: — 23.
- Bhargava A., Shukla S., Ohri D. 2008. Genotype environment interaction studies in *Chenopodium album* L.: an underutilized crop with promising potential. *Communications in Biometry and Crop Sci.* 3 (1): 3 — 15.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008. Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod. *Biul. IHAR* 250: 189 — 201.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- 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.
- Francis T. R., Kannenberg L. W. 1978. Yield stability studies in short-season maize I. A descriptive method for grouping genotypes. *Can. J. Plant Sci.* 58: 1029 — 1034.
- Gauch H. G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488–1500.
- Hühn M. 1990. Non-parametric measures of phenotypic stability: part 1. Theory. *Euphytica* 47: 189 — 194.
- Hernandez C. M., Crossa J., Castillo A. 1993. The area under the function: an index for selecting desirable genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 87: 409 — 415.
- Kang M. S., Pham H. N. 1991. Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. *Agron. J.* 83: 161 — 165.
- Lin C. S., Binns M. R. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Can. J. Plant Sci.* 68: 193 — 198.
- Lin, C. S., Binns M.R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 26: 894 — 900.
- Mohammadi R., Amri A. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica* 159: 419 — 432.
- Mut Z., Gülümser A., Sirat A. 2010. Comparison of stability statistics for yield in barley (*Hordeum vulgare* L.). *African Journal of Biotechnology* 9 (11): 1610 — 1618.
- Nassar, R. Hühn M. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics* 43: 45 — 53.
- Plaisted R. L. 1960. A shorter method for evaluating the ability of selections to yield consistently over locations. *Am. Potato J.* 37: 166 — 172.
- 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., Lotito S. 1992. Rank correlation among parametric and nonparametric measures of phenotypic stability. *Euphytica* 64: 221 — 225.
- Sabaghnia N., Dehghani H., Sbaghpour H. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype $\times$ environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 — 1106.
- SAS Institute Inc. 2008 a. SAS/IML[®] 9.2 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- SAS Institute Inc. 2008 b. SAS/STAT[®] 9.2 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Przydatność punktów doświadczalnych do oceny materiałów hodowlanych żyta ozimego. *Biul. IHAR* 218/219: 409 — 417.
- Tai G. C. C. 1971. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. *Crop Sci.* 11: 184 — 190.
- Wricke G. 1962. Bei eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Z. Pflanzenzüchtg.* 47: 92 — 96.
- Zobel R. W., Wright M. J., Gauch H. G. Jr. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388 — 393.

KINGA MATYSIAK¹TOMASZ SEKUTOWSKI²SYLWIA KACZMAREK¹¹ Instytut Ochrony Roślin, Zakład Herbologii i Techniki Ochrony Roślin² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa

Aktywność etefonu, trineksapaku etylu i chlorku chloromekwatu w zależności od sposobu ich aplikacji w odmianach żyta ozimego

Activity of etephon, trinexapac ethyl and chlorocholine chloride depending on application method in cultivars of winter rye

Etefon, trineksapak etylu i chlorek chloromekwatu są popularnie stosowanymi retardantami wzrostu w uprawie zbóż. Obok działania retardacyjnego (hamowania wzrostu elongacyjnego pędu), a tym samym ochrony roślin przed wyleganiem, charakteryzuje je także znaczny wpływ na procesy rozwoju roślin. Celem badań była ocena wpływu trineksapaku etylu, etefonu i chlorku chloromekwatu stosowanych w mieszaninach i w zabiegach sekwencyjnych. Badania polowe prowadzono w Instytucie Ochrony Roślin, w latach 2008–2010. Do doświadczeń wybrano dwie odmiany żyta ozimego: odmianę populacyjną — Dańkowskie Diament i odmianę heterozyjną — Visello. W doświadczeniach stosowano regulatory wzrostu i rozwoju roślin: trineksapak etylu (Moddus 250 EC), chlorek chloromekwatu (Antywylegacz płynny 675 SL) i etefon (Cerone 480 SL). Retardanty stosowano w mieszaninach (zabieg w fazie BBCH 31 rośliny uprawnej) lub w zabiegach sekwencyjnych (I zabieg w fazie BBCH 31, II zabieg w fazie BBCH 37). Mieszaniny stosowano w kombinacjach: trineksapak etylu + chlorek chloromekwatu oraz trineksapak etylu + etefon. W wariancie zabiegów sekwencyjnych stosowano: trineksapak etylu (I zabieg) i chlorek chloromekwatu (II zabieg) oraz trineksapak etylu (I zabieg) i etefon (II zabieg). W doświadczeniach oceniano wysokość roślin, wyleganie, zawartość chlorofilu w liściu podflagowym, liczbę źdźbeł kłosonośnych na jednostce powierzchni, masę 1000 ziaren, liczbę ziaren w kłosie, plon, gęstość ziarna w stanie zsypanym, wilgotność ziarna oraz zawartość białka i skrobi w ziarnie. Poszczególne lata badań charakteryzowały odmienne warunki pogodowe. Zaobserwowano znaczne różnice w podatności odmianowej na badane substancje oraz sposób ich aplikacji.

Słowa kluczowe: chlorofil, regulatory wzrostu, regulatory rozwoju, wyleganie, wysokość roślin, żyto heterozyjne, żyto populacyjne

Etephon, chlorocholine chloride and trinexapac-ethyl are plant growth regulators commonly used in cereals. Besides stem elongation inhibition and lodging prevention they strongly affect many processes of plant growth and development. Scientific literature confirms that they influence the photosynthesis through enhancing of chlorophyll content in plant leaves. Under favorable conditions they can enhance weight of 1000 grains, number of grain per ear and yield, even in the absence of lodging. Activity of plant growth regulators is strongly connected with weather conditions during a

vegetation season. The aim of experiments was to evaluate the influence of trinexapac-ethyl, chlorocholine chloride and etephon on diploid (traditional) and hybrid winter rye. The plant growth regulators were used in two variants: mixtures trinexapac-ethyl + chlorocholine chloride or trinexapac-ethyl + etephon. The second variant of application was trinexapac-ethyl in a growth stage BBCH 31 and chlorocholine chloride in BBCH 37 or trinexapac-ethyl in BBCH 31 and etephon in a growth stage BBCH 37. Field trials were conducted in the years 2008–2010 in Plant Protection Institute in Poland. The experimental design was a randomized complete block containing four replications. In field trial the following parameters were estimated: plant height, chlorophyll content, lodging, weight of 1000 grains, number of grains per ear, yield, grain density, starch content, protein content and grain humidity. Results show different response of two cultivars of winter rye to the applied plant growth regulators.

Key words: chlorophyll, hybrid winter rye, lodging, plant growth regulators, plant height, traditional winter rye

WSTĘP

W ostatnich latach, coraz większe znaczenie w areale uprawy zbóż mają mieszańcowe odmiany żyta, które charakteryzują się lepszym plonowaniem, w porównaniu do odmian populacyjnych, jednak w wielu przypadkach są podatniejsze na wyleganie (Dubas i Duhr, 1973; Szempliński i in., 2001). W celu ochrony zbóż przed wyleganiem od wielu lat stosuje się chlorek chloromekwatu i etefon. Kilkanaście lat temu odkryto nową substancję o działaniu retardacyjnym — trineksapak etylu. Trineksapak etylu i chlorek chloromekwatu charakteryzuje taki sam sposób działania w roślinie. Podstawowymi czynnikami od których uzależnione jest działanie regulatorów wzrostu są indywidualne właściwości gatunku i odmiany. Zróżnicowane działanie na różne gatunki, bądź odmiany zbóż, może być spowodowane niejednakową podatnością roślin na działanie danej substancji lub innym sposobem jej pobierania (Maciorowski i in., 2000; Pisulewska, 1997). Bardzo ważnym czynnikiem decydującym o intensywności działania regulatorów wzrostu i rozwoju roślin jest przebieg warunków klimatycznych podczas wegetacji roślin. Efektywność działania regulatorów może drastycznie maleć w zbyt niskich temperaturach, braku opadów i w warunkach niedoboru wody w glebie (Łęgowski i Wysmulek, 2000). Jednak w literaturze można znaleźć także przykłady badań, w których skuteczność działania regulatorów wzrostu była modyfikowana przez warunki pogodowe w mniejszym stopniu (Maćkowiak i in., 2001).

W praktyce rolniczej upowszechniło się stosowanie regulatorów w dawkach dzielonych. Dotychczasowe badania nad działaniem retardantów, wskazują, że mogą być one stosowane przynajmniej w dwóch fazach rozwojowych rośliny, aczkolwiek wielu autorów podaje, że najlepsze efekty można otrzymać po zastosowaniu regulatora na początku fazy strzelania w źdźbło (Cox i Otis, 1989; Naylor, 1989; Foster i in., 1991; Berry i in., 2000; Peltonen-Sainio i Rajala, 2001). Pierwsza dawka, aplikowana na początku fazy strzelania w źdźbło ma na celu zapewnienie dobrego przygotowania rośliny do wytworzenia wysokiego plonu. Stosowanie drugiej dawki w fazie liścia flagowego, ma na celu skrócenie i usztywnienie międzywęźli.

Celem badań była ocena wpływu dwóch sposobów aplikacji trineksapaku etylu, chlorku chloromekwatu i etefonu na odmianę populacyjną i heterozyjną żyta ozimego.

MATERIAŁ I METODY

Badania prowadzono w latach 2008–2010, w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym, należącym do Instytutu Ochrony Roślin w Poznaniu. Do doświadczeń wybrano dwie odmiany żyta ozimego: odmianę populacyjną — Dańkowskie Diament i odmianę heterozyjną — Visello F₁. Odmiana Dańkowskie Diament charakteryzuje się bardzo dobrą plennością i bardzo dużą odpornością na wyleganie. Visello F₁ to odmiana żyta ozimego o około 9 cm niższa od badanej odmiany populacyjnej, jedna z najlepiej plonujących odmian heterozyjnych o dużej odporności na wyleganie.

Doświadczenia założono w 4 powtórzeniach, metodą bloków losowanych, na glebie bielcowej III a. Powierzchnia poletka wynosiła 16,5 m², a szerokość międzyrzędzi 12,5 cm. Odczyn pH gleby, w zależności od roku badawczego wynosił 5,1–5,8. W warstwie ornej gleba zawierała, w zależności od roku badawczego od 0,93 do 1,35% próchnicy. Nawozy fosforowe (50 kg P₂O₅) i potasowe (95 kg K₂O) zastosowano przed siewem żyta. Zastosowano nawożenie azotowe w wysokości 160 kg N/ha. Pierwszą dawkę nawożenia azotowego (90 kg N/ha) aplikowano tuż po ruszeniu wegetacji, natomiast druga dawkę (70 kg N/ha) zastosowano w fazie rozwojowej żyta BBCH 30-31. W roku badawczym 2008/2009 przedplon stanowiło żyto ozime, natomiast w roku 2009/2010 mieszanka zbóż: pszenica jara + jęczmień jary. Norma wysiewu żyta Visello w obu latach badań wynosiła 180 kg/ha, natomiast żyta Dańkowskie Diament — 200 kg/ha. Obiekty doświadczalne:

- badanie kontrolne,
- mieszanina trineksapaku etylu 50 g s.a.·ha⁻¹ (Moddus 250 EC) z chlorkiem chloromekwatu 1012,5 g s.a.·ha⁻¹ (Antywylegacz płynny 675 SL), aplikowana w fazie rozwojowej BBCH 31 żyta,
- trineksapak etylu 50 g s.a.·ha⁻¹ (Moddus 250 EC), aplikowany osobno w fazie rozwojowej BBCH 31 oraz chlorek chloromekwatu 1012,5 g s.a.·ha⁻¹ (Antywylegacz płynny 675 SL) aplikowany osobno w fazie rozwojowej BBCH 37,
- mieszanina trineksapaku etylu 50 g s.a.·ha⁻¹ (Moddus 250 EC) z etefonem 240 g s.a.·ha⁻¹ (Cerone 480 SL) aplikowana w fazie rozwojowej BBCH 31,
- trineksapak etylu 50 g s.a.·ha⁻¹ (Moddus 250 EC) aplikowany osobno w fazie rozwojowej BBCH 31 oraz etefon 240 g s.a.·ha⁻¹ (Cerone 480 SL; 0,5 l/ha), aplikowany osobno w fazie rozwojowej BBCH 37.

W sezonie badawczym 2008/2009 temperatura podczas zabiegu wykonanego w fazie rozwojowej żyta BBCH 31 wynosiła 15°C, natomiast podczas zabiegu w fazie BBCH 37 — 18°C, natomiast w sezonie badawczym 2009/2010 odpowiednio: 16°C i 17°C. Zabiegi wykonano opryskiwaczem poletkowym, o pojemności 4 l, przy użyciu rozpylacza XR 11003.

W czasie wegetacji oceniano wysokość roślin (25 roślin/poletko), ilość chlorofilu w liściach (30 roślin/poletko) i wyleganie. Do określenia ilości chlorofilu w roślinach wykorzystano aparat N-tester i metodę SPAD. Chlorofil mierzono na liściu podflagowym żyta 3 tygodnie po zabiegu. W czasie wegetacji roślin na każdym poletku doświadczalnym policzono liczbę źdźbeł kłosonośnych w rzędzie (3 × 1 mb.), a następnie przeliczono na

1 m². Oceny stopnia wylegania roślin dokonano przed zbiorem. Stopień pochylenia źdźbeł roślin określono za pomocą skali 9-stopniowej (1 — bardzo silne pochylenie źdźbeł, 9 — brak pochylenia źdźbła). Plon zebrano kombajnem poletkowym, a następnie określono: masę 1000 ziaren, liczbę ziaren w kłosie, gęstość ziarna w stanie zsypanym, oraz cechy jakościowe plonu: zawartość białka, zawartość skrobi i wilgotność nasion. Liczbę ziaren w kłosie obliczono na podstawie próby 25 kłosów pobranych z każdego poletka. Określenia masy 1000 ziaren oraz gęstości ziarna w stanie zsypanym dokonano na podstawie 1 kg próby z każdego poletka. Pomiaru gęstości ziarna dokonano przy użyciu gęstościomierza cylindrowego, natomiast analizę jakościową wykonano na aparacie Infratec 1241 firmy Foss. Wyniki poddano analizie wariancji na poziomie istotności $NIR\alpha = 0,05$. Do obliczeń statystycznych wykorzystano program FR-ANALWAR-4,3.

Do analizy warunków pogodowych wykorzystano współczynnik Sielianinova, który wyznaczono dzieląc sumę opadów atmosferycznych przez sumę temperatur danego miesiąca pomniejszonych dziesięciokrotnie (tab. 1). Współczynnik Sielianinova wskazuje na różnice pogodowe podczas wiosennej wegetacji żyta w poszczególnych latach badawczych. W obu latach badawczych podobne warunki termiczno-wilgotnościowe wystąpiły w marcu oraz lipcu. W tych miesiącach odnotowano dużą ilość opadów. Kwiecień charakteryzował się okresem suszy w 2009 roku i bardzo dobrymi warunkami wilgotnościowymi w 2010 roku. Czerwiec 2009 roku był miesiącem o dużej wilgotności, natomiast nieco mniejszy współczynnik dla tego miesiąca, wskazujący na okres względnie wilgotny uzyskano w 2010 roku.

Tabela 1

Współczynnik Sielianinova w Polowej Stacji Doświadczalnej w Winnej Górze
Sielianionov's index at the Experimental Station in Winna Gora

Lata Years	Miesiąc — Month				
	III	IV	V	VI	VII
2009	4,2	0,1	1,7	2,2	1,7
2010	3,9	1,3	2,9	0,8	1,1

0–0,5 — Okres suszy; Drought period

0,51–1,0 — Okres półsuszy; Semi-drought period

1,01–2,0 — Okres względnie wilgotny; Relatively moist period

>2,01 — Okres bardzo wilgotny; Very moist period

WYNIKI I DYSKUSJA

W poszczególnych latach badawczych obserwowano niejednakowy wpływ badanych regulatorów wzrostu i rozwoju roślin oraz ich mieszanin na wysokość badanych odmian żyta (tab. 2 i 3). W obu latach uzyskano istotne skrócenie źdźbeł żyta odmiany Visello po zastosowaniu mieszanin trineksapaku etylu i chlorku chloromekwatu (TE + CCC) oraz trineksapaku etylu z etefonem (TE + ETE).

Tabela 2

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na wysokość roślin i wyleganie żyta ozimego odmiany Visello
Influence of plant growth regulators on plant height and lodging of winter rye var. Visello

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto heterozyjne odmiana Visello Hybrid rye var. Visello			
			wysokość roślin (cm) plant height (cm)		wyleganie w skali 9° lodging in 9° scale*	
			2008/2009	2009/2010	2008/2009	2009/2010
Kontrola — Untreated	—	—	143	145	4	6
TE + CCC	50 + 1012,5	31	130	132	7	7
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	137	139	6	8
TE + ETE	50 + 240	31	128	126	8	7
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	139	138	6	6
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			10,7	9,6	—	—

*1° — całkowite wylegnięcie roślin — total lodging of canopy, 9° — brak wylegania lack of lodging

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu chlorocholine chloride; ETE — etefon etephon

Tabela 3

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na wysokość roślin i wyleganie żyta ozimego odmiany Dańkowskie Diament
Influence of plant growth regulators on plant height and lodging of winter rye var. Dańkowskie Diament

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto populacyjne odmiana Dańkowskie Diament Traditional rye var. Dańkowskie Diament			
			wysokość roślin (cm) plant height (cm)		wyleganie w skali 9° lodging in 9° scale*	
			2008/2009	2009/2010	2008/2009	2009/2010
Kontrola — Untreated	—	—	147	149	5	6
TE + CCC	50 + 1012,5	31	131	132	7	8
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	141	146	7	8
TE + ETE	50 + 240	31	133	139	7	7
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	142	144	7	7
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			9,4	8,7	—	—

*1° — całkowite wylegnięcie roślin — total lodging of canopy, 9° — brak wylegania — lack of lodging

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu chlorocholine chloride; ETE — etefon etephon

W odmianie mieszańcowej, w sezonie wegetacyjnym 2008/09, w wyniku aplikacji TE + CCC otrzymano rośliny niższe od kontrolnych o 13 cm (9%) a w roku 2009/10 o 8 cm (6%), w odniesieniu do roślin kontrolnych. Zastosowanie mieszaniny TE + ETE spowodowało zmniejszenie wysokości roślin o 15 cm (11%) i 16 cm (10%), w zależności od roku badawczego. W odmianie populacyjnej Dańkowskie Diament istotny wpływ regulatorów wzrostu na wysokość roślin wystąpił również w tych kombinacjach, w których stosowano mieszaniny preparatów. W sezonie 2008/9 mieszanina TE + CCC skróciła rośliny o 16 cm (11%) a TE + ETE o 14 cm (10%). W drugim roku doświadczeń dla tych obiektów doświadczalnych uzyskano odpowiednio rośliny niższe o 17 cm (11%) i 10 cm (7%). Dla żadnej z badanych odmian nie odnotowano istotnych różnic w wysokości roślin po zastosowaniu regulatorów wzrostu i rozwoju w dwóch fazach rozwojowych żyta. Adamczewski i Banaszak (2001) porównując działanie trineksapaku etylu w odmianie populacyjnej i heterozyjnej stwierdzili, że badana substancja silniej skraca odmianę

mieszańcową, a procent skrócenia roślin jest silnie skorelowany z terminem stosowania retardant. Z kolei słaby wpływ retardantów — chlorku chloromekwatu i etefonu na skrócenie źdźbeł uzyskał także Woźnica i in. (1992). Matysiak i in. (1993) udowodnili, że dwukrotne stosowanie retardantu na tym samym obiekcie nie wpływa istotnie na ograniczenie wysokości źdźbeł, w przeciwieństwie do aplikacji jednorazowej.

Zawartość chlorofilu istotnie zmieniła się tylko w liściach żyta populacyjnego (tab. 6 i 7). Kombinacjami, w których zanotowano istotny wzrost zawartości chlorofilu były te, w których sekwencyjne aplikowano regulatory wzrostu i rozwoju roślin. W roku 2008/9 zastosowanie TE w fazie BBCH 31, a następnie CCC w fazie BBCH 37 (TE//CCC) zwiększało zawartość barwnika o 40%, a w kombinacji, w której zamiast CCC zastosowano ETE (TE+ETE) otrzymano wzrost barwnika na poziomie 38%. W kolejnym sezonie badawczym wzrost zawartości barwnika w tych obiektach wynosił 25–26%. Korzystny wpływ trineksapaku etylu na zawartość chlorofilu stwierdził również Kerber (1989). Z kolei Maciorowski i in. (2000) otrzymali wzrost zawartości chlorofilu w liściach żyta po zastosowaniu CCC. Wzrost zawartości barwnika chlorofilowego w liściach zbóż, wywołany działaniem trineksapaku etylu otrzymali też Grzyś i in. (2007) oraz Matysiak (2006).

Dla badanych odmian żyta nie uzyskano istotnych zmian w liczbie źdźbeł kłosonośnych na jednostce powierzchni (tab. 4 i 5).

Tabela 4

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na liczbę kłosów na 1 m², plon, masę 1000 ziaren, liczbę ziaren w kłosie oraz gęstość ziarna żyta ozimego odmiany Visello
Influence of plant growth regulators on number of ears per square meter, yield, weight of 1000 seeds, number of grains per ear and grain density of winter rye var. Visello

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto heterozyjne odmiana Visello Hybrid rye var. Visello									
			plon ziarna (t·ha ⁻¹) yield of seeds (t·ha ⁻¹)		liczba kłosów na 1 m ² number of ears per 1 m ²		masa 1000 ziaren (g) weight of 1000 seeds (g)		liczba ziaren w kłosie number of grains per ear		gęstość ziarna (kg·hl ⁻¹) grain density (kg·hl ⁻¹)	
			2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10
			2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10
Kontrola Untreated	—	—	8,07	6,93	346	340	35,4	30,3	65,2	66,2	73	68
TE + CCC	50 + 1012,5	31	8,23	6,71	356	350	35,8	28,5	63,5	66,1	72	67
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	8,87	7,77	348	362	38,5	32,3	64,3	65,9	73	69
TE + ETE	50 + 240	31	8,20	7,13	338	351	36,7	30,2	65,4	66,5	72	73
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	8,92	7,93	350	368	38,9	32,5	63,8	65,3	72	73
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			0,801	0,956	r.n	r.n	2,78	3,13	n.i	n.i	n.i	n.i

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu — chlorocholine chloride; ETE — etefon —

n.i — różnice nieistotne — not significant differences

W odmianie Visello odnotowano statystycznie istotny wpływ sekwencyjnego stosowania regulatorów wzrostu na masę 1000 ziaren (tab. 4). W roku badawczym 2008/2009 uzyskano około 9%, a w roku 2009/2010, 7% wzrost masy 1000 ziaren, w obiektach, w których stosowano TE w fazie BBCH 31 i CCC w fazie BBCH 37. W kolejnym roku dla

tych obiektów uzyskano wzrost masy 1000 ziaren o 7% w stosunku do obiektu kontrolnego. Adamczewski i Bubniewicz (1990), analizując działanie regulatorów wzrostu, we wszystkich badanych odmianach pszenżyta stwierdzili wyraźną tendencję do wzrostu masy 1000 ziaren pod wpływem CCC i etefonu. Podobnie Maciorowski i in. (2000) w kilku latach badawczych potwierdzili korzystne działanie etefonu na tę cechę.

Tabela 5

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na liczbę kłosów na 1 m², plon, masę 1000 ziaren i liczbę ziaren w kłosie żyta ozimego Dańkowskie Diament
Influence of plant growth regulators on number of ears per square meter, yield, weight of 1000 seeds and number of grains per ear of winter rye var. Dańkowskie Diament

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto populacyjne odmiana Dańkowskie Diament Traditional rye var. Dańkowskie Diament									
			plon ziarna (t·ha ⁻¹) yield of seeds (t·ha ⁻¹)		liczba kłosów na 1 m ² number of ears per 1 m ²		masa 1000 ziaren (g) weight of 1000 seeds (g)		liczba ziaren w kłosie number of grains per ear		gestość ziarna (kg·hl ⁻¹) grain density (kg·hl ⁻¹)	
			2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10
Kontrola Untreated	—	—	6,97	5,07	369	365	31,6	24,5	58,2	56,0	74	67
TE + CCC	50 + 1012,5	31	7,47	5,97	390	395	31,0	25,1	61,1	59,4	74	67
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	7,23	5,30	381	371	31,6	24,0	59,2	58,2	74	67
TE + ETE	50 + 240	31	7,75	5,47	389	399	31,4	22,2	63,3	60,2	75	69
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	7,37	5,30	370	386	32,8	24,2	60,1	55,1	74	69
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			n.i	0,860	n.i	n.i	n.i	n.i	2,81	2,11	n.i	n.i

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu chlorocholine chloride; ETE — etefon etephon
n.i — różnice nieistotne not significant differences

W odmianie populacyjnej nie odnotowano istotnych różnic w masie 1000 ziaren w poszczególnych kombinacjach doświadczalnych (tab. 5). Odmienne sytuacja wystąpiła dla liczby ziaren w kłosie. Odmiana populacyjna zareagowała zwiększeniem liczby ziaren w kłosie po zastosowaniu mieszanin preparatów TE + CCC i TE + ETE odpowiednio o 5% i 9% w roku 2008/9 oraz o 6% i 8% w roku 2009/10. Dla tej cechy nie uzyskano statystycznie istotnych różnic w odmianie mieszańcowej żyta. Pozytywny wpływ retardantu (CCC) na liczbę ziaren w kłosie opisują m.in. Dubas i Duhr (1973).

Stosowanie regulatorów wzrostu w dwóch fazach rozwojowych przyczyniło się do zwiększenia plonowania odmiany Visello (tab. 4). W obu latach badawczych właśnie w kombinacjach z sekwencyjnym stosowaniem preparatów uzyskano istotne przyrosty plonu ziarna. Podobnie Matysiak i in. (1993) uzyskali najwyższe plony ziarna po dwukrotnej aplikacji retardantów (CCC i etefon).

W pierwszym roku badań w obiekcie TE//CCC uzyskano wzrost plonu o 10%, a w obiekcie TE//ETE o 11%, natomiast w drugim roku doświadczeń rośliny z obiektów TE//CCC i TE//ETE charakteryzowały się plonem wyższym odpowiednio o 12% i 14% w odniesieniu do kontroli. W odmianie populacyjnej statystycznie istotne różnice uzyskano dla obiektów w których stosowano mieszaniny retardantów, jednak różnice te ujawniły się tylko w sezonie 2009/10 (tab. 5). Dla mieszaniny TE+CCC uzyskano wzrost plonu o 18%, a po zastosowaniu TE+ETE plon ziarna wzrósł o 8%. Nieznaczny wpływ retardanta (CCC)

na plon ziarna zaobserwowali Rozbicki i in. (1997), natomiast skuteczność działania dawek dzielonych na tę cechę potwierdzają także inni badacze m.in. Pawłowska i Dietrych-Szóstak (1994), Matysiak i in. (1993), którzy po zastosowaniu regulatorów w dawkach dzielonych uzyskali znaczne przyrosty plonów zbóż. Wzrost plonowania roślin żyta (o 8–12%) po aplikacji retardantów potwierdza także Woźnica (1988).

Dla badanych odmian żyta nie uzyskano istotnych zmian w gęstości ziarna, ale w sezonie wegetacyjnym 2009/2010 można zauważyć tendencję do zwiększania gęstości ziarna w stanie zsywnym, w kombinacjach, w których stosowano etefon. Zarówno w życie odmiany Visello, jak i Dańkowskie Diament nie otrzymano istotnego wpływu badanych substancji na wilgotność ziarna (tab. 4 i 5).

W sezonie 2008/9 zanotowano 9% wzrost zawartości białka w ziarnie żyta odmiany Visello po zastosowaniu TE w fazie rozwojowej BBCH 31, a następnie ETE w fazie BBCH 37 (tab. 6).

Tabela 6

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na zawartość chlorofilu w liściu podflagowym żyta, zawartość białka i skrobi w ziarnie oraz na wilgotność ziarna żyta ozimego odmiany Visello
Influence of plant growth regulators on plant height and chlorophyll content in under-flag leaf of winter rye, protein and starch content in grains and grain humidity of winter rye var. Visello

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto heterozyjne odmiana Visello Hybrid rye var. Visello							
			zawartość chlorofilu (spad) chlorophyll content (spad)		zawartość białka (%) protein content (%)		zawartość skrobi (%) starch content (%)		wilgotność ziarna (%) grain humidity (%)	
			2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10
Kontrola Untreated	—	—	684	647	9,3	9,2	63	64	11,9	12,9
TE + CCC	50 + 1012,5	31	673	641	9,7	10,4	65	64	11,7	13,3
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	656	649	9,8	9,6	64	64	12,0	13,0
TE + ETE	50 + 240	31	661	669	9,8	9,7	63	66	11,8	13,5
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	618	650	10,1	9,6	64	64	11,8	13,6
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			n.i	n.i	0,734	0,739	n.i	n.i	n.i	n.i

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu chlorocholine chloride; ETE — etefon etephon
n.i — różnice nieistotne not significant differences

W roku 2009/2010 —13% przyrostem zawartości białka charakteryzowało się również ziarno żyta heterozyjnego, pochodzące z obiektu w którym stosowano mieszaninę TE+CCC. Nie uzyskano istotnych różnic w zawartości białka pomiędzy poszczególnymi obiektami w życie odmiany Dańkowskie Diament (tab. 7). Wzrost zawartości białka po zastosowaniu retardantów potwierdzają badania Pawłowskiej i Dietrych-Szóstak (1994). Odmienne wyniki uzyskali Romek i Dzienia (1992), którzy zanotowali obniżenie zawartości białka w ziarnie pod wpływem mieszaniny retardantów.

W żadnym roku badawczym, ani w żadnej z badanych odmian nie ujawnił się wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju roślin na zawartość skrobi w ziarnie żyta (tab. 6 i 7).

Tabela 7

Wpływ regulatorów wzrostu i rozwoju na zawartość chlorofilu w liściu podflagowym żyta, zawartość białka i skrobi w ziarnie oraz na wilgotność ziarna żyta ozimego Dańkowskie Diamant

Influence of plant growth regulators on plant height and chlorophyll content in under-flag leaf of winter rye, protein and starch content in grains and grain humidity winter rye var. Dańkowskie Diamant

Obiekt Treatment	Dawka na ha (g s.a·ha ⁻¹) Dose per ha (g a.i.·ha ⁻¹)	Termin zabiegu w skali BBCH Timing of application in BBCH scale	Żyto populacyjne odmiana Dańkowskie Diamant Traditional rye var. Dańkowskie Diamant							
			zawartość chlorofilu (spad) chlorophyll content (spad)		zawartość białka (%) protein content (%)		zawartość skrobi (%) starch content (%)		wilgotność ziarna (%) grain humidity (%)	
			2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10	2008/09	2009/10
Kontrola Untreated	—	—	486	534	10,3	10,1	64	65	12,0	13,6
TE + CCC	50 + 1012,5	31	553	553	10,2	10,0	63	66	12,0	13,5
TE // CCC	50 // 1012,5	31 // 37	681	670	9,9	10,6	64	65	11,8	13,5
TE + ETE	50 + 240	31	550	676	10,0	9,9	64	66	11,9	13,5
TE // ETE	50 + 240	31 // 37	669	676	10,1	10,3	64	66	12,0	13,6
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}			122,1	115,2	n.i	n.i	n.i	n.i	n.i	n.i

TE — trineksapak etylu trinexapac-ethyl; CCC — chlorek chloromekwatu chlorocholine chloride; ETE — etefon etephon
n.i — różnice nieistotne not significant differences

Badane substancje wyraźnie zmniejszały wyleganie żyta, które pojawiło się w późnym okresie wegetacji roślin (tab. 2 i 3). W odmianie populacyjnej, w pierwszym roku badań (2008/2009) na wszystkich obiektach doświadczalnych zanotowano zmniejszenie pochylenia się roślin o 2°, natomiast w roku 2009/2010 o 2° w kombinacjach z CCC i o 1°, w kombinacjach z etefonem. W badaniach Woźnicy (1988) obiekty, w których stosowano etefon ograniczały późne wyleganie żyta populacyjnego o 2,5–2,8°. Natomiast w odmianie mieszańcowej, w sezonie 2008/2009 stosowanie badanych substancji w mieszaninach bardziej chroniło rośliny żyta przed wyleganiem (o 3–4°), w porównaniu do aplikacji sekwencyjnej (2°). W sezonie 2009/2010 najlepsze działanie na tę cechę uzyskano na obiekcie TE//CCC. W tym przypadku preparaty zmniejszyły wyleganie roślin o 2°. Woźnica i in. (1992) wskazują na wyższą skuteczność jednorazowego stosowania retardantów (CCC i etefonu) w przeciwdziałaniu wyleganiu roślin, w porównaniu do dwukrotnej ich aplikacji na tym samym obiekcie. W doświadczeniach własnych nie zaobserwowano zależności pomiędzy wysokością roślin a ich wyleganiem. Brak korelacji pomiędzy wysokością roślin żyta a wyleganiem uzyskali również Maciorowski i in. (2000).

WNIOSKI

1. Największe skrócenie roślin żyta populacyjnego i heterozyjnego otrzymano po zastosowaniu mieszanin retardantów: trineksapaku etylu z chlorkiem chloromekwatu oraz trineksapaku etylu z etefonem (BBCH 31).
2. Najwyższe plonowanie żyta heterozyjnego otrzymano w kombinacji, w której stosowano trineksapak etylu w fazie BBCH 31 + chlorek chloromekwatu w fazie BBCH 37 oraz trineksapak etylu w fazie BBCH 31 + etefon w fazie BBCH 37.

3. W odmianie heterozyjnej Visello uzyskano wzrost masy 1000 ziaren po zastosowaniu regulatorów w dwóch fazach rozwojowych. Regulatory wzrostu i rozwoju roślin nie miały wpływu na tę cechę w odmianie populacyjnej.
4. Tylko w odmianie populacyjnej uzyskano wzrost liczby ziaren w kłosie. Liczba ziaren w kłosie zwiększyła się w wyniku aplikacji mieszanin preparatów.
5. Regulatory wzrostu i rozwoju roślin ograniczały wyleganie zarówno odmiany populacyjnej, jak i mieszańcowej żyta ozimego.

LITERATURA

- Adamczewski K., Banaszak Z. 2001. Moddus 250 EC — nowy retardant do żyta ozimego. Pam. Puł. 128: 7 — 15.
- Adamczewski K., Bubniewicz P. 1990. Ocena działania regulatorów wzrostu w odmianach triticale. Mat. XXX Sesji Nauk. Inst. Ochr. Rośl. — Postery: 209 — 212.
- Berry P. M., Griffin J. M., Sylvester-Bradley R. E., Scott R. K., Spink J. H., Baker C. J., Clare R. W. 2000. Controlling plant form through husbandry to minimise lodging in wheat. Field Crops Research 67: 59 — 81.
- Cox W. J., Otis D. J. 1989. Growth and yield of winter wheat as influenced by chlormequat chloride and ethephon. Agr. J. 81: 264 — 270.
- Dubas A., Duhr E. 1973. Stosowanie chlorku chlorocholiny (CCC) w uprawie żyta ozimego przy wzrastających dawkach nawozów azotowych. Roczn. Nauk Roln. Seria A, 99 (2): 7 — 18.
- Foster K. R., Reid D. M., Taylor J. S. 1991. Tillering and yield responses to ethephon in three barley cultivars. Crop Sci. 31: 130 — 134.
- Kerber E., Leyboldt G., Seiler A. 1989. CGA 163'935, a new plant growth regulator for small grain cereals, rape and turf. BCPC Conf. Weeds: 83 — 88.
- Łęgowiak Z., Wysmulek A. 2000. Stosowanie regulatorów wzrostu w zbożach. Progr. Plant Protec./Post. Ochr. Rośl. 40 (2): 932 — 934.
- Maciorowski R., Stankowski S., Piech M. 2000. Reakcja odmian żyta mieszańcowego i populacyjnego na nawożenie azotem i regulator wzrostu. Cz. I. Plon ziarna, komponenty plonu i wybrane cechy fizjologiczne. Biul. IHAR 215: 109 — 120.
- Maćkowiak W., Budzianowski G., Mazurkiewicz L., Paizert K., Woś H. 2001. Wpływ wzrastających dawek i różnych sposobów stosowania regulatorów wzrostu na plonowanie pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 220: 99 — 108.
- Matysiak R., Woźnica Z., Pudelko J., Skrzypczak G. 1993. Reakcja pszenżyta jarego na retardanty wzrostu stosowane techniką dzieloną. Prace Komisji Nauk Rolniczych i Komisji Nauk Leśnych AR w Poznaniu LXXV: 21 — 26.
- Matysiak K. 2006. Influence of trinexapac-ethyl on growth and development of winter wheat. Journal of Plant Protection Research vol. 46 (2): 133 — 144.
- Naylor, R. E. L. 1989. Effects of plant growth regulator chlormequat on plant form and yield of triticale. Annals of Applied Biology 114: 533 — 544.
- Pawłowska J., Dietrich-Szóstak D. 1994. Efekt zastosowania regulatorów wzrostu w pszenżycie jarym. Mat. Sesji Inst. Ochr. Rośl. 34 (2): 102 — 105.
- Pisulewska E. 1997. Wpływ Bercemy CCC na plonowanie oraz długość źdźbła i międzywęźli pszenżyta jarego i ozimego oraz żyta i pszenicy jarej uprawianych współrzędnie z wyką. Zesz. Nauk. Akad. Roln. Szczecin, Rolnictwo 65 (2): 317 — 323.
- Romek B., Dzienia S. 1992. Wpływ retardantów na plon i jakość plonów pszenżyta ozimego. Mat. XXXII Sesji Nauk. Inst. Ochr. Roślin (2): 140 — 144.
- Rozbicki J., Kozdój J., Mądry W. 1997 b. Rozwój kłosa pędu głównego oraz udział kłosów z pędów głównych i bocznych w plonie ziarna pszenżyta ozimego (*X Triticosecale* Wittmack) na tle wybranych czynników agrotechnicznych III. Retardant wzrostu. Biul. IHAR 203: 97 — 103.

- Szempliński W., Szulc J., Budzyński W. 2001. Reakcja żyta na czynniki agrotechniczne. Mat. Konf. Uprawa i wykorzystanie żyta w Polsce. Pam. Puł. 128: 25 — 37.
- Woźnica Z. 1988. Wpływ Flordimexu TH na wylęganie i plony żyta przy zróżnicowanych dawkach azotu i gęstościach siewu. Roczn. Nauk Roln. Seria A, 107 (3): 39 — 51.
- Woźnica Z., Pudełko J., Skrzypczak G., Bailey B. 1992. Wpływ retardantów wzrostu na pszenżyto ozime (*Triticale* Muntzing). Roczn. AR Poznań CCXXXV: 129 — 137.

HUBERT WALIGÓRA
ANNA WEBER
WITOLD SKRZYPCZAK
ROBERT IDZIAK

Katedra Agronomii
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Wartość gospodarcza nowych mieszańców kukurydzy cukrowej (*Zea mays* ssp. *Saccharata* Koern.)

Economic value of new hybrids of the sweet maize (*Zea mays* ssp. *Saccharata* Koern.)

Celem doświadczenia była ocena wartości gospodarczej nowych odmian kukurydzy cukrowej oraz określenie ich przydatności na potrzeby zarówno przemysłu przetwórczego jak i bezpośredniej konsumpcji. Doświadczenie przeprowadzono w ZDD Swadzim w latach 2008–2010. W każdym roku badań określono długość okresu wegetacji (dni), plon kolb (t/ha), udział kolb I klasy (%), długość kolb (cm) oraz liczbę ziaren w kolbie (szt.). Przydatność badanych odmian dla kierunków użytkowania określono za pomocą sumy punktów dziewięciostopniowej skali w odniesieniu do określonych cech. Wykazano, iż na potrzeby przetwórstwa można polecić odmiany GSS 5698, Passion oraz Golda, natomiast mieszańce szczególnie nadające się do bezpośredniego spożycia to Royalty oraz Passion.

Słowa kluczowe: kolba kukurydzy, kukurydza cukrowa, liczba ziaren w kolbie, odmiana, okres wegetacji, plon, wartość gospodarcza

The aim was to assess the yield of experience and length of growing new varieties of sweet corn and to determine their suitability for processing and for direct consumption. The experience was conducted in the E-DS Swadzim in the period 2008–2010. In each year of research it was examined the length of the growth period (days), cobs yield (t/ha), share of first class cobs (%), cobs length (cm) and number of grains in the cob (pcs). The economic value of examined varieties was described with the help of the sum of points nine-steps of scale. It was found that among the examined hybrids of processing can be recommended cultivar GSS 5698, Passion and Golda, while hybrids are particularly suitable for direct consumption is Royalty and Passion.

Key words: crop, corn cob, economic value, grains in cob, sweet maize, varieties, vegetation period

WSTĘP

Wartość odżywcza oraz smakowa kukurydzy cukrowej to główne walory produktu (Waligóra i in., 1998). Jej ziarno zawiera komplet mikro i makroelementów, a w szczególności charakteryzuje się dużą zawartością wapnia, magnezu, żelaza oraz cynku. Na podkreślenie zasługuje wielokrotnie wyższa niż w innych warzywach zawartość seleniu, który odgrywa olbrzymią rolę w profilaktyce antynowotworowej. Zawiera również wiele witamin: A, C, B₁, B₂, PP, w szczególności duże ilości witaminy E, określanej jako „witamina młodości” (Warzecha, 2006). Ziarniak kukurydzy cukrowej nie zawiera glutenu, dlatego stanowi on bardzo cenny pokarm w diecie bezglutenowej (Waligóra, 1996). Głównym celem uprawy kukurydzy cukrowej jest dostarczenie surowca na świeży rynek do bezpośredniej konsumpcji oraz do przemysłu przetwórczego owocowo-warzywnego, na mrożonki i konserwy (Waligóra, 2006).

Obserwowany obecnie duży postęp hodowlany kukurydzy cukrowej wyraża się obecnością na rynku znacznej liczby nowych odmian o wysokiej wartości gospodarczej. Różnią się one przede wszystkim długością okresu wegetacyjnego, plonem, zawartością cukru oraz przydatnością do kierunków użytkowania. Wraz z pojawieniem się nowych mieszańców kukurydzy cukrowej na rynku, zaistniała potrzeba prac badawczych nad ich przydatnością do różnych kierunków użytkowania (Waligóra, 2002/2003).

Celem podjętych badań była ocena wartości gospodarczej nowych mieszańców kukurydzy cukrowej oraz ich przydatności do dwóch kierunków użytkowania, tj. do bezpośredniego spożycia i na potrzeby przemysłu przetwórczego.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie przeprowadzono w Zakładzie Doświadczalno-Dydaktycznym Swadzim (52°26 N; 16°45 E) w latach 2008–2010. Użyto dziesięciu odmian kukurydzy cukrowej, tj. EX 08717136, Garrison, Golda, GSS 1477, GSS 5698, GSS 8529, Passion, Royalty, Sheba, Tessa. Doświadczenie założono na glebie płowej, klasy bonitacyjnej IV b, zaliczanej do kompleksu żyniego dobrego.

Tabela 1

Średnia miesięczna temperatura powietrza w ZDD Swadzim (°C)
Average monthly air temperature at E-DS Swadzim (°C)

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2008	15,1	19,6	20,7	18,8	13,5	17,5
2009	14,0	16,0	20,3	20,1	15,8	17,2
2010	12,2	18,4	22,6	19,2	13	17,1
Średnia z wielolecia Long-term average	13,4	16,7	18,5	17,9	13,6	

W każdym roku badań określono plon kolb (t/ha), udział kolb I klasy (%), długość kolb (cm) oraz liczbę ziaren w kolbie (szt.). Uzyskane wyniki poddano analizie wariancji a na poziomie 0,05 określono istotność różnic oraz najmniejszą istotną różnicę. Ocenione

wartości badanych cech odmian przedstawiono w dziewięciostopniowej skali, a ich wartości gospodarcze wyrażono sumą tych punktów. W latach badań zebrano dane meteorologiczne (tab. 1 i 2), na podstawie których obliczono współczynnik hydrotermiczny Sielianinowa (tab. 3).

Tabela 2

Suma miesięcznych opadów atmosferycznych w ZDD Swadzim (mm)
Sum of monthly precipitation at E-DS Swadzim (mm)

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2008	14,3	8,6	65,6	95,1	19,4	203,0
2009	109,9	113,8	75,4	26,2	48,6	389,0
2010	110,5	43,4	97,5	143,5	59,9	454,8
Średnia z wielolecia Long-term average	51,5	56,3	72,9	57,5	43,8	

Tabela 3

Współczynnik hydrotermiczny Sielianinowa
Sielianinovs hydrothermal coefficient

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2008	0,31	0,15	1,02	1,63	0,48	0,72
2009	2,29	2,37	1,2	0,44	0,78	1,42
2010	2,92	0,79	1,39	2,41	1,54	1,81

Wartości, values: 0,00–0,50 — susza, drought

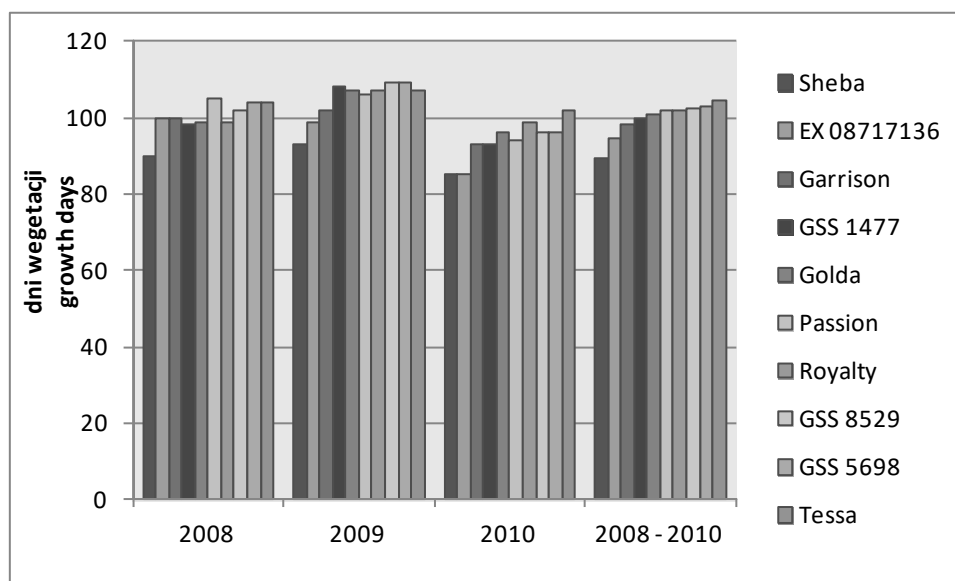
0,51–1,00 — półsusza, semi-drought;

1,01–2,00 — dobra wilgotność, good humidity;

2,01 i więcej, and above — duże uwilgotnienie, large humidity

WYNIKI I DYSKUSJA

Długość wegetacji badanych odmian kukurydzy cukrowej wahała się od 89 do 104 dni. Najkrótszy okres wegetacji stwierdzono u odmian Sheba, EX 08717136 oraz Garrison, natomiast najdłuższy okres wegetacji zaobserwowano u mieszańców Tessa, GSS 5698 oraz GSS 8529 (rys. 1). Różnice w długości dojrzenia poszczególnych mieszańców były znaczące. Badania wykazały, że długość okresu wegetacji kukurydzy cukrowej zależała od przebiegu pogody w poszczególnych latach. Największa liczba dni wegetacji badanych odmian wystąpiła w 2009 roku, kiedy to współczynnik Sielianinowa wskazał na dobre uwilgotnienie. Natomiast najkrótszy okres wegetacji odmian zaobserwowano w 2010 roku. Wystąpiły w nim obfite opady oraz niskie temperatury. Kubajak i Ostrowska (1983) na podstawie swoich badań stwierdzili, że długość okresu wegetacji kukurydzy cukrowej zależała w istotnym stopniu od opadów atmosferycznych i temperatury w trakcie wegetacji roślin. Podobny wniosek wyciągnęli ze swoich badań Waligóra i Weber (2010).



Rys. 1. Długość okresu wegetacji (dni)
Fig. 1. Length of the growth period (days)

Tabela 4

Odmiana Variety	Plon kolb (t/ha) Cobs yield (t/ha)			
	Rok Year			
	2008	2009	2010	2008–2010
EX 08717136	5,74	19,30	10,51	11,85
Garrison	5,14	20,46	17,99	14,53
Sheba	12,25	16,95	16,33	15,18
GSS 8529	3,56	19,53	22,73	15,27
GSS 5698	6,37	18,89	23,24	16,17
Tessa	7,54	21,97	20,80	16,77
Passion	11,36	22,40	20,65	18,14
Royalty	7,14	25,31	23,10	18,51
Golda	9,09	23,35	23,81	18,75
GSS 1477	11,61	24,22	21,97	19,27
Średnio Mean	7,98	21,24	20,11	16,44
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	3,729	2,799	3,747	4,991

W uprawie kukurydzy cukrowej na potrzeby przemysłu przetwórczego o wynikach ekonomicznych decyduje masa kolb z liśćmi okrywowymi uzyskana z jednego hektara (Waligóra, 2002/2003). Badane odmiany kukurydzy cukrowej różniły się istotnie pod względem plonu kolb (tab. 4). Najwyżej plonującymi w latach badań okazały się Passion, Royalty, Golda oraz GSS 1477, a ich plon wahał się od 18,14 do 19,27 t/ha. Istotnie

najniższy plon kolb z liśćmi okrywowymi stwierdzono u odmiany EX 08717136 i wyniósł on 11,85 t/ha.

Na podstawie badań własnych stwierdzono, że plon kolb kukurydzy cukrowej w latach prowadzenia doświadczeń zależał od przebiegu pogody. Najwyższy średni plon, tj. 21,23 t/ha, wystąpił w 2009 roku, kiedy to współczynnik hydrotermiczny Sielanianova wskazywał na dobre uwilgotnienie. Najniższy średni plon (7,98 t/ha) stwierdzono w 2008 roku, w którym wystąpiła półsusza. Żarski i in. (2004) zauważyli, że plonowanie kukurydzy zależy najbardziej od sumy opadów atmosferycznych w okresie III dekady lipca i I dekady sierpnia. Dragańska i in. (2008) stwierdzili, iż na wysokość plonu mają wpływ temperatury minimalne, zwłaszcza w etapie wschodów do pojawienia się znamion. Waligóra i Weber (2010) na podstawie swoich badań stwierdzili, że zarówno opady atmosferyczne, jak i temperatura powietrza odgrywają istotną rolę w kształtowaniu się plonu kukurydzy cukrowej.

Tabela 5

Udział kolb I klasy (%)
Share of first class cobs (%)

Odmiana Variety	Rok Year			
	2008	2009	2010	2008–2010
Sheba	29,1	47,3	50,7	42,3
Garrison	30,9	59,5	67,7	52,7
Golda	14,2	60,4	85,1	53,2
GSS 8529	44,3	62,7	65,0	57,3
EX 08717136	46,3	56,5	88,5	63,8
GSS 5698	56,9	61,0	78,9	65,6
GSS 1477	56,6	76,2	68,4	67,0
Royalty	47,5	75,9	96,3	73,2
Tessa	68,4	85,7	88,6	80,9
Passion	71,4	85,4	90,9	82,6
Średnio Mean	46,5	67,1	78,0	63,9
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	37,85	16,64	13	14,01

W uprawie kukurydzy cukrowej przeznaczonej do bezpośredniej konsumpcji duże znaczenie ma udział kolb całkowicie zaziarnionych, tj. udział kolb I klasy (Waligóra 2002/2003). Ich najwyższy procent zaobserwowano u odmian Golda, EX 08717136, Tessa, Passion, Royalty (85,1–96,3%). Najmniejszy udział kolb I klasy, tj. 50,7%, wystąpił u mieszańca Sheba (tab. 5).

Udział kolb całkowicie zaziarnionych w latach prowadzenia doświadczenia nie zależał od warunków pogodowych. Inny wniosek na podstawie swoich doświadczeń w latach 2006–2008 wyciągnęli Waligóra i Weber (2010) i stwierdzili oni, że na udział kolb I klasy mają wpływ przede wszystkim opady atmosferyczne oraz temperatura w trakcie wegetacji roślin. Natomiast Kossowski i Cierkoń (1986) podają, iż udział kolb I klasy w plonie jest cechą modyfikowaną przez środowisko.

Tabela 6

Odmiana Variety	Długość kolb (cm) Cobs length (cm)			
	Rok Year			
	2008	2009	2010	2008–2010
Garrison	16,8	19,9	17,5	18,0
EX 08717136	16,3	18,4	19,9	18,2
GSS 1477	17,1	19,3	18,1	18,2
Tessa	19,0	20,1	18,8	19,3
GSS 8529	17,4	19,5	21,0	19,3
Sheba	18,9	21,0	18,6	19,5
Royalty	18,5	19,9	20,3	19,6
Passion	18,8	19,8	20,3	19,6
Golda	18,0	22,0	19,6	19,9
GSS 5698	18,9	22,0	19,6	20,2
Średnio Mean	18,0	20,2	19,4	19,2
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	2,62	1,46	2,14	1,62

Tabela 7

Odmiana Variety	Liczba ziaren w kolbie (szt.) Number of grains per cob (pieces)			
	Rok Year			
	2008	2009	2010	2008–2010
Sheba	460	512	524	499
GSS 1477	480	662	580	574
EX 08717136	534	593	629	585
Garrison	548	632	590	590
Royalty	603	571	664	613
GSS 8529	485	649	715	616
Golda	555	590	705	617
Tessa	626	636	632	631
Passion	694	634	701	653
GSS 5698	674	775	773	741
Średnio Mean	566	625	651	10
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	133,5	112	95,7	83,8

Badania własne wykazały, iż odmiany kukurydzy cukrowej różniły się istotnie pod względem długości kolb oraz liczby ziaren w kolbie. Najdłuższe kolby stwierdzono u odmian Golda oraz GSS 5698 (19,9–20,2 cm), natomiast najkrótsze kolby wystąpiły u mieszańców Garrison, EX 08717136, GSS 1477 (18,0–18,2 cm) (tab. 6). Największą liczbą ziaren wyróżniała się odmiana GSS 5698 (741 szt.). Niewiele mniej wystąpiło u odmian Passion, Tessa, Golda, GSS 8529 oraz Royalty (powyżej 613 szt.). Natomiast najmniejszą liczbą ziaren w kolbie charakteryzował się mieszaniec Sheba oraz GSS 1477 (499–574 szt.) (tab. 7). Liczba ziaren w kolbie oraz długość kolb są cechami istotnymi przy wyborze odmian kukurydzy cukrowej do przemysłu przetwórczego. Długość kolb ma również duże

znaczenie dla bezpośredniej konsumpcji (Waligóra, 2002/2003). Na długość kolb oraz liczbę ziaren w kolbie badanych odmian kukurydzy cukrowej w latach prowadzenia doświadczenia nie miał wpływu przebieg warunków pogodowych. Podobne wnioski na podstawie swoich badań w latach 2006–2008 wyciągnęli Waligóra i Weber (2010).

Tabela 8

Ocena odmian kukurydzy cukrowej w dziewięciostopniowej skali
Evaluation of varieties of the sweet corn in nine-steps of scale

Odmiana Variety	Długość okresu wegetacji Length of growth period	Plon Yield	Długość kolb Cobs length	Liczba ziaren w kolbie Number of grains in cob	Udział kolb I klasy Share of I class cobs	Suma pkt. Sum of points	
						przemysł przetwórczy processing	bezpośrednie spożycie direct consumption
EX 08717136	6	1	2	4	5	13	14
Garrison	5	4	1	5	3	15	13
Golda	2	9	8	5	3	24	22
GSS 1477	5	9	2	4	5	20	21
GSS 5698	1	6	9	9	5	25	21
GSS 8529	2	5	6	5	3	18	16
Passion	2	8	7	7	9	24	26
Royalty	2	9	7	5	7	23	25
Sheba	9	5	7	1	1	22	22
Tessa	1	6	6	6	8	19	21

Odmiany kukurydzy cukrowej na potrzeby przemysłu przetwórczego ocenia się przeważnie na podstawie długości okresu wegetacji, plonu kolb, ich długości oraz liczby ziaren w kolbie (Waligóra, 2002/2003). Badania własne wykazały, że dla przemysłu przetwórczego polecić można odmiany GSS 5698, Passion oraz Golda, a suma punktów w dziewięciostopniowej skali wyniosła od 24 do 25 (tab. 8). Podstawowe cechy, którymi kieruje się przy wyborze odmian kukurydzy cukrowej do bezpośredniej konsumpcji to przede wszystkim długość okresu wegetacji, plon kolb, ich długość oraz udział kolb I klasy (Waligóra, 2002/2003). Najlepszymi do tego kierunku użytkowania okazały się Royalty oraz Passion, a ich suma punktów w dziewięciostopniowej skali wyniosła od 25 do 26.

WNIOSKI

1. Spośród badanych odmian kukurydzy cukrowej najdłuższym okresem wegetacji charakteryzowały się mieszańce Tessa, GSS5698 oraz GSS 8529, a najkrótszy okres wegetacji wystąpił u odmian Sheba, EX 08717136 oraz Garrison.
2. Porównywane mieszańce kukurydzy cukrowej różniły się istotnie pod względem plonowania oraz udziału kolb I klasy. Najwyżej plonującymi okazały się odmiany Passion, Royalty, Golda, GSS 1477, natomiast najwyższy udział kolb I klasy zaobserwowano u mieszańców Royalty, Tessa oraz Passion.

3. Stwierdzono różnice między odmianami pod względem liczby ziaren w kolbie oraz długości kolb. Największą liczbą ziaren charakteryzowała się odmiana GSS 5698, natomiast najdłuższymi kolbami Golda oraz GSS 5698.
4. Spośród badanych odmian na potrzeby przetwórstwa można polecić mieszańce GSS 5698, Passion oraz Golda, natomiast odmiany szczególnie nadające się do bezpośredniego spożycia to Royalty oraz Passion.

LITERATURA

- Dragońska E., Szwejkowski Z., Panfil M. 2008. Możliwości plonowania kukurydzy uprawnej na ziarno w Wielkopolsce z uwzględnieniem spodziewanych zmian klimatu. *Acta. Agrophys.* 12, 3: 645 — 655.
- Kossowski M., Cierkoń K. 1986. Ocena plonowania różnych odmian kukurydzy cukrowej. *Zesz. Nauk. AR Krak.* 178, 11: 161 — 175.
- Kubajak A., Ostrowska A. 1983. Wpływ terminu siewu kukurydzy cukrowej na jej plonowanie i jakość. *Zesz. Nauk. AR Krak.* 178, 11: 161 — 175.
- Waligóra H. 1996. Uprawa kukurydzy cukrowej. *Wyd. AR w Poznaniu.*
- Waligóra H. 2002/2003. Przydatność nowych mieszańców kukurydzy cukrowej do różnych kierunków użytkowania. *Rocz. AR Pozn. CCCLIII*: 59 — 65.
- Waligóra H. 2006. Zbiór i wykorzystanie kukurydzy cukrowej. *Kukurydza* 2 (28): 26 — 27.
- Waligóra H., Weber A. 2010. Effect of weather conditions on sugar maize yield (*Zea mays* ssp. *saccharata* Koern.). *Acta Sci. Pol., Agricultura* 9 (3): 75 — 82.
- Waligóra H., Dubas A., Suwlińska-Katulska A. 1998. *Kukurydza cukrowa*. *Wyd. Multum.*
- Warzecha R. 2006. Produkcja kukurydzy cukrowej dla przemysłu przetwórczego i na świeży rynek. *Kukurydza* 2 (28): 29 — 31.
- Żarski J., Dudek S., Grzelak B. 2004. Rola czynnika wodnego i termicznego w kształtowaniu plonów ziarna kukurydzy. *Acta Agrophys.* 3, 1: 189 — 195.

HUBERT WALIGÓRA**ANNA WEBER****WITOLD SKRZYPCZAK****ROBERT IDZIAK**

Katedra Agronomii

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Reakcja nowych odmian kukurydzy cukrowej na stosowanie mieszaniny substancji czynnych mezotrion + S-metolachlor zawartych w herbicydzie Camix

Reaction of new varieties of sugar maize on the activity of the mixture mesotrione + S-metolachlor

Celem doświadczenia była ocena reakcji nowych odmian kukurydzy cukrowej na stosowanie mieszaniny mezotrion + S-metolachlor. Badania przeprowadzono w latach 2007–2009 w ZDD Gorzyń, filia Swadzim. Przebadano dziesięć odmian kukurydzy cukrowej — Basin, Dixon, Garrison, Golda, GSS 5022, Rana, Shaker, Shimmer, Sweet Trophy oraz Sweet Tasty. Zabieg herbicydem wykonano w fazie 5–6 liści kukurydzy cukrowej. Określono plon kolb (t/ha), udział kolb I klasy (%), długość kolb (cm), liczbę kolb z hektara (szt.) oraz liczbę ziaren w kolbie (szt.). Stwierdzono przemijające fitotoksyczne działanie herbicydu u trzech badanych odmian. Mieszanina mezotrion + S-metolachlor wpłynęła na obniżenie plonu ośmiu odmian, zmniejszenie udziału kolb I klasy u siedmiu odmian, długość kolb u sześciu odmian oraz liczbę kolb zebranych z hektara u dziewięciu odmian, nie miała jednak istotnego wpływu na liczbę ziaren w kolbie.

Słowa kluczowe: fitotoksyczność, kukurydza cukrowa, odmiany, selektywność, substancja aktywna

The aim was to evaluate reaction of new varieties of sugar maize to a mixture of mesotrione + S-metolachlor. The study was conducted in 2007–2009 in Experimental Station in Swadzim on ten varieties of sugar maize Basin, Dixon, Garrison, Golda, GSS 5022, Rana, Shaker, Shimmer, Sweet Trophy and Sweet Tasty. Herbicide spraying was performed in the 5–6 leaf stage of maize. In each year of research the cob yield (t/ha), cobs from ha (pcs), class participation (%), cobs length (cm) and number of grains in the cobs (pcs) were examined. There was found transient phytotoxic action of the herbicide in three varieties. A mixture of mesotrione + S-metolachlor reduced the yield in eight varieties, I class cobs yield in seven varieties, cobs length in six varieties and the number of cobs per ha in nine varieties, but had no significant effect on the number of grains in cob.

Key words: active ingredient, phytotoxicity, sugar maize, varieties, selectivity

WSTĘP

Obecnie, po wycofaniu herbicydów triazynowych, możliwości chemicznej ochrony kukurydzy przed chwastami zostały ograniczone. Taka sytuacja powoduje konieczność podjęcia wzmożonych działań w celu poszukiwania nowych możliwości skutecznego odchwaszczania kukurydzy, a także lepszego zabezpieczenia uprawy przed zachwaszczeniem wtórnym (Kierzek i Miklaszewska, 2009). Tolerancja odmian kukurydzy na herbicydy jest problemem, który w ostatnich latach zaczął nabierać coraz większego znaczenia. Dotyczy to w szczególności odmian kukurydzy cukrowej (Waligóra, 2009). Na ten temat jest stosunkowo dużo doniesień w literaturze zagranicznej. Wpływ wielu nowych substancji aktywnych na rośliny różnych odmian kukurydzy cukrowej oceniali między innymi O'Sullivan i in. (2000), Stall i Bevick (1992), Grey i in. (2000). Wyniki badań wskazują na różną wrażliwość odmian na stosowane substancje aktywne, a więc również na różną ich przydatność do stosowania w kukurydzy cukrowej. Dane literaturowe, jak i doniesienia z praktyki rolniczej pokazują, że niektóre substancje aktywne, zalecane do zwalczania szczególnie uciążliwych chwastów mogą uszkadzać roślinę uprawną, a w niektórych przypadkach prowadzić do całkowitego ich zniszczenia. Stąd podjęto badania w celu określenia oddziaływania dwóch substancji aktywnych (herbicyd Camix) na rośliny dziesięciu nowych odmian kukurydzy cukrowej.

Celem podjętych badań było ustalenie reakcji badanych odmian kukurydzy cukrowej na działanie mieszaniny mezotrion + S-metolachlor.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie zostało przeprowadzone na polach Zakładu Doświadczalno-Dydaktycznego Gorzyń, filia Swadzim (52°26' N; 16°45' E) w latach 2007–2009. Założono je jako dwuczynnikowe w układzie losowanych bloków w czterech powtórzeniach. Czynnikiem pierwszego rzędu była odmiana, natomiast drugiego rzędu zastosowanie herbicydu zawierającego mezotrion + S-metolachlor. Badano dziesięć odmian kukurydzy cukrowej: Basin, Dixon, Garrison, Golda, GSS 5022, Rana, Shaker, Shimmer, Sweet Trophy oraz Sweet Tasty. Oprysk herbicydem wykonano w fazie 5–6 liści kukurydzy cukrowej. W każdym roku badań określono plon kolb (t/ha), udział kolb I klasy (%), długość kolb (cm), liczbę kolb zebranych z hektara (szt.) oraz liczbę ziaren w kolbie (szt.).

Tabela 1

Średnia miesięczna temperatura powietrza w ZDD Swadzim (°C)
Average monthly air temperature at Experimental Station Swadzim (°C)

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2007	15,2	19,3	18,9	19,2	13,7	17,3
2008	15,1	19,6	20,7	18,8	13,5	17,5
2009	14,0	16,0	20,3	20,1	15,8	17,3
Średnia z wielolecia Long-term average	13,4	16,7	18,5	17,9	13,6	

Uzyskane wyniki badań poddano analizie wariancji, na poziomie 0,05 obliczono istotność różnic oraz najmniejszą istotną różnicę. W trakcie wegetacji roślin, w pięciu terminach, określono wrażliwość odmian na badaną mieszaninę substancji aktywnych. Dane meteorologiczne i wyliczony współczynnik hydrotermiczny Sielianinowa przedstawiono w tabelach 1, 2 i 3.

Tabela 2

Suma miesięcznych opadów atmosferycznych w ZDD Swadzim (mm)
Sum of monthly precipitation at Experimental Station Swadzim (mm)

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2007	77,0	59,6	87,0	48,1	33,4	305,1
2008	14,3	8,6	65,6	95,1	19,4	203,0
2009	109,9	113,8	75,4	26,2	48,6	373,9
Średnia z wielolecia Long-term average	51,5	56,3	72,9	57,5	43,8	

Tabela 3

Współczynnik hydrotermiczny Sielianinowa
Sielianinov's hydrothermal coefficient

Rok Year	Maj May	Czerwiec June	Lipiec July	Sierpień August	Wrzesień September	Okres wegetacji Growth period
2007	1,63	1,03	1,48	0,81	0,81	1,15
2008	0,31	0,15	1,02	1,63	0,48	0,72
2009	2,29	2,37	1,2	0,44	0,78	1,416

Wartości; values: 0,00–0,50 — susza; drought; 0,51–1,00 — półsusza; semi-drought; 1,01–2,00 — dobra wilgotność; good humidity, 2,01 i więcej, and above — duże uwilgotnienie; large humidity

WYNIKI I DYSKUSJA

Przeprowadzona ocena fitotoksycznego działania badanych substancji aktywnych wykazała ich przemijający wpływ na morfologię roślin trzech odmian kukurydzy cukrowej, tj. Garrison, GSS 5022 oraz Shimmer (tab. 4). Wrażliwość roślin objawiała się wystąpieniem białych przebarwień na liściach oraz nieco mniejszym wzrostem. Objawy fitotoksycznego oddziaływania badanych substancji aktywnych odnotowano podczas trzeciego i czwartego oznaczenia. Do terminu zbioru (piąte oznaczenie) objawy te ustąpiły i nie stwierdzono już występowania przebarwień, wyrównała się również wysokość roślin. Zmiany tego typu, a więc przemijającej, niewielkiej wrażliwości, nie dotyczyły pozostałych badanych odmian.

Mezotrion w zalecanych dawkach jest bezpieczny dla roślin kukurydzy i nie powoduje jej uszkodzeń (Mitchell i in., 2001). W badaniach Machul i Jadczyżyn (2005) stwierdzono uszkodzenia roślin kukurydzy widoczne w postaci jasnych przebarwień liści dwa tygodnie po oprysku tą substancją aktywną. Przyhamowanie wzrostu oraz białe przebarwienia ustąpiły po czterech tygodniach od zastosowania herbicydu. Natomiast Waligóra i in. (2009) w doświadczeniu własnym nie stwierdzili wrażliwości różnych odmian kukurydzy

cukrowej na mezotrion. Stąd można wnioskować, że przed zaleceniem użycia herbicydów zawierających mezotrion, należy przebadać wszystkie aktualnie dostępne odmiany kukurydzy cukrowej, pod kątem ich podatności na tę substancję aktywną.

Według niektórych autorów (Snopeczyński i Gołębiowska, 2008) S-metolachlor jest substancją aktywną, która nie ma fitotoksycznego działania na rośliny kukurydzy cukrowej i z powodzeniem może być stosowana w jej uprawie. Hassan i in. (2010) po zmniejszeniu dawki tej substancji aktywnej zauważyli nawet, że rośliny kukurydzy są wyższe, a powierzchnia liści jest większa.

Tabela 4

Wpływ herbicydu na rośliny kukurydzy cukrowej
Influence of herbicide on sugar maize plants

Odmiany Varieties	Kontrola Control	Mezotrion + S-metolachlor Mesotrion + S-metolachlor				
		terminy — time limit				
		dzień po zabiegu day after treatment	1-2 tyg. po zabiegu 1-2 week after treatment	3-4 tyg. po zabiegu 2-4 week after treatment	5-6 tyg. po zabiegu 5-6 week after treatment	przed zbiorem before the harvest
Basin	1	1	1	1	1	1
Dixon	1	1	1	1	1	1
Garrison	1	1	1	2	2	1
Golda	1	1	1	1	1	1
GSS 5022	1	1	1	2	2	1
Rana	1	1	1	1	1	1
Shaker	1	1	1	1	1	1
Shimmer	1	1	1	2	2	1
Sweet Trophy	1	1	1	1	1	1
Sweet Tasty	1	1	1	1	1	1

Ocena (1–9) — analiza bonitacyjna, evaluation (1–9) — susceptibility of crop to herbicide, gdzie 1 — brak działania na roślinę uprawną, 1 — no reaction of crop

Po zastosowaniu badanej mieszanki substancji aktywnych, rośliny większości odmian zareagowały obniżeniem plonowania, zmniejszeniem udziału kolb I klasy, liczby kolb zebranych z hektara oraz skróceniem kolb w stosunku do obiektów kontrolnych (tab. 5 i 6). Badania własne nie wykazały wpływu badanego herbicydu na liczbę ziaren w kolbie (tab. 7). Machul i Jadczyzyn (2005) na podstawie swoich badań stwierdzili wyższe plony kukurydzy na obiektach chronionych chemicznie przez mezotrion w porównaniu z kontrolą, ale bez istotnego różnicowania wysokości plonu pomiędzy obiektami badawczymi. Natomiast Waligóra (2009), na podstawie swoich badań, pomimo wystąpienia przemijających zewnętrznych oznak ujemnego działania mezotrionu na roślinie, nie stwierdził zmniejszenia liczby ziaren w kolbie, jak również istotny wzrost plonu oraz liczby kolb kukurydzy cukrowej po zastosowaniu herbicydu Callisto 100 SC. Według Snopeczyńskiej i Gołębiowskiej (2008) S-metolachlor nie powoduje zmian w plonowaniu kukurydzy. Według Hassan i in. (2010) stosowanie połowy dawki mezotrionu powoduje wzrost plonu oraz masy tysiąca nasion kukurydzy.

Tabela 5

Wpływ herbicydu na plon kolb (t/ha) oraz na udział kolb I klasy (%)
Influence of herbicide on cobs yield (t/ha) and share of first class cobs (%)

odmiany varieties	Plon kolb (t/ha) Cobs yield (t/ha)			Udział kolb I klasy (%) Share of first class cobs (%)		
	kontrola control	mezotrion + S- metolachlor mesotrion + S- metolachlor	średnio mean	kontrola control	mezotrion + S- metolachlor mesotrion + S- metolachlor	średnio mean
Basin	12,99	12,34	12,67	68,0	69,3	68,7
Dixon	13,72	10,89	12,31	87,2	82,6	84,9
Garrison	11,68	10,21	10,95	79,9	69,9	74,9
Golda	15,00	13,43	14,22	84,9	82,2	83,6
GSS 5022	11,54	11,00	11,27	76,0	71,8	73,9
Rana	11,80	10,13	10,97	72,8	67,2	70,0
Shaker	12,87	12,90	12,89	70,2	71,8	71,0
Shimmer	10,09	10,12	10,11	54,9	53,2	54,1
Sweet Trophy	17,23	16,19	16,71	88,9	80,0	84,5
Sweet Tasty	14,11	12,86	13,49	74,7	76,0	75,4
Średnio Mean	13,10	12,01		75,8	72,4	
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	0,961			1,66		

Tabela 6

Wpływ herbicydu na liczbę kolb zebranych z ha (szt.) oraz długość kolb (cm)
Influence of herbicide on number of cobs from ha (pieces) and cobs length (cm)

odmiany varieties	Liczba kolb zebranych z ha (szt.) Number of cobs from ha (pieces)			Długość kolb (cm) Cobs length (cm)		
	kontrola control	mezotrion + S- metolachlor mesotrion + S- metolachlor	średnio mean	kontrola control	mezotrion + S- metolachlor mesotrion + S- metolachlor	średnio mean
Basin	46323	47038	46681	21,4	21,2	21,3
Dixon	44310	42962	43636	20,4	20,2	20,3
Garrison	42990	38300	40645	18,9	19,0	19,0
Golda	51545	47550	49548	21,5	20,0	20,8
GSS 5022	41022	40088	40555	19,4	19,7	19,6
Rana	39311	35471	37391	20,0	20,2	20,1
Shaker	43620	43304	43462	21,2	19,5	20,4
Shimmer	41897	40654	41276	17,1	17,2	17,2
Sweet Trophy	48840	48714	48777	22,1	21,3	21,7
Sweet Tasty	46034	44785	45410	19,8	19,2	19,5
Średnio Mean	44589	42887		20,2	19,8	
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)	1234,5			0,31		

Uzyskane wyniki wykazały przemijającą fitotoksyczność łącznie stosowanych substancji aktywnych, zawartych w herbicydzie Camix, w stosunku do trzech odmian kukurydzy cukrowej. Stwierdzono również nieduże, aczkolwiek istotne, obniżenie plonu u sześciu odmian — Dixon, Garrison, Golda, Rana, Sweet Trophy i Sweet Tasty, zmniejszenie udziału kolb I klasy u sześciu odmian — Dixon, Garrison, Golda, GSS 5022,

Rana i Sweet Tasty, liczby kolb z hektara u pięciu — Dixon, Garrison, Golda, Rana i Sweet Tasty oraz długości kolb u czterech odmian — Golda, Shaker, Sweet Trophy i Sweet Tasty — po zastosowaniu mieszaniny mezotrion + S-metolachlor. Zastosowane substancje aktywne nie wpłynęły na obniżenie liczby ziaren w kolbie badanych odmian.

Tabela 7

Wpływ herbicydu na liczbę ziaren w kolbie (szt.)
Influence of herbicide on number of grains per cob (pieces)

Odmiany Varieties	Kontrola Control	Mezotrion + S-metolachlor Mesotrion + S-metolachlor	Średnio Mean
Basin	644	608	626
Dixon	629	630	630
Garrison	600	616	608
Golda	753	694	724
GSS 5022	665	566	616
Rana	608	624	616
Shaker	608	594	601
Shimmer	488	506	497
Sweet Trophy	786	669	728
Sweet Tasty	624	608	616
Średnio Mean	641	612	
NIR — LSD ($\alpha = 0,05$)		r.n. n.s.	

WNIOSKI

1. Stwierdzono przemijające fitotoksyczne działanie mieszaniny substancji czynnych mezotrion + S-metolachlor w herbicydzie Camix tylko u trzech odmian, tj. Garrison, GSS 5022 oraz Shimmer.
2. Zastosowanie mieszaniny mezotrion + S-metolachlor spowodowało spadek plonu, udziału kolb I klasy, liczby kolb oraz zmniejszenie długości kolb u niektórych badanych odmian kukurydzy cukrowej.
3. Nie stwierdzono istotnych zmian liczby ziaren w kolbie u badanych odmian po zastosowaniu herbicydu Camix.

LITERATURA

- Grey T. L., Bridges D. C., Raymer P., Day D., NeSmith D. S. 2000. Differential tolerance of fresh market sweet corn cultivars to the herbicides nicosulfuron and primisulfuron. *Hort Science* 35: 6: 1070 — 1073.
- Hassan G., Tanveer S., Khan N. U., Munier M. 2010. Integrating cultivars with reduced herbicide rates for weed management in maize. *Pak. J. Bot.* 42 (3): 1923 — 1929.
- Kierzek R., Miklaszewska K. 2009. Redukcja zachwaszczenia kukurydzy poprzez stosowanie herbicydów z adiuwantami oraz różnych technologii ochrony. *Progress in Plant Protection* 49 (2): 811 — 818.
- Machul M., Jadczyzyn T. 2005. Przydatność wskaźnika względnej zawartości chlorofilu do oceny stanu odżywienia kukurydzy azotem. *Pam. Puł.* 140: 173 — 185.
- Mitchell G., Bartlett D. W., Fraser T. E., Hawkes T. R., Holt D. C., Townson J. K., Wichert R. A. 2001. Mesotrione: a new selective herbicide for use in maize. *Pest. Manag. Sci.* 57: 120 — 128.

- O'Sullivan J., Thomas R. J., Bouw W. J. 1998. Tolerance of sweet corn (*Zea mays*) cultivars to rimsulfuron. *Weed Technology*, vol. 12: 258 — 261.
- Snopczyński T., Gołębiowska H. 2008. Ocena skuteczności chwastobójczej mieszaniny mezontrion + terbutyloazyna + S-metolachlor w uprawie kukurydzy. *Progress In Plant Protection* 48 (2): 674 — 677.
- Stall W. M., Bewick T. A. 1992. Sweet corn to cultivars respond differentially to the herbicide nicosulfuron. *Hort Science*, vol. 27 (2): 131 — 133.
- Waligóra H. 2009. Ocena skuteczności chwastobójczej mieszanki mezontrionu i nikosulfuronu w kukurydzy cukrowej. *Nauka Przyr. Technol.* Tom 3, Zeszyt 2.
- Waligóra H., Szpurka W. 2009. Selektywność mieszanki mezontrionu i nikosulfuronu dla kilku odmian kukurydzy cukrowej. *Nauka Przyr. Technol.* Tom 3, Zeszyt 2.

ZYGMENT KACZMAREK¹ELŻBIETA ADAMSKA¹LAURENCJA SZALA²TERESA CEGIELSKA-TARAS²¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Oddział w Poznaniu

Stabilność zdolności kombinacyjnej nienasyconych kwasów tłuszczowych u linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego*

Stability of combining ability for unsaturated fatty acids content in DH lines of winter oilseed rape

Praca zawiera wyniki badań zdolności kombinacyjnych linii DH przeprowadzonych na podstawie analizy statystycznej trzyletniej serii doświadczeń linia $\times$ tester z rzepakiem ozimym. Podstawą badań serii była analiza wariancji oparta na modelu mieszanym obserwacji. Została ona przeprowadzona dla serii doświadczeń, których obiektami były mieszańce uzyskane ze skrzyżowania 7 linii z 4 testerami. Każde z doświadczeń założone było w układzie losowanych bloków w trzech replikacjach. W pracy przedstawione są wyniki analizy efektów ogólnej (GCA) i specyficznej (SCA) zdolności kombinacyjnej linii rodzicielskich ze względu na zawartość kwasów tłuszczowych (oleinowego, linolowego i linolenowego) u mieszańców F_2 linia $\times$ tester. Dla każdego z badanych kwasów wyznaczono oceny średnich efektów GCA i SCA linii DH i testerów oraz dokonano testowania ich istotności. Podstawowym celem pracy był wybór tych linii DH rzepaku ozimego, które spełniałyby wymagania dotyczące odpowiedniej zawartości kwasów tłuszczowych w oleju nasion przydatnych w produkcji biopaliw oraz farb i lakierów.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, kwasy tłuszczowe, podwojone haploidy, schemat linia $\times$ tester, rzepak ozimy, zdolność kombinacyjna

The article presents the analysis of general and specific combining ability of winter oilseed rape DH lines. The various statistical methods were used to evaluate parental forms on the basis of series of experiments with F_2 hybrids obtained from the line $\times$ tester crossing scheme. The experiments were carried out in a completely randomised block design with three replications and over three successive years. The article contains the results of general and specific combining ability analyses for parental lines in respect of the content of unsaturated fatty acids in F_2 line $\times$ tester hybrid generation. For each fatty acid the estimates of GCA and SCA effects for DH lines and testers were obtained and tested. The

* Praca wykonana w ramach grantu MNiSW NN 310 315534

interaction of these effects with years was also studied. The aim of the paper was to select the most interesting oilseed rape DH lines with regard to the requirements for fatty acids.

Key words: interaction GE, fatty acids, doubled haploid, line $\times$ tester scheme, winter oilseed rape, combining ability

WSTĘP

Zapotrzebowanie na wysokiej jakości olej rzepakowy stale w świetle rośnie. Stąd pragnienia wielu hodowców skierowane są na uzyskanie różnych kreacji rzepaku ozimego, odznaczających się odpowiednim składem kwasów tłuszczowych w oleju nasion rzepaku. W szczególności wyhodowanie odmian o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego, tzw. naturalnie stabilnego (typu HOLL), bądź odmian o wysokiej zawartości kwasu linolowego (typu HILL), staje się głównym celem znacznej liczby programów hodowlanych. Celem niniejszej pracy jest ocena form matecznych i ojcowskich 9 linii DH wybranych na podstawie wcześniejszych badań autorów oraz 4 testerów różniących się co najmniej jedną cechą, pod względem efektów ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej kwasów nienasyconych: kwasu oleinowego (C18:1), linolowego (C18:2) i linolenowego (C18:3).

Praca zawiera rezultaty badania ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej linii podwojonych haploidów (linii DH) i testerów na podstawie wyników trzyletniej serii doświadczeń linia $\times$ tester z mieszańcami F_2 rzepaku ozimego. Podstawą badań serii była analiza wariancji oparta na liniowym modelu mieszanym obserwacji mieszańców. Prezentowana metoda uwzględniała szczególnie badanie interakcji genotypowo-środowiskowej poprzez wykorzystanie różnych odpowiednio skonstruowanych metod związanych z analizą wariancji (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1998).

MATERIAŁ I METODY

W celu oszacowania efektów ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich przeprowadzono trzyletnią serię doświadczeń z mieszańcami F_2 rzepaku ozimego (wyniki oceny zdolności kombinacyjnych linii DH na obserwacjach mieszańców F_1 przedstawiono w pracy Adamskiej i in. (2008)). Mieszańce uzyskano w wyniku krzyżowania 7 linii DH [0-120 (L1), H2-26 (L2), W-15(L3), MR-5(L4), H3-2(L5), H6-55(L6), B21(L7)] z 4 testerami. Wśród testerów występowała wysokoplenna odmiana Lisek (T1) i 3 linie DH: H5-105(T2), L59(T3) i A1-2 (T4) różniące się co najmniej jedną cechą (odpowiednio krótkimi łuszczykami, częściowo żółtymi nasionami i wysoką zawartością tłuszczu). Linie DH rzepaku ozimego otrzymano metodą izolowanych mikrospor (Cegielska-Taras i in., 2002). Doświadczenia przeprowadzono na polu doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerekwicy k/Poznań w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Skład kwasów tłuszczowych w oleju nasion rzepaku ozimego oznaczono metodą chromatografii gazowej (Byczyńska, Krzymański, 1969) u trzech roślin w każdym powtórzeniu.

Analizę statystyczną wyżej opisanych serii doświadczeń linia $\times$ tester wykonano programem komputerowym SERGEN (Caliński i in., 1998). Formy rodzicielskie (linie DH i

testery) zostały ocenione w poszczególnych doświadczeniach w wyniku zastosowania wzorów dotyczących ogólnej (GCA) i specyficznej (SCA) zdolności kombinacyjnej, wyprowadzonych dla schematu krzyżowania linia $\times$ tester (Singh i Chandhary 1979; Patel i in., 1984; Kaczmarek i in., 1986). W pracy przedstawiono wyniki oceny efektów GCA i SCA tych form ze względu na zawartość nienasyconych kwasów tłuszczowych: oleinowego, linolowego i linolenowego u ich mieszańców F_2 . Dla każdego z wyżej wymienionych kwasów zbadano istotność interakcji efektów GCA i SCA ze środowiskiem określonym przez warunki glebowo-klimatyczne występujące w miejscowościach i latach, w których prowadzono doświadczenia.

WYNIKI

W tabeli 1 przedstawione są średnie zawartości kwasów tłuszczowych u mieszańców F_2 linia $\times$ tester.

Tabela 1

Średnie zawartości nienasyconych kwasów tłuszczowych w oleju mieszańców F_2 rzepaku ozimego
Mean contents of unsaturated fatty acids for F_2 hybrids of winter oilseed rape

Para: Linia/tester Pair: Line/tester	Kwasy tłuszczowe — Fatty acids		
	C18:1 oleinowy — oleic (%)	C18:2 linolowy — linoleic (%)	C 18:3 linolenowy — linolenic (%)
L1 T1	66,8	18,1	7,8
T2	64,5	19,4	8,6
T3	63,1	21,3	8,3
T4	68,2	17,0	7,8
L2 T1	65,6	18,5	9,7
T2	64,2	19,6	8,9
T3	60,7	22,9	9,6
T4	68,3	16,9	7,9
L3 T1	69,5	15,9	7,4
T2	67,3	17,5	7,8
T3	68,4	17,7	7,2
T4	71,6	14,7	6,7
L4 T1	65,0	18,7	9,3
T2	63,6	19,7	9,7
T3	62,1	21,1	10,1
T4	68,2	16,7	8,3
L5 T1	66,6	17,4	8,9
T2	64,8	19,2	9,4
T3	62,4	20,6	10,1
T4	69,3	15,2	8,4
L6 T1	67,6	17,8	7,5
T2	67,4	17,5	7,9
T3	65,6	19,5	7,7
T4	70,7	15,2	7,2
L7 T1	67,2	17,8	7,7
T2	66,2	18,2	7,8
T3	64,2	20,4	8,2
T4	69,8	15,8	7,6

Wyniki analizy wariancji dla serii doświadczeń przedstawiono w tabeli 2. Zawiera ona rezultaty badania istotności efektów GCA i SCA linii DH i testerów oraz ich interakcji z latami dla 3 kwasów tłuszczowych. Zwraca uwagę fakt istotnego zróżnicowania linii DH i testerów pod względem efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej dla wszystkich trzech kwasów nienasyconych. Istotną interakcję efektów GCA linii DH z latami oraz interakcję SCA × lata można zaobserwować dla kwasów oleinowego i linolowego.

Tabela 2

Wyniki analizy wariancji dla serii doświadczeń linia × tester
Results of the analysis of variance for series of line × tester experiments

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square		
		C18:1 oleinowy — oleic	C18:2 linolowy — linoleic	C18:3 linolenowy — linolenic
Lata Years	2	341,91*	85,96*	105,29*
GCA linii GCA of lines	6	8,30*	3,15*	2,15*
GCA linii × lata GCA of lines × years	12	0,41*	0,21*	0,16
GCA testerów GCA of testers	3	17,22*	11,18*	0,64*
GCA testerów × lata GCA of testers × years	6	0,17	0,11	0,03
SCA SCA	18	1,65	0,95	0,41
SCA × lata — SCA × years	36	1,73*	0,81*	0,29
Błąd doświadczalny Experimental error	162	0,59	0,37	0,44

* Istotność na poziomie 0,05; *Significance at 0.05 level

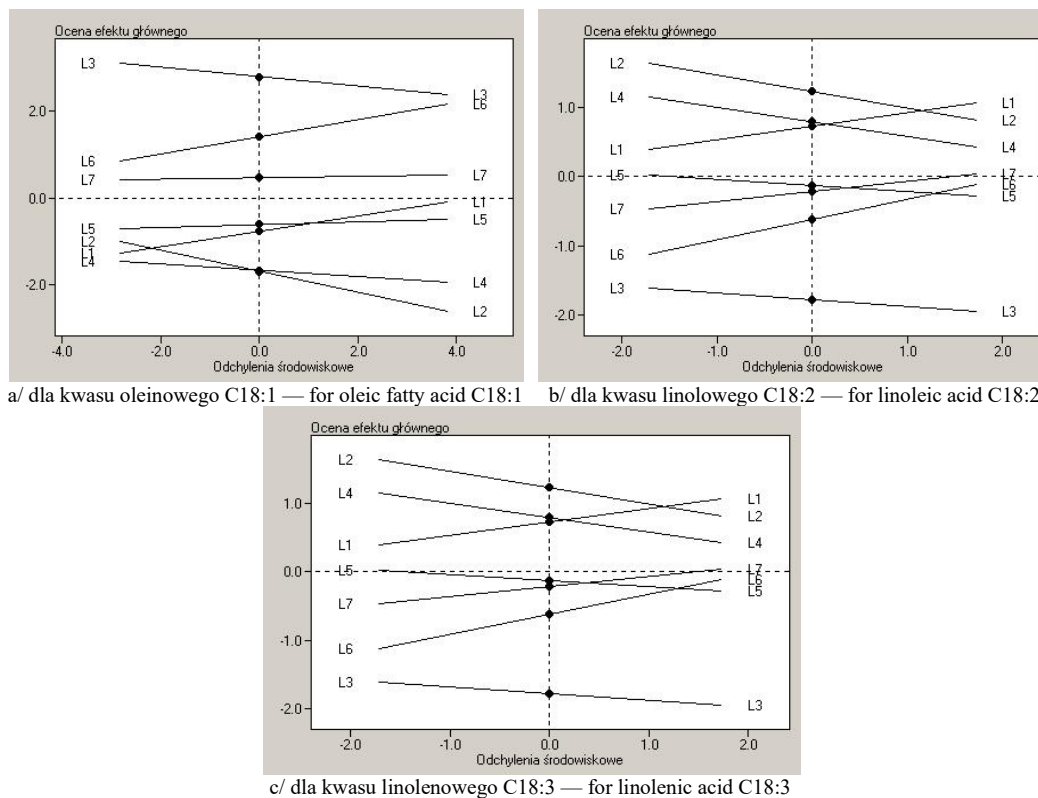
Tabela 3

Oceny i wyniki testowania efektów GCA linii DH i testerów oraz ich interakcji z latami
Estimates and results of testing GCA effects for DH lines and testers and their interaction with years

No.	Linia DH DH line	Kwasy tłuszczowe — Fatty acids					
		C18:1 oleinowy — oleic		C18:2 linolowy — linoleic		C 18:3 linolenowy — linolenic	
		ocena efektów GCA	stat. F dla interakcji	ocena efektów GCA	stat. F dla interakcji	ocena efektów GCA	stat. F dla interakcji
		estimated GCA effect	F statistic for interaction	estimated GCA effect	F statistic for interaction	estimated GCA effect	F statistic for interaction
L1	0-120	-0,76	3,56*	0,73	1,53	-0,24	2,11
L2	H2-26	-1,68	5,41*	1,23*	2,47	0,69	3,74*
L3	W-15	2,80*	1,44	-1,78*	0,45	-1,06*	0,56
L4	MR-5	1,66*	0,50	0,79	1,83	1,02*	1,03
L5	H3-2	-0,60*	0,09	-0,13	1,16	0,86*	0,32
L6	H6-55	1,42	5,88*	-0,62	7,15*	-0,79*	0,39
L7	B21	0,48	2,30	-0,21	1,41	-0,48	2,12
No.	Tester						
T1	Lisek	0,52	1,68	-0,49	1,13	-0,02	0,12
T2	H5-105	-0,95*	0,37	0,50*	0,52	0,27	0,79
T3	Z-152	-2,61*	0,36	2,31*	0,35	0,39*	0,05
T4	A1-2	3,04	5,77*	-2,32*	3,43*	-0,64*	1,05

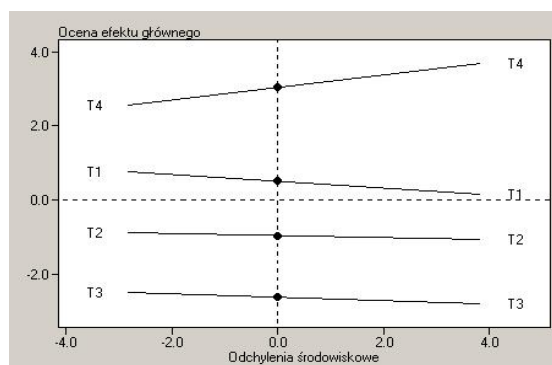
* Istotność na poziomie 0,05; *Significance at 0.05 level

W tabeli 3 podane są oceny i wyniki testowania efektów GCA i ich interakcji z latami dla poszczególnych linii DH i testerów. Pozwalają one wyróżnić linie L3 i L6 o korzystnych właściwościach z punktu widzenia produkcji biopaliw. Odznaczają się dodatnią, a u linii L3 istotną oceną efektów GCA dla zawartości kwasu oleinowego oraz ujemną, także istotną, oceną efektów GCA dla kwasu linolenowego. Należy dodać, że ogólna zdolność kombinacyjna linii L3 okazała się niewrażliwa na zmieniające się warunki środowiska, natomiast w przypadku linii L6 zaobserwowano dla zawartości kwasu oleinowego istotną interakcję z latami. Na uwagę zasługuje również linia L4 charakteryzująca się dodatnimi ocenami efektów GCA dla kwasu linolowego i linolenowego, co jest pozytywne z punktu widzenia przemysłu farbiarskiego i lakierniczego. Opinię tę potwierdzają rysunki 1 a,b,c, dodatkowo opisujące tendencje linii DH w uzyskiwaniu efektów GCA w poszczególnych latach (od przeciętnie najgorszego roku do najlepszego). Spośród testerów na uwagę zasługuje linia A1-2 (tester T4), której ocena GCA dla zawartości kwasu oleinowego okazała się dodatnia chociaż nieistotna z uwagi na bardzo wysoką interakcję z latami. Dla zawartości kwasu linolenowego ocena była ujemna i istotna.



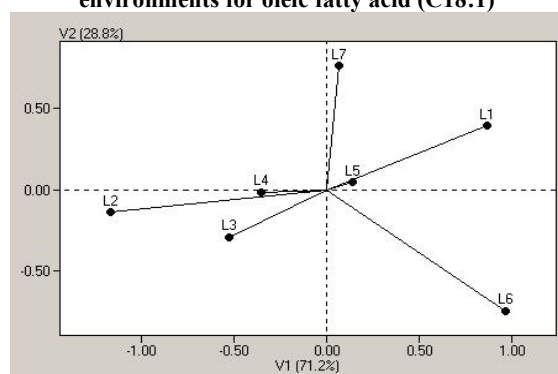
Rys. 1. Ocenę efektów GCA linii DH i proste regresji efektów interakcyjnych GCA tych linii względem środowiska

Fig. 1. Estimates of GCA effects of DH lines and linear regression of interaction GCA effects these lines on environments



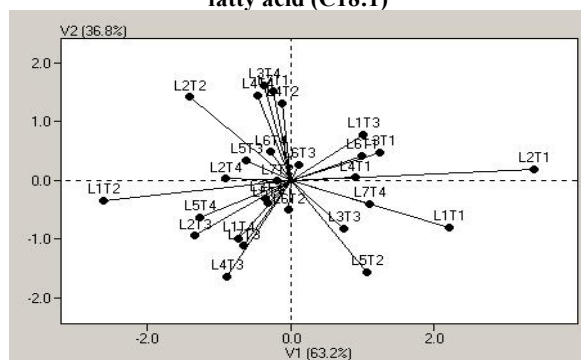
Rys. 2. Oceny efektów GCA testerów i proste regresji efektów interakcyjnych GCA tych linii względem środowiska dla kwasu oleinowego (C18:1)

Fig. 2. Estimates of GCA effects testers and linear regression of interaction GCA effects there lines on environments for oleic fatty acid (C18:1)



Rys. 3. Wektorowa prezentacja efektów GCA linii DH w układzie składowych głównych dla kwasu oleinowego (C18:1)

Fig. 3. Vector representation of GCA effects of DH lines in the system of principal components for oleic fatty acid (C18:1)



Rys. 4. Wektorowe prezentacja efektów SCA par linii i testerów w układzie pierwszych składowych głównych dla kwasu oleinowego (C18:1)

Fig. 4. Vector representation of SCA effects of DH lines and testers in the system of principal components for oleic fatty acid (C18:1)

Nieco mniej korzystne właściwości prezentuje tester T1 posiadający dodatnią chociaż nieistotną na poziomie $P = 0,05$ ocenę efektu GCA dla kwasu oleinowego. Zachowanie się wszystkich testerów ocenionych pod względem efektów GCA dla kwasu oleinowego w poszczególnych latach ilustruje rysunek 2 przedstawiający proste regresji efektów interakcyjnych ogólnej zdolności kombinacyjnej względem lat. Udział poszczególnych linii w interakcji ich efektów GCA i SCA z latami pokazany jest dla kwasu oleinowego na rysunkach odpowiednio 3 i 4. Linie, które są najbardziej oddalone od początku układu współrzędnych odznaczają się największą wrażliwością na warunki klimatyczne lat.

Tabela 4 przedstawia oceny specyficznej zdolności kombinacyjnej dla par linii i testerów oraz ich interakcji z latami. Dokonano testowania istotności poszczególnych ocen efektów SCA oraz wyliczono statystyki F dla interakcji tych efektów z latami.

Tabela 4

Oceny i wyniki testowania efektów SCA par linii i testerów oraz ich interakcji z latami
Estimates and results of testing SCA effects for pairs DH lines and testers and their interaction with years

Para: Linia/ Tester Pair: Line/Tester	Kwasy tłuszczowe — Fatty acids					
	C 18:1 — oleinowy — oleic		C 18:2 — linolowy — linoleic		C 18:3 — linolenowy — linolenic	
	ocena efektów SCA Estimated SCA effect	Stat. F dla interakcji F statistic for interaction	ocena efektów SCA estimated sca effect	stat. F dla interakcji F statistic for interaction	ocena efektów SCA Estimated SCA effect	Stat. F dla interakcji F statistic for interaction
L1 T1	0,62	7,22**	-0,37	6,37**	-0,29	0,64
T2	-0,15	9,00**	-0,06	4,70*	0,20	1,89
T3	0,04	2,15	0,07	0,40	-0,23	0,62
T4	-0,51*	0,66	0,36	0,67	0,33**	0,01
L2 T1	0,36	1,98	-0,51	1,69	0,69	2,68
T2	0,41	15,21**	-0,33	11,78**	-0,38	1,01
T3	-1,36	5,27*	1,09*	3,54*	0,14	0,18
T4	0,60	2,60	-0,24	1,59	-0,44	0,82
L3 T1	-0,23	3,49*	-0,05	3,29*	0,13	1,45
T2	-0,92**	1,09	0,57	1,93	0,28**	0,11
T3	1,78**	2,36	-1,10*	4,86**	-0,45**	0,30
T4	-0,62	1,53	0,58**	0,57	0,04	0,42
L4 T1	-0,20	0,27	0,14	0,53	-0,07	0,05
T2	-0,17	1,59	0,19	0,53	0,11	0,55
T3	-0,02	3,62*	-0,26	1,51	0,36	1,12
T4	0,39*	0,33	-0,07	0,37	-0,40**	0,02
L5 T1	0,32	1,06	-0,17	0,88	-0,30	1,65
T2	0,02	2,31	0,57**	0,16	-0,07	0,67
T3	-0,79	4,56*	0,17	1,52	0,53**	0,28
T4	0,46**	0,11	-0,58**	0,70	-0,16	0,66
L6 T1	-0,71	3,06*	0,70*	1,84	-0,03	0,10
T2	0,51**	0,33	-0,59**	0,18	0,03	0,18
T3	0,38	4,69*	0,02	3,26*	-0,23	0,76
T4	-0,18	0,42	-0,13	1,07	0,26	0,62
L7 T1	-0,15	3,09*	0,26	2,59	-0,13	0,12
T2	0,32**	0,05	-0,35**	0,08	-0,17**	0,04
T3	-0,02	2,19	0,02	2,12	-0,08	0,05
T4	-0,14	1,78	0,07	1,85	0,37**	0,13

* Istotność na poziomie 0,05; Significance at 0.05 level

** Istotność na poziomie 0,01; Significance at 0.01 level

Biorąc pod uwagę trzy kwasy tłuszczowe (oleinowy, linolowy i linolenowy), można wyróżnić 5 par linii i testerów o istotnym efekcie SCA. Potomstwo par: L3×T3, L4×T4, L5×T2, L5×T4 i L7×T2 charakteryzowało się dodatnimi, w większości istotnymi efektami specyficznej zdolności kombinacyjnej dla zawartości kwasu oleinowego, a w przypadku pary L5×T2 także dla kwasu linolowego. Pod względem zawartości kwasu linolenowego potomstwo wszystkich wyróżnionych par wykazywało ujemne efekty specyficznej zdolności kombinacyjnej.

WNIOSKI

1. Zastosowane metody statystyczne umożliwiły znalezienie linii i testerów (L3, L6 i T4), których ogólne zdolności kombinacyjne okazały się wysokie w przypadku zawartości kwasu oleinowego i niskie dla kwasu linolenowego (typ HOLL), a więc posiadały właściwości korzystne z punktu widzenia produkcji biopaliwa. Te same właściwości posiadały pary linii i testerów L3×T3, L4×T4, L5×T4 i L7×T2.
2. Wyróżniona została także linia L2 i tester T3 odznaczające się dodatnimi i istotnymi ocenami efektu GCA dla kwasu linolowego.

LITERATURA

- Adamska E., Kaczmarek Z., Szała L., Cegielska-Taras T. 2008. Analiza zdolności kombinacyjnych linii DH rzepaku ozimego pod względem zawartości kwasów tłuszczowych. Biul. IHAR 249: 177 — 182.
- Byczyńska B., Krzymański J. 1969. Szybki sposób otrzymywania estrów metylowych kwasów tłuszczowych do analizy metody chromatografii gazowej. Tłuszcze Jadalne 13: 108 — 114.
- Cegielska-Taras T. 2002. The use of microspore culture for genetic improvement of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Thesis of Plant Breeding and Acclimatization Institute, Radzików, Poland. 18/2002: 11 — 22.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Statistical methodology and usage of the program SERGEN (Version 3 for Windows 95) dedicated to analysis of series of plant genetic and breeding experiments. IGR PAN, Poznań.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. Rozprawy Naukowe AR Poznań.
- Patel J. D., Christie B. R., Kanenberger L. W. 1984. Line × tester crosses a new approach of analysis. Can. J. of Gen. and Cyt. 26: 5: 523 — 527.
- Singh R.K. and Chandhary B.D. 1979. Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. New Delhi, Kalyani Publishers.

MIROSLAWA CHRZANOWSKA**KRYSTYNA MICHALAK****HELENA ZAGÓRSKA****KATARZYNA SZAJKO**

Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział Młochów

Reakcja na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku

The reaction to virus infection of potato cultivars from the Polish National List in 2010

Scharakteryzowano 134 odmiany ziemniaka znajdujące się w 2010 roku w Krajowym Rejestrze, pod kątem odporności i reakcji roślin na zakażenie wirusami ziemniaka: Y (PVY), liściozwoju (PLRV), M (PVM), X (PVX) i S (PVS). Odmiany pochodzenia zagranicznego: Kuras, Roko, Sante i Zuzanna oraz 23 polskie odmiany krańcowo odporne na PVY nie uległy porażeniu żadnym z czterech szczepów tego wirusa użytych do zakażeń. W tych odmianach, z wyjątkiem odmian Rudawa, Rumpel i Sante, stwierdzono obecność genu *Ry*. Polskie odmiany ziemniaka są stosunkowo odporne na stare szczepy PVY^o i PVY^N Ny, natomiast większość podlega „nowym” szczepom PVY^N W i PVY^{NTN}. Nekrozy na bulwach roślin zakażonych PVY^{NTN} znaleziono w 25 odmianach wprowadzonych do Krajowego Rejestru i trzech dopuszczonych do uprawy na przetwórstwo: Erntestolz, Hermes i Saturna. Wśród odmian połowo odpornych na PLRV inokulowanych przez szczepienie, 12 reagowało nietolerancyjnie. Oceniono nasilenie objawów chorobowych wywoływanych w odmianach ziemniaka po inokulacji roślin PLRV przy użyciu mszyc jako wektorów. Ocenę reakcji na PVM przeprowadzono po inokulacji mechanicznej roślin silnym szczepem PVM. Cztery odmiany z genem *Rm*: Ametyst, Eugenia, Finezja i Korona okazały się odporne na PVM, z pozostałych badanych odmian większość wykazała podatność na infekcję połączoną ze słabymi objawami chorobowymi, 32 odmiany wykazały silne objawy, a kilkanaście odmian średnią odporność na zakażenie. Odporność krańcową na PVX warunkowaną obecnością genu *Rx*, lub wysoką odporność różnego pochodzenia wykazały 24 polskie i 13 zagranicznych odmian. Odmiana Neptun, jako jedyna wśród badanych posiada gen *Ns* i odznacza się odpornością na wirus S ziemniaka.

Słowa kluczowe: odporność, reakcja, szczepy, wirusy, ziemniak

The resistance level and characteristics of disease symptoms caused by PVY, PLRV, PVM, PVX and PVS were described for 134 potato cultivars registered in Poland. The cultivars of foreign origin: Kuras, Roko, Sante and Zuzanna and 23 Polish potato cultivars extremely resistant to PVY were not infected with four PVY strains used to the plant inoculation. In these cultivars except Rudawa, Rumpel and Sante the gene *Ry* was identified. Polish potato cultivars are relatively resistant to old PVY strains

(PVY^o and PVY^N Ny) but majority of cultivars could be infected with PVY^{NW} and PVY^{NTN}. Necrotic rings (PTNRD disease) on tubers infected with PVY^{NTN} appeared in 25 cultivars being on the Polish National List and also in three cultivars growing for processing: Erntestolz, Hermes and Saturna. Among cultivars field resistant to PLRV 12 reacted intolerantly to the graft infection. The disease symptoms caused by PLRV after inoculation with aphids used as the virus vector were evaluated. The reaction to PVM was evaluated after mechanical inoculation of plants with severe PVM strain. Four cultivars: Ametyst, Eugenia, Finezja and Korona possessing the gene *Rm* are resistant to PVM, while majority of cultivars are susceptible to the infection and reacted with mild symptoms, several are midresistant and reacted with severe symptoms. Extreme resistance to PVX connected with the *Rx* gene or high resistance of various origin appeared in 37 cultivars (24 of Polish and 13 of foreign origin). Out of 134 cultivars only one cv Neptun possess the gene *Ns* and is resistant to PVS infection.

Key words: potato, reaction, resistance, strains, viruses

WSTĘP

Szkodliwość wirusów w uprawach ziemniaka polega na obniżeniu plonu bulw, pogorszeniu jakości, a także na powodowaniu trudności w produkcji zdrowych sadzeniaków. W Polsce znaczenie ma pięć wirusów: wirus Y ziemniaka, *Potato virus Y*, PVY, wirus liściozwoju ziemniaka, *Potato leafroll virus*, PLRV, wirus M ziemniaka, *Potato virus M*, PVM, wirus S ziemniaka, *Potato virus S*, PVS i wirus X ziemniaka, *Potato virus X*, PVX. Wirus Y i wirus liściozwoju ziemniaka zaliczane są do wirusów o większym znaczeniu gospodarczym niż wirusy M, S i X.

Wyróżniono przynajmniej pięć powodów, dla których PVY stanowi obecnie największe zagrożenie dla upraw ziemniaka:

1. zmiany w populacji szczepów wirusa (Chrzanowska, 2004),
2. poszerzenie spektrum gatunków mszyc wektorów wirusa (Kostiw i Robak, 2009),
3. wpływ warunków pogodowych ostatnich lat jak wcześniejsza wiosna, ciepłe i suche okresy w lecie,
4. mniejsza niż do tej pory odporność odmian, zwłaszcza odmian zagranicznych uprawianych na przetwórstwo,
5. podatność niektórych odmian na chorobę bulw (PTNRD) wywoływaną przez PVY^{NTN} (Chrzanowska, 2004).

W ostatnich latach w Polsce, a także w Europie, zmniejszyło się zagrożenie upraw ziemniaka przez PLRV uznawany 20 lat temu za najgroźniejszy, obok PVY. Zmiana ta nastąpiła w Polsce co najmniej z trzech powodów: 1) zmniejszenie ilości źródeł infekcji wynikające ze zmniejszenia areału upraw ziemniaka z ponad 2 milionów hektarów do nieco powyżej 600.000 hektarów; 2) wprowadzenie szeregu odmian, których ocena odporności (w skali 1–9) przekracza 6, co w warunkach Polski w większości regionów wystarcza do ochrony roślin przed tym wirusem; 3) prawie zupełnego wyeliminowania PLRV z upraw sadzeniaków.

Wirus M ziemniaka występuje obecnie w Polsce w mniejszym nasileniu niż przed 30 laty (Zagórska i Chrzanowska, 2007). W odniesieniu do oceny zdrowotności roślin w produkcji sadzeniaków należy podkreślić, że objawy powodowane przez PVM są zaliczane do objawów słabych, nawet wtedy gdy są dobrze widoczne, a nawet silne, zbliżone do objawów powodowanych przez wirus Y ziemniaka. Trudności w rozróżnieniu tych

objawów są przyczyną niejednolitej oceny zdrowotności materiałów w produkcji nasiennej. Jak stwierdzono wcześniej, większość szczepów PVM znajdujących w Polsce należy do grupy słabych, a zatem częściej spotykane są w warunkach polowych objawy słabe niż silne. W ostatnich latach śladowe ilości roślin z PVM spotykano w 10% próbek materiałów nasiennych.

Wirus S ziemniaka ma stosunkowo małe znaczenie gospodarcze i dlatego nie prowadzi się oceny stopnia odporności ani oceny objawów chorobowych powodowanych przez ten wirus na odmianach nowo wprowadzanych do Krajowego Rejestru. W warunkach polowych PVS nie wywołuje wyraźnych objawów, które są ograniczone do rozjaśnienia zieleni, zdrobnienia górnych liści i słabego pofalowania brzegów blaszki liściowej. Wyraźne objawy wywoływane na niektórych odmianach w warunkach szklarniowych (wyższej temperatury i wilgotności niż to bywa w warunkach polowych) opisano w 1976 roku (Chrzanowska, 1976).

Wirus X ziemniaka w Polsce nie ma obecnie znaczenia w produkcji ziemniaka. Objawy powodowane przez PVX zaliczane są w produkcji nasiennej do objawów słabych. Ponieważ wirus ten przenosi się z rośliny na roślinę wyłącznie przez kontakt, łatwo jest uchronić uprawy ziemniaka przed infekcją wysadzając zdrowe sadzeniaki.

Wyniki oceny odporności na choroby wirusowe odmian ziemniaka (*Solanum tuberosum*) zamieszczane były w publikacjach Chrzanowskiej i Zagórskiej w latach 1982, 1988, 1996 na łamach Biuletynu Instytutu Ziemniaka. Ostatnia praca z tego cyklu opublikowana była w Biuletynie IHAR (Zagórska i in., 2000). Scharakteryzowano wówczas reakcję 93 odmian znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2000 roku. Od tego czasu, do 2010 r. nastąpiły duże zmiany w doborze odmian. Z 93 opisanych odmian skreślono 51, a wpisano 92 nowe odmiany i w efekcie w 2010 roku w Rejestrze znajdowały się 134 odmiany. Odporność i reakcję na wirusy 42 odmian oceniono wcześniej, a 92 odmiany charakteryzowano w latach 2001–2010.

Do 2004 roku oceniano odporność odmian na PVY, PLRV i PVM w warunkach polowych w skali 9-stopniowej, z przybliżeniem do pół stopnia, przy czym najniższa odporność pozwalająca na wpisanie odmiany do Krajowego Rejestru wynosiła 5. Obecnie ocenia się odporność w sposób uproszczony, co pozwala przypisać odporność w skali w następujących klasach: 8, 7, 5–6 i 3–4, przy czym ocenę 9 precyzuje się w dodatkowych badaniach szklarniowych i testach molekularnych. Nie ma również ograniczenia co do stopnia najniższej, dopuszczalnej odporności aby odmianę zarejestrować (Michalak, 2005).

Prezentowane opracowanie dotyczy opisu reakcji odmian ziemniaka na zakażenie wirusami. Oprócz ogólnego opisu objawów chorobowych wywoływanych na roślinach ziemniaka przez wymienione wirusy, zamieszczono tabele, w których scharakteryzowano reakcję poszczególnych odmian na wirusy, a także ich szczepy w warunkach szklarniowych i polowych. Wymieniono odmiany reagujące nekrozami na bulwach w przypadku porażenia roślin szczepem PVY^{NTN} powodującym chorobę potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD).

Niniejsza praca może być wykorzystana przez producentów ziemniaka do racjonalnego doboru odmian do uprawy, przez producentów sadzeniaków oraz inspekcję nasienną do doboru metod oceny zdrowotności roślin i sposobów postępowania w produkcji.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenia dotyczące oceny odporności i reakcji odmian ziemniaka na wirusy prowadzone były w latach 2001–2010 w Zakładzie Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka (ZGiMWZ) w Młochowie, w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowym Instytucie Badawczym.

Ocena polowa odporności odmian ziemniaka na PVY i PLRV

Przed wpisaniem odmian ziemniaka do Krajowego Rejestru na zlecenie COBORU, badana była odporność na PVY i PLRV w warunkach polowych i oceniana w skali dziewięciostopniowej (Michalak, 2005, 2006). Zdrowe rośliny ziemniaka (30 roślin na genotyp, w dwóch powtórzeniach, przez dwa lata) były rozmnażane w obsadzie infektorów PVY i PLRV, a procent porażonych roślin był oceniany w próbie oczkowej w szklarni.

Ocena odporności i reakcji roślin po zakażeniu wirusami: PVY, PLRV, PVX, PVM, PVS

W uzupełnieniu doświadczeń polowych rośliny były zakażane różnymi wirusami w warunkach szklarniowych w liczbie 10 roślin na genotyp, dwukrotnie, mechanicznie lub przez szczepienie (PVY, PVM, PVX, PVS), albo też przy użyciu mszyc (PLRV) wg metodyki przedstawionej w pracach: Chrzanowskiej (2001), Chrzanowskiej i Zagórskiej (2001).

Szczepy wirusów użyte do zakażeń są utrzymywane w kolekcji wirusów ziemniaka w ZGiMWZ w Młochowie (tab. 1).

Tabela 1

Izolaty wirusów używane do charakterystyki reakcji odmian ziemniaka
Virus isolates used to characterize the reaction of potato cultivars

Wirus Virus	Izolat lub szczep Isolate or strain	Pochodzenie izolatu* Origin of the isolate*	Charakterystyka izolatu/źródło Characteristics of the isolate/reference
PVY	PVY ^N Wi	Wilga	Słaby szczep nekrotyczny, pospolity w Polsce od 1986 r. (Chrzanowska, 1991) A mild necrotic strain, common in Poland since 1986
	PVY ^{NTN} 12/94	Z pola, odmiana nieznana From the field, cultivar unknown	Wyizolowany w Młochowie (Chrzanowska i Doroszeńska, 1997) Isolated at Młochów
	PVY ^O LW	Lipiński Wczesny	Szczep zwykły Ordinary strain
PLRV	L7	Osa	Silny szczep używany w Młochowie do inokulacji od 1970 r. (Syller, 1985) A severe strain being used at Młochów for inoculations since 1970
PVM	M	Uran	Silny szczep używany w Młochowie od 1970 r. (Chrzanowska i Zagórska, 1996) A severe strain being used at Młochów for inoculations since 1970
PVX	X ^O	Osa	Szczep zwykły — Ordinary strain
PVS	S	Leona	Szczep zwykły — Ordinary strain

* Odmiana ziemniaka, z której wirus był wyizolowany i utrzymywany w kolekcji wirusów w IHAR — PIB w Młochowie

* Potato cultivar from which the virus was isolated and maintained in the virus collection IHAR — PIB at Młochów

Wirusy są utrzymywane w odpowiednich roślinach ziemniaka, w których zostały zidentyfikowane. Do produkcji soku infekcyjnego używa się roślin tytoniu (*Nicotiana*

tabacum) odm. Samsun (PVY i PVX), ziemniaków odm. Osa (PLRV), roślin pomidora (*Lycopersicon esculentum*) odm. Najwcześniejszy (PVM) i roślin pomidora odm. Newski (PVS).

Do oceny nasilenia objawów chorobowych powodowanych przez wirus M ziemniaka używano silnego szczepu, ponieważ wynikało z wcześniejszych badań, że szczep słaby PVM wywołuje tylko słabe objawy chorobowe (Chrzanowska i Zagórska, 1996). Stosując do inokulacji roślin silny szczep PVM oceniono skłonność odmiany do silnych reakcji (Zagórska i Chrzanowska, 2007).

Ocena reakcji odmian ziemniaka na PVY

W celu oceny nasilenia objawów chorobowych stosuje się zakażanie roślin w warunkach szklarniowych. Sposób postępowania jest zgodny z opisanym w pracy Zagórskiej i in. (2000). Do oceny reakcji na najgroźniejszy obecnie wirus Y ziemniaka stosowano zakażanie roślin trzema szczepami tego wirusa (dwukrotnie po 10 roślin na genotyp/szczep). Od 2007 roku zrezygnowano z użycia starego szczepu PVY^N Ny, który nie był identyfikowany w ostatnich latach w uprawach ziemniaka. Szczep PVY^{NTN} wprowadzono do zakażeń w 1996 r. i służy on do wywołania reakcji nekrotycznej na bulwach pochodzących z roślin zakażanych (choroba PTNRD). Bulwy roślin zakażanych po zbiorze przechowywane są w temperaturze pokojowej do 4 miesięcy. W tym czasie objawy nekroz są obserwowane i opisywane.

Do testu serologicznego wykonywanego metodą ELISA stosowano przeciwciała z firmy Bioreba. Testy służą do stwierdzenia obecności wirusów PLRV, PVM, PVS i PVX w roślinach potomnych roślin inokulowanych. Dla wykrycia PVY stosuje się dwa rodzaje przeciwciał: PVY-mono cocktail (112911), które wykrywają różne szczepy PVY oraz PVY-necrotic (112712), które wykrywają szczepy nekrotyczne (PVY^N i PVY^{NTN}).

Większość odmian bada się co najmniej dwa lata. Stąd, dane nowo zarejestrowanych odmian nie są kompletne. Z braku sadzeniaków, zwłaszcza odmian zagranicznych, nie udało się ocenić kilkunastu odmian.

Molekularna identyfikacja obecności genów odporności na PVY, PVM, PVS

W wybranych odmianach przeprowadzono badania molekularne dla wykrycia obecności markerów sprzężonych z genami *Ry*, *Rm* lub *Ns* (Flis i in., 2005; Marczewski, 2001; Marczewski i in., 2006; Witek i in., 2006).

W badaniach molekularnych używano markerów osadzonych na mapie genetycznej ziemniaka dostępnej on-line <http://gabi.rzpd.de/database/maps.shtml>. Sekwencje markerów są umieszczone w światowej bazie danych informacji biotechnologicznej dla różnych organizmów żywych — NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). W tym doświadczeniu, z nie zakażanych roślin odmian wytypowanych na podstawie badań biologicznych, pobrano 100 mg próbki liści, aby wyizolować całkowite DNA dostępnymi komercyjnie zestawami firmy SIGMA. Otrzymane preparaty poddano reakcji PCR z użyciem *Taq* Polimerazy firmy Fermentas, a następnie uzyskane produkty potraktowano enzymami restrykcyjnymi specyficznymi dla danego markera. Do badania odmian wykorzystano markery: GP122₅₆₄ (trawiony *EcoRV*) silnie sprzężony z genem *Ry_{sto}*, GP250₅₁₀ (trawiony *XapI*) sprzężony z genem *Rm* oraz SC811_{322,132} (trawiony *BseGI*) połączony z genem *Ns*. Do obserwacji markerów w żelu

agarozytowym użyto zestawu do wizualizacji z wykorzystaniem światła UV. Wyniki uzyskane dla przebadanych markerami odmian zostały umieszczone w tabeli 2. Obecność markerów w DNA badanej rośliny świadczy o obecności genu ocenionego wcześniej metodami biologicznymi.

WYNIKI

Ocena odporności na PVY, PLRV i PVM, dokonana w warunkach polowych przed rejestracją zamieszczona jest w tabeli 2 dla wszystkich odmian. Scharakteryzowano reakcję na zakażenie poszczególnymi wirusami od 102 do 123 odmian z 134 znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku.

W odniesieniu do odmian badanych do 2000 roku, poprawiono oceny odporności na wirus Y ziemniaka (*Potato virus Y*, PVY) ze stopnia 8, który oznacza wysoką odporność polową na stopień 9, który oznacza krańcową odporność, niezależną od warunków zakażenia roślin odmian: Jasia, Kuba, Rumpel, Skawa i Umiak. Obniżono ocenę na PVY z 7,5 na 7 odmian Wiking i Zeus, a także odm. Zebra z 5 na 4. Obniżono również ocenę odporności na wirus liściozwoju ziemniaka trzech odmian: Bard, Molli i Satina z 7,5 na 7.

W warunkach polowych oceniano stopień odporności odmian ziemniaka na PVY i PLRV, a do roku 2004 także na wirus M ziemniaka (Michalak, 2006). W 2009 r. na wniosek COBORU (Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych) ujednolicono oznaczenie stopnia odporności np. 5,5 zastąpiono oznaczeniem 5–6, a 7,5 zastąpiono oceną 7, tylko ocena 8 wiąże się z brakiem porażenia roślin w warunkach polowych.

Odporność przejawiana w warunkach polowych, wyrażana w procencie porażonych roślin, oceniana była na tle dobrze znanych odmian wzorcowych. Jest ona wyrażana w skali 1–9, jednak ocena 9 jest przypisywana po uzupełnieniach badań w warunkach szklarniowych.

Odporność i reakcja odmian ziemniaka na PVY

Ocena odporności na PVY w warunkach polowych, uzupełniona badaniami w warunkach mechanicznej inokulacji roślin (123 odmiany) i szczepienia wybranymi izolatami wirusa oraz badaniami molekularnymi, wykazała, że 27 odmian zaliczono do krańcowo odpornych (ocena 9), 7 odmian do odpornych na infekcję w polu a reagujących nadwrażliwie (ocena 8, HR), 12 odmian do odpornych (ocena 8) ze słabą reakcją na infekcję (tab. 2). Ogółem 46 odmian ze 134 nie ulega zakażeniu PVY w polu, co stanowi 34% odmian znajdujących się w Krajowym Rejestrze. W grupie odmian wyhodowanych w Polsce udział wysoko odpornych wynosi 67%.

Reakcja na zakażenie badana była w warunkach inokulacji roślin trzema szczepami PVY. Objawy wahały się od słabej do silnej mozaiki, a także nekrotyzacji roślin. Podatność na trzy szczepy PVY wykazały 33 odmiany, natomiast zróżnicowaną reakcję: odporność na szczep PVY^o a podatność na PVY^{NW} i PVY^{NTN} aż 27 odmian. U 25 odmian stwierdzono na bulwach chorobę PTNRD po inokulacji roślin szczepem PVY^{NTN} (tab. 2).

Tabela 2

Odporność na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku
Resistance to the viruses of potato cultivars present on the National List in 2010

Lp. No	Odmiana Cultivar	Odporność na wirusy w skali 1–9 (9 krańcowo odporne) Resistance to viruses in 1–9 scale (9 extremal resistant):				
		PVY	PLRV	PVM	PVX	
1	2	3	4	5	6	
1.	Adam	3-4	PTNRD	5-6	-	9
2.	Agnes	5-6	PTNRD	7	-	S
3.	Albatros	8 HR		7	3	9
4.	Almera	3-4		3-4	-	-
5.	Altesse	3-4	PTNRD	3-4	-	-
6.	Ametyst	9 <i>Ry</i>		5-6	-	-
7.	Amora	4	PTNRD	6-7	3	S
8.	Andromeda	6-7	PTNRD	6	3-4	HR
9.	Annabelle	3-4		5-6	-	-
10.	Antoinet	3-4		3-4	-	-
11.	Arielle	3-4	PTNRD	5-6	-	S
12.	Aruba	8		5-6	-	S
13.	Asterix	5		3-4	2-3	S
14.	Augusta	5	PTNRD	8	3	S
15.	Bard	7	PTNRD	7	5	S
16.	Bartek	8		8	3	S
17.	Bellarosa	5-6		7	-	R
18.	Benek	8		7	-	S
19.	Berber	3-4		5-6	-	S
20.	Bila	7		6	4	S
21.	Bondeville	4-5		5	2	-
22.	Bosman	7		7	-	R
23.	Bryza	5	PTNRD	7	5	S
24.	Bursztyn	9 <i>Ry</i>		3-4	-	S
25.	Bzura	9 <i>Ry</i>		5	3-4	9
26.	Carrera	3-4		3-4	-	S
27.	Cecile	3-4		3-4	-	-
28.	Cedron	6-7		6-7	3	9
29.	Cekin	5	PTNRD	5-6	3	S
30.	Courage	3-4		5-6	-	-
31.	Courlan	3-4		5-6	-	S
32.	Cycloon	7		7	4-5	-
33.	Cyprian	5-6		5-6	-	S
34.	Dali	5-6		5-6	-	-
35.	Danuta	8		5-6	-	-
36.	Denar	7	PTNRD	7	4-5	S
37.	Ditta	5-6	PTNRD	7	4	9
38.	Elanda	5-6		5-6	-	S
39.	Etola	5-6		5-6	-	-
40.	Eugenia	9 <i>Ry</i>		5-6	8 <i>Rm</i>	9
41.	Ewelina	3-4		7	-	S
42.	Fianna	5	PTNRD	7	5	S
43.	Finezja	9 <i>Ry</i>		7	-	9
44.	Flaming	9 <i>Ry</i>		7	-	9
45.	Folva	4-5		5-6	3	9
46.	Fresco	5		5	4	S

c.d Tabela 2

1	2	3	4	5	6
47.	Gandawa	8	6-7	3	S
48.	Gawin	7	7	-	-
49.	Głada	7	5-6	3	R
50.	Gracja	7	6-7	3	S
51.	Gustaw	9 <i>Ry</i>	7	-	-
52.	Harpun	7	7	5	S
53.	Hinga	9 <i>Ry</i>	5-6	2	S
54.	Ibis	7	5	3-4	S
55.	Ikar	7	5-6	3-4	R
56.	Impala	4	6	2	S
57.	Ingrid	3-4	5-6	-	-
58.	Innovator	4	5-6	3	S
59.	Inwestor	7	5-6	-	9
60.	Irga	7	8	5	S
61.	Irys	5-6	4	3-4	S
62.	Jasia	9 <i>Ry</i>	7	4	9
63.	Jelly	5	5	-	S
64.	Justa	5-6	5-6	-	S
65.	Jutrzenka	8	5-6	-	-
66.	Karatop	6	7	4-5	S
67.	Karlina	6-7	7	4-5	9
68.	Korona	8 HR	6-7	8 <i>Rm</i>	9
69.	Krasa	4	6	5	HR
70.	Kuba	9 <i>Ry</i>	6-7	5	s
71.	Kuras	9 <i>Ry</i>	3-4	-	9
72.	Lady Claire	4	4	2	S
73.	Lady Florina	4-5	6	3	-
74.	Latona	5	6	4	9
75.	Legenda	9 <i>Ry</i>	5-6	-	-
76.	Lord	7	7	4	S
77.	Marlen	5-6	5-6	-	S
78.	Medea	7	5-6	7	S
79.	Meridian	5-6	7	-	S
80.	Michalina	7	3-4	-	-
81.	Milek	7	5-6	-	S
82.	Molli	7	7	4	S
83.	Monsun	7	6-7	4	S
84.	Neptun	8 HR	8	4	S
85.	Niagara	8 HR	5-6	-	S
86.	Nora	5-6	5	3	S
87.	Oman	5-6	5-6	-	S
88.	Orchestra	8	3-4	-	-
89.	Orlik	7	5	5	S
90.	Owacja	9 <i>Ry</i>	7	-	9
91.	Pasat	9 <i>Ry</i>	5	4	S
92.	Pasja Pom.	8	7	2	S
93.	Pirol	5	5	3-4	9
94.	Pokusa	7	5-6	-	9
95.	Promyk	8	5-6	-	R
96.	Quincy	3-4	3-4	-	-
97.	Raja	4-5	7	3	S
98.	Ramos	4	6	3	S
99.	Redstar	4	5	3	S
100.	Roko	9 <i>Ry</i>	5-6	-	S
101.	Romula	8 HR	7	4	S
102.	Rosalind	5-6	6	3-4	S

c. d. Tabela 2

1	2	3	4	5	6
103.	Roxana	7	5-6	-	9
104.	Rudawa	9	6-7	3-4	9
105.	Rumpel	9	6-7	3-4	9
106.	Ruta	6	5	5	S
107.	Sagitta	8	3-4	-	-
108.	Sante	9	6	3	9
109.	Satina	5	PTNRD	4	S
110.	Sekwana	8 HR	7	-	S
111.	Skawa	9 <i>Ry</i>	7	3	9
112.	Sonda	9 <i>Ry</i>	4	2	9
113.	Soplica	9 <i>Ry</i>	7	-	-
114.	Stasia	8	7	-	-
115.	Syrena	8 HR	5	3	S
116.	Ślęza	9 <i>Ry</i>	5	4	S
117.	Tajfun	7	7	2-3	9
118.	Tetyda	8	5-6	-	S
119.	Tucan	5-6	7	-	S
120.	Umiak	9 <i>Ry</i>	7	5	S
121.	Ursus	9 <i>Ry</i>	5-6	3	R
122.	Velox	4	5-6	2	S
123.	Veronie	3-4	5-6	-	-
124.	Victoria	4	5-6	4	S
125.	Vineta	7	PTNRD	4	R
126.	Vitara	7	6-7	2	S
127.	Viviana	5-6	5-6	-	-
128.	Wiarus	9 <i>Ry</i>	5-6	-	9
129.	Zagłoba	5-6	5-6	-	S
130.	Zebra	4	PTNRD	4	S
131.	Zenia	9 <i>Ry</i>	3-4	-	-
132.	Zeus	7	PTNRD	3	S
133.	Zuzanna	9 <i>Ry</i>	5-6	-	9
134.	Zagiel	6-7	PTNRD	3-4	HR

Objaśnienia: Explanations:

- nie badane, not tested

HR — nadwrażliwość, hypersensitivity

S — podatny, susceptible

R — stosunkowo odporny, relatively resistant

Ry obecność genu potwierdzona w badaniach molekularnych, marker GP122

The gene *Ry* detected in molecular way, marker GP 122

Rm obecność genu nadwrażliwości na PVM potwierdzona w badaniach molekularnych (D. Milczarek)

The gene *Rm* of hypersensitivity to PVM detected in molecular way (D. Milczarek)

PTNRD nekrozy na bulwach wywołane przez PVY^{NTN}; PTNRD necroses on tubers caused by PVY^{NTN}

Odmiany, które nie podległy infekcji po szczepieniu roślin, wykazały w większości obecność genu *Ry*, stwierdzoną molekularnie, co zaznaczono w tabeli 2. Trzy odmiany skrajnie odporne Rudawa, Rumpel i Sante nie wykazały obecności markera genu *Ry*.

Odporność i reakcja odmian ziemniaka na PLRV

Oceniono odporność i reakcję na PLRV 114 odmian ziemniaka (tab. 2 i 3). Do najodporniejszych należy 8 odmian z oceną 8, u których nie występuje zakażenie roślin w polu oraz 27 odmian z oceną 7, których odporność jest wystarczająca do ochrony upraw przed degeneracją z powodu wirusa liściozwoju w warunkach Polski.

Tabela 3

Reakcja 114 odmian ziemniaka na wirus liściozwoju ziemniaka (PLRV)
Reaction of 114 potato cultivars to PLRV

Odporność* Resistance* (1-9)	Nasilenie objawów wtórnych roślin zakażonych PLRV Severity of secondary symptoms caused by PLRV				
	słabe — mild		średnie — moderate		silne — severe
8				Augusta**	Meridian**
				Bartek**	Neptun**
				Bellarosa**	Vineta**
				Irga**	Żagiel**
7	Bard	Jasia	Finezja	Agnes**	
	Benek	Karlina	Harpun	Albatros**	
	Bosman	Lord	Molli	Bryza**	
	Denar	Romula	Owacja	Karatop	
	Ditta	Satina	Pasja Pom.	Tucan	
	Ewelina	Sekwana	Raja	Umiak**	
	Fianna	Skawa	Tajfun		
	Flaming				
6 – 6-7	Amora	Krasa	Andromeda	Vitara	
	Bila	Kuba	Impala		
	Cedron	Ramos	Monsun		
	Gandawa	Rosalind	Rudawa		
	Gracja	Rumpel			
	Korona	Sante			
5 – 5-6	Adam	Niagara	Berber	Ruta	Folva
	Arielle	Oman	Bzura	Syrena	Fresco
	Aruba	Pasat	Courage	Ślęza	Ibis**
	Cekin	Pirol	Dali	Zeus	Milek
	Courlan	Redstar	Elanda	Zuzanna	Roko
	Cyprian	Roxana	Głada		
	Danuta	Tetyda	Ikar		
	Eugenia	Ursus	Innovator		
	Hinga	Velox	Justa		
	Inwestor	Victoria	Nora		
	Jelly	Wiarus	Orlik		
	Marlen	Zebra	Pokusa		
	Medea	Zagłoba	Promyk		
4	Antoinet		Annabelle	Almera	
	Cecile		Asterix	Carrera	
	Sagitta		Irys	Kuras	
	Sonda		Orchestra		
			Quincy		
		57	34	23	

* Ocena odporności w warunkach polowych; Evaluation of resistance under field conditions

** Nietolerancja; Intolerance

Niektóre z odmian odpornych w polu ulegają infekcji w warunkach wysokiej temperatury a wszystkie po szczepieniu roślin pędami roślin ziemniaka zainfekowanych PLRV. W takich warunkach można ocenić reakcję nietolerancji roślin na PLRV, opisaną w publikacji Zagórskiej i in. (2000). Wśród odmian podatnych na infekcję tylko odm. Ibis może wykazywać reakcję nietolerancji na wirus liściozwoju, co w warunkach polowych przejawia się niekiełkowaniem sadzeniaków lub silnie skarłatymi roślinami. Objawy wywołwane przez PLRV na odmianach podatnych mogą być słabe, typu rozjaśnienie zieleni, lekka sztywność liści, zmniejszenie bujności roślin, albo też silne — zwijanie liści,

zahamowanie wzrostu. Infekcja PLRV może powodować zmniejszenie plonu bulw do ponad 50%.

Odporność i reakcja odmian ziemniaka na PVM

Wirus M ziemniaka wywołuje objawy o różnym nasileniu od przejaśnienia nerwów i pomarszczenia górnych liści do silnej deformacji i znekrotyzowania roślin. Najlepszym wskaźnikiem porażenia roślin przez PVM jest widoczne pod światło rozjaśnienie nerwów na liściach górnych.

Oceniono reakcję na PVM 102 odmian ziemniaka na podstawie objawów wtórnych, na roślinach, które wyrosły z bulw roślin zakażanych mechanicznie silnym szczepem wirusa M (tab. 4).

Tabela 4

Tablica 1

Reakcja 102 odmian ziemniaka inokulowanych silnym szczepem PVM				
Reaction of 102 potato cultivars inoculated with severe strain of PVM				
Nasilenie objawów chorobowych po inokulacji roślin silnym szczepem PVM				
Severity of disease symptoms on plants after inoculation with severe strain of PVM				
słabe mild		średnie moderate	średnie do silnych - moderate to severe	silne i bardzo silne - severe or very severe
Odm/cvs: Ametyst, Eugenia, Finezja i Korona odporne na PVM posiadają gen <i>Rm</i>				
Adam	Ślęza	Amora	Carrera	Almera
Agnes	Tucan	Asterix	Elanda	Andromeda
Albatros	Umiak	Bila	Hinga	Arielle
Aruba	Velox	Bryza	Ikar	Augusta
Bellarosa	Zagłoba	Bzura	Niagara	Bard
Benek	Zebra	Cyprian	Pokusa	Bartek
Bosman	Zeus	Ewelina	Roko	Cedron
Cekin	Zuzanna	Flaming	Vitara	Harpun
Denar		Gandawa	Żagiel	Innovator
Fianna		Gracja		Justa
Folva		Impala		Krasa
Głada		Jelly		Kuras
Ibis		Kuba		Marlen
Inwestor		Lady Claire		Molli
Irga		Medea		Pirol
Irys		Meridian		Promyk
Jasia		Monsun		Ramos
Karatop		Oman		Redstar
Lord		Orlik		Rumpel
Milek		Owacja		Syrena
Neptun		Pasat		Tajfun
Nora		Pasja Pomorska		Victoria
Raja		Rosalind		Vineta
Romula		Rudawa		
Roxana		Satina		
Ruta		Sonda		
Sante		Tetyda		
Sekwana		Ursus		
Skawa		Wiarus		
37		29	9	23

Odmiany umieszczone w rubryce: „ślabe” — wykazują ślabe objawy chorobowe niezależnie od szczepu PVM, którym są porażone. Natomiast odmiany ocenione jako

reagujące silnie, w rzeczywistości mogą reagować różnie, słabo lub silnie w zależności od szczepu PVM i warunków zewnętrznych.

Odporność na PVM w odmianach ziemniaka jest rzadka, obecność genu *Rm* związanego z odpornością wykryto w czterech odmianach: Ametyst, Eugenia, Finezja i Korona (D. Milczarek, inf. ustna).

Odporność i reakcja odmian ziemniaka na PVX

Oceniono reakcję 107 odmian ziemniaka na zakażenie wirusem X ziemniaka. Większość odmian (70 ze 107) łatwo ulegała zakażeniu tym wirusem. Stwierdzono, że 27 odmian wykazało krańcową odporność (ocena 9), trzy odporność opartą na reakcji nadwrażliwości (HR), 7 odmian odporność na infekcję (R) po zakażeniu mechanicznym sokiem rośliny źródłowej z PVX ziemniaka (tab. 2). Odmiany podatne na infekcję PVX (S) reagowały mozaiką na liściach w różnym nasileniu, często z odcieniem jasnozielonym. Na roślinach porażonych PVX u niektórych odmian można było zaobserwować także występowanie brunatnych drobnych nekroz, jak np. w odm. Bryza, Tetyda, Zagłoba czy Zebra. Jedynie odmiany reagujące nadwrażliwie mogą wykazywać silniejsze nekrozy i deformację liści, ale odmiany te zaliczane są do odpornych w warunkach polowych (np. Andromeda, Krasa, Żagiel).

Odporność i reakcja odmian ziemniaka na PVS

Rośliny zakażone PVS nie wykazywały wyraźnych objawów chorobowych, natomiast wyraźne objawy zaobserwowano jedynie u odmian Jasia i Kuba na roślinach rosnących w próbach oczkowych w szklarni.

Z odmian znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku pobierano próby bulw z materiałów sadzeniowych i wyrosłe z nich rośliny testowano na obecność wirusa S ziemniaka. Większość odmian wykazała podatność na PVS. W ostatnich latach stwierdzono, że odmiany Sonda, Syrena, Ślęza i Tajfun wolne od PVS w uprawach polowych, po inokulacji roślin w szklarni nie podległy zakażeniu. W odmianach tych jednakże nie znaleziono markera sprzężonego z genem *Ns*.

DYSKUSJA I WNIOSKI

Odporność w stopniu 9 na **PVY** jest odpornością krańcową niezależną od warunków prowadzenia roślin, szczepu wirusa użytego do zakażeń i metody zakażenia (inokulacja mechaniczna lub szczepienie roślin zainfekowanymi pędami roślin źródłowych, np. tytoniu).

W przeprowadzonych badaniach odmiany krańcowo odporne na PVY nie uległy zakażeniu żadnym z trzech szczepów użytych do inokulacji. Obecność genu *Ry* zbadana przy użyciu markera GP122 zaznaczona jest w tabeli 2. Ciekawym obiektem jest odmiana Sante, która jest krańcowo odporna na PVY, a nie posiada sekwencji markera GP122564 połączonego z genem *Ry_{sto}*. W wyniku analizy dostępnego pochodzenia tej odmiany w bazie pochodzeń Wageningen, <http://www.plantbreeding.wur.nl/potatopedigree/>, obserwuje się syntezę kilku genotypów odpornych pochodzących z dzikich gatunków *Solanum*, tj. *S. demissum*, *S. stoloniferum*, *S. andigena* i *S. phureja*. Brak oczekiwanego markera

może wskazywać na połączenie w tej odmianie różnych genów warunkujących krańcową odporność na PVY, lub brak markera sprzężonego z genem *Ry_{sto}* w wyniku rekombinacji.

Ocena charakteru i nasilenia objawów chorobowych u odmian podatnych na infekcję jest trudna, gdyż zależy od szczepu wirusa i warunków zewnętrznych. Objawy są kilkakrotnie opisywane w roku inokulacji a także na roślinach wtórnie porażonych z bulw roślin inokulowanych. Można powiedzieć, że szczep PVY^{NW} powoduje na ogół objawy słabe, mozaikę, słabą deformację i kruchość liści, a szczep silny PVY^{NTN} — objawy silne, mozaikę liczne nekrozy na liściach i łodygach, żółknięcie liści i przedwczesne obumieranie roślin. U 25 odmian obserwowano na bulwach objawy choroby PTNRD po zakażeniu roślin tym ostatnim szczepem. Ponadto wiadomo, że kilka odmian uprawianych w Polsce dla celów przetwórczych reaguje na PVY^{NTN} wyraźnymi nekrozami na bulwach np. Erntestolz, Hermes, Saturna.

Badane odmiany ziemniaka oceniane w warunkach polowych wykazują odporność w stopniach od 3–4 do 9. Średnia odporność polskich odmian występujących w Krajowym Rejestrze utrzymywała się na podobnym poziomie 7,4 w latach 2000 i 2010, a zagranicznych obniżyła się odpowiednio z 5,97 do 5,25. Wcześniej rejonizowano odmiany o odporności nie niższej niż w stopniu 5. Odmiany ziemniaka o niższej odporności powodują szereg problemów w nasiennictwie i produkcji (Chrzanowska i Michalak, 2006). W 2001 roku po raz pierwszy zrejonizowano odmianę zagraniczną o odporności w stopniu 4. Liczba odmian podatnych na PVY w 2010 r. wyniosła ponad 70% odmian zagranicznych i tylko dwie odmiany polskie.

Wirus Y ziemniaka jest rozpowszechniony w uprawach wielu odmian ziemniaka i tytoniu. Najczęściej w Polsce występuje szczep PVY^{NW}, słaby dla ziemniaka oraz PVY^{NTN} bardzo silny, który może spowodować wystąpienie nekroz na bulwach (Chrzanowska i Doroszevska, 1997; Chrzanowska i in., 2000; Yin i in., 2011). Szczep zwykły PVY^o jest obecnie „w odwrocie” i w Polsce występuje śladowo, zwłaszcza, że był on używany do selekcji rodów hodowlanych i większość polskich odmian wykazuje odporność na ten szczep. Uszeregowanie pod względem stopnia odporności na szczepy PVY^{NW} i PVY^{NTN} jest podobne (Zagórska i in., 2000). Silny szczep PVY^{NTN} wykryty był w Polsce w 1994 r. i jeszcze w 2000 roku nie był powszechnie wykrywany. Dopiero w ostatnich latach nastąpiło znaczące zwiększenie porażenia tym szczepem ziemniaków w produkcji (Chrzanowska, 2004).

Średnia odporność na **wirus liściozwoju ziemniaka** (PLRV) odmian polskich i zagranicznych jest zbliżona i wynosi odpowiednio 6,0 i 5,7.

Podatna na infekcję odmiana Ibis (ocena 5) wykazuje reakcję nietolerancji i dlatego odmiany tej nie należy uprawiać w rejonie zagrożenia PLRV, gdzie ocieplenie zaczyna się wczesną wiosną i występują okresy gorąca i suszy. Zakażenie może następować wcześniej i w dużym nasileniu, a rośliny reagują wówczas silnie co powoduje znaczne obniżenie plonu bulw.

Odmiany ziemniaka uprawiane w Polsce przeważnie nie są odporne na wirus M ziemniaka. Wyjątek stanowią cztery odmiany: Ametyst, Eugenia, Finezja i Korona pochodzące od materiałów wyjściowych wytworzonych w IHAR — PIB ZGiMWZ w Młochowie. Obecność genu *Rm* wykryto w tych odmianach na podstawie nekrotycznej

reakcji roślin szczepionych infekcyjnymi pędami pomidora i po zastosowaniu markera w badaniach molekularnych (Marczewski i in., 2006; Zagórska i Chrzanowska, 2007; Milczarek, inf. ustna).

Poziom odporności odmian ziemniaka na wirus M ziemniaka jest niski (w skali 1–9 oceniony jest na 2 do 5). Tylko odmiany odporne, z genem *Rm*, na ogół nie podlegają infekcji. Pojedyncze rośliny zakażone PVM obumierają przedwcześnie (typowa reakcja nadwrażliwości), bulwy roślin szczepionych wykazują suche nekrozy wewnątrz miąższu (Miętkiewska, 1994). Odporności związanej z genem *Gm* prawdopodobnie jeszcze w odmianach nie ma, została ona wprowadzona do rodów hodowlanych w ZGiMWZ IHAR — PIB i przekazana hodowli w materiałach wyjściowych (Chrzanowska i in., 2002).

Przed wielu laty wyeliminowano wirus X ziemniaka z materiałów nasiennych, dlatego trafia się on w uprawach ziemniaków w Polsce rzadko. Jest łatwo wykrywany za pomocą testu serologicznego ELISA. Należy podkreślić, że 37 odmian wykazuje wysoką odporność na PVX pochodzącą głównie z materiałów wyjściowych do hodowli. Jeżeli rośliny były odporne w warunkach szklarniowych po inokulacji mechanicznej i po wprowadzeniu wirusa przez szczepienie, wpisano do tabeli ocenę 9.

W 1998 r. zidentyfikowano w IHAR — PIB ZGiMWZ w Młochowie markery RAPD związane z genem *Ns* warunkującym nadwrażliwość na wirus S ziemniaka (Marczewski, 2001; Marczewski in., 2002). Stwierdzono, że odmiany Barycz, Klepa, Meduza, Neptun i Omulew były odporne na PVS. Zakażane metodą szczepienia reagowały nekrozami na odrostach, co mogło świadczyć o obecności w nich genu odporności *Ns* (Zagórska i in., 2000). W badaniach molekularnych potwierdzono obecność genu *Ns* w tych odmianach (Witek i in., 2006). Obecnie z tej grupy pozostała tylko odmiana Neptun. Z innych badań wynika, że marker SC811 może być fałszywie pozytywnym markerem genu *Ns* (Szajko i in., 2008). W czterech odmianach, które nie uległy zakażeniu PVS, a które pochodzą od materiałów wyjściowych przygotowywanych dla hodowli w ZGiMWZ w Młochowie, nie wykryto obecności genu *Ns*. Wymaga to wyjaśnienia w dalszych badaniach.

Wirus S ziemniaka uznawany jest za „wirus słaby”, wywołujący słabe objawy chorobowe i nieznaczne obniżenie plonu bulw. W Polsce uprawia się odmiany ziemniaka podatne na infekcję PVS. W produkcji sadzeniaków spotyka się odmiany porażone w 50% do 100% roślin (Chrzanowska i Zagórska, 2005). Z pracy tej wynika również, że do tej pory nie znaleziono w Polsce silnego szczepu andyjskiego PVS^A, który jest obiektem kwarantannowym. Czescy badacze testowali molekularnie 40 izolatów PVS i stwierdzili, że wszystkie izolaty europejskie należą do szczepu PVS^o (inf. ustna). Z uwagi na małe znaczenie gospodarcze nie podejmuje się działań ograniczających występowanie tego wirusa.

PODSUMOWANIE

Jeszcze w 1988 roku odporność odmian ziemniaka na wirusy PVY, PLRV i PVM była stosunkowo niska. Średnia odporność 55 odmian wynosiła 6,4 na PVY, 5,9 na PLRV i 3,8 na PVM. Natomiast w 2010 roku średnia odporność na PVY odmian polskich wzrosła do 7,5. Pierwsze odmiany krańcowo odporne na PVY wyhodowane zostały w Instytucie

Ziemniaka (Młochów, Stare Olesno) w latach osiemdziesiątych ub. wieku. Dziś mamy 23 takie odmiany krajowe na 73 znajdujące się w Krajowym Rejestrze, natomiast rejestrowane w Polsce odmiany zagraniczne w 70% są podatne na PVY.

Odporność na PLRV jest podobna w polskich i zagranicznych odmianach i wynosi średnio 6,0. Odporność taka przeważnie zabezpiecza uprawy ziemniaka przed szerzeniem się wirusa liściozwoju. Kilkanaście odmian wykazuje wysoką odporność polową.

Wirusy PVM i PVS zaliczane są do grupy wirusów słabych, a PVX występuje rzadko. Wieloletnia praca nad wyhodowaniem ziemniaków odpornych na wirusy i praca nad utrzymywaniem w zdrowotności materiałów nasiennych wydatnie poprawiła zdrowotność ziemniaków w uprawach, z wyjątkiem podatnych na PVY odmian pochodzenia zagranicznego.

LITERATURA

- Chrzanowska M. 1976. Objawy powodowane przez wirus S ziemniaka (PVS) na roślinach ziemniaka prowadzonych w szklarni. Komunikat. Biul. Inst. Ziemn. 18: 65 — 69.
- Chrzanowska M., Zagórska H. 1982. Reakcja na wirusy odmian ziemniaka zrejjonizowanych w Polsce do 1979 roku. Biul. Inst. Ziemn. 27: 85 — 94.
- Chrzanowska M., Zagórska H. 1988. Reakcja na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w Rejestrze w 1988 r. Biul. Inst. Ziemn. 38: 21 — 32.
- Chrzanowska M. 1991. New isolates of the necrotic strain of potato virus Y (PVY^N) found recently in Poland. Potato Res. 34: 179 — 182.
- Chrzanowska M., Zagórska H. 1996. Reakcja polskich odmian ziemniaka na silny szczep wirusa M po sztucznej inokulacji roślin. Biul. Inst. Ziemn. 46: 17 — 27.
- Chrzanowska M., Doroszevska T. 1997. Comparison between PVY isolates obtained from potato and tobacco plants grown in Poland. Phytopath. Polonica 13: 63 — 71.
- Chrzanowska M. 2000. Krańcowa odporność na wirusy Y i X ziemniaka oraz polowa odporność na wirus S ziemniaka w polskich odmianach ziemniaka. Biul. IHAR, 214: 231 — 238.
- Chrzanowska M., Doroszevska T., Zagórska H. 2000. Zróżnicowanie izolatów wirusa Y ziemniaka w zależności od kryterium oceny Acta Agrobotanica 55, z.1: 59 — 67.
- Chrzanowska M. 2001. Ocena odporności i reakcji rodów oraz odmian ziemniaka na szczepy wirusa Y ziemniaka (PVY). Monografie i rozprawy naukowe IHAR Radzików 10: 41 — 44.
- Chrzanowska M., Zagórska H. 2001. Evaluation of resistance and reaction of potato cultivars and breeders selections to *Potato virus M* (PVM) strains. Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR Radzików 10a: 43 — 46.
- Chrzanowska M., Sieczka T., Zagórska H. 2002. Resistance to PVM in potato parental lines bred in Młochów Research Center, IHAR. Plant Breeding and Seed Science 46, 2: 57 — 65.
- Chrzanowska M. 2004. Nasilenie w występowaniu chorób wirusowych ziemniaka. Ochrona Roślin. 7/8: 25 — 28.
- Chrzanowska M., Zagórska H. 2005. Izolaty wirusa S w materiałach nasiennych odmian ziemniaka uprawianych w Polsce. Ziemniak Polski 4: 7 — 10.
- Chrzanowska M., Michałak K. 2006. Średnia odporność odmian na wirus Y w produkcji ziemniaków w Polsce to za mało. Ziemniak Polski 1: 63 — 71.
- Flis B., Hennig J., Strzelczyk-Żyta D., Gebhardt C., Marczewski W. 2005. The *Ry-f_{sto}* gene from *Solanum stoloniferum* for extreme resistant to *Potato virus Y* maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122718 in PVY resistant potato cultivars. Molecular Breeding 15: 95 — 101.
- Kostiwn M., Robak B. 2009. Ocena zagrożenia plantacji nasiennych ziemniaka przez wirusy Y i liściozwoju w 2009 roku. Ziemniak Polski 4: 4 — 10.

- Marczewski W. 2001. Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for the *Ns* resistance gene in potato (*Solanum tuberosum* L.). J. Appl. Genet. 42 (2): 139 — 144.
- Marczewski W., Hennig J., Gerbhardt C. 2002. The *Potato virus S* resistance gene *Ns* maps to potato chromosome VIII. Theor. Appl. Genet. 105: 564 — 567.
- Marczewski W., Strzelczyk-Żyta D., Hennig J., Witek K., Gebhardt C. 2006. Potato chromosomes IX and XI carry genes for resistance to potato virus M. Theor. Appl. Genet. 112: 1232 — 1238.
- Michalak K. 2005. Uproszczony system oceny odporności ziemniaka na wirusy w doświadczeniach przedrejestrach. Mat z Konf. Nauk. „Nasiennictwo i ochrona ziemniaka” 10–11 marca 2005 r., Kołobrzeg: 78 — 80.
- Michalak K. 2006. Ocena odporności odmian ziemniaka na wirusy w doświadczeniach przedrejestrach. Progress in Plant Protection / Postępy w Ochronie Roślin, 46 (2): 715 — 718.
- Miętkiewska E. 1994. Reaction of potato clones with different type of resistance to potato virus M (PVM). Phytopath. Polonica 8: 27 — 33.
- Syller J. 1985. Comparison of some isolates of potato leaf roll virus in Poland Phytopath. Z., 113: 17 — 23.
- Szajko K., Chrzanowska M., Strzelczyk Żyta D., Zagórska H., Marczewski W. 2008. Endonuclease restriction of SCAR amplicons SC811 is required to identify *Ns*-false-positive markers in PVS susceptible potato cultivars. J. Appl. Genet. 49 (1): 45 — 47.
- Witek K., Strzelczyk-Żyta D., Hennig J., Marczewski W. 2006. A multiplex PCR approach to simultaneously genotype potato towards the resistance alleles *R_y-f_{sto}* and *Ns*. Mol Breeding 18: 273 — 275.
- Yin Z., Michalak K., Chrzanowska M., Zimnoch-Guzowska E. 2011. Monitoring wirusów ziemniaka: PVY i TRV w latach 2008–2009 w Polsce. Nauka dla hodowli i nasiennictwa roślin uprawnych. Mat. Konf. Zakopane 7–11 lutego, 2011: 37.
- Zagórska H., Chrzanowska M., Pietrak J. 2000. Reakcja na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w krajowym Rejestrze Odmian w 2000 roku. Biul. IHAR 215: 293 — 304.
- Zagórska H., Chrzanowska M. 2007. Analiza wyników badań z lat 1973–2005 nad reakcją odmian ziemniaka na wirus M ziemniaka. Biul. IHAR 243: 227 — 234.

PODZIĘKOWANIE

Autorzy dziękują mgr Dorocie Milczarek za wykonanie badań molekularnych obecności genu Rm w odmianach ziemniaka odpornych na PVM.

MARCIN PRACZYK¹**JAN BOCIANOWSKI**²**GRAŻYNA SILSKA**¹¹ Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

Analiza genetyczna mieszańców pokolenia F₁ lnu włóknistego pod względem zawartości włókna

Genetic analysis of fiber content in fibrous flax F₁ hybrids

Zawartość włókna jest jedną z najważniejszych cech użytkowych włóknistych form lnu. Proces formowania włókna w łodydze jest w dużym stopniu zależny od warunków klimatycznych oraz stosowanej agrotechniki. Wyniki prowadzonych badań wskazują również na małą zmienność tej cechy, co powoduje trudności w procesie hodowli nowych odmian lnu włóknistego. Celem pracy była analiza 10 genotypów lnu włóknistego (czterech odmian rodzicielskich i sześciu mieszańców pokolenia F₁) pod względem zawartości włókna. Mieszańce otrzymano w wyniku krzyżowania odmian wyjściowych w układzie diallelicznym. Przeprowadzona analiza obejmowała: ocenę ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) odmian rodzicielskich, ocenę specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) mieszańców, ocenę efektu heterozji mieszańców i określenie odziedziczalności zawartości włókna. Doświadczenie przeprowadzono w hali wegetacyjnej, w czterech powtórzeniach. Pomiarów biometrycznych wykonano na 30 roślinach z każdego powtórzenia. Obliczenia statystyczne wykonano przy użyciu programu DGH 2.

Słowa kluczowe: analiza genetyczna, len, zawartość włókna

Fiber content is one of the most important traits for fibrous flax. Climatic conditions and agricultural measures have a large influence for fiber formation process. Results of the conducted investigations show low variability of this trait, which causes difficulties in breeding of new flax varieties. The aim of the presented research was fiber content analysis in 10 fiber flax genotypes (four parental varieties and six F₁ hybrids). The tested hybrids have been received as a result of diallelic crossing. General combining ability of varieties, specific combining ability of hybrids, heterosis and fiber content heritability were evaluated. The experiment was conducted in greenhouse, in four replications. Measurements were performed on 30 plants from each replication. Statistical analysis was performed by the DGH 2 program.

Key words: flax, fiber content, genetic analysis

WSTĘP

Zawartość włókna jest podstawową cechą decydującą o wartości odmian lnu włóknistego. Włókno lniane charakteryzuje się wysokimi właściwościami prozdrowotnymi, ze względu na dużą higroskopijność, przewiewność oraz brak skłonności do gromadzenia ładunków elektrostatycznych (Andruszewska i in., 2006). Zmienność oraz różnicowanie genotypów lnu pod względem zawartości włókna są niewielkie, większe jednak niż w przypadku innych cech użytkowych. Hodowla w kierunku zwiększenia zawartości włókna w odmianach lnu wymaga kojarzenia ze sobą form odległych genetycznie. (Bacelis, 2001; Karpets i in., 2000). Szczegółowa analiza genetyczna umożliwia wybór odpowiednich form rodzicielskich w cyklu hodowlanym oraz selekcję mieszańców o wysokiej zawartości włókna. Celem badań była ocena wpływu czynników genetycznych na proces formowania włókna lnianego, określenie zdolności kombinacyjnych form rodzicielskich oraz ocena efektu heterozji mieszańców pokolenia F₁ pod względem ogólnej zawartości włókna w łodygach.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy obejmował cztery odmiany rodzicielskie i sześć mieszańców pokolenia F₁ lnu włóknistego (tab. 1). Odmiany rodzicielskie wyselekcjonowano z genotypów kolekcji krajowej lnu, na podstawie analizy ich zróżnicowania pod względem najważniejszych cech użytkowych (odległości Mahalanobisa). Mieszańce otrzymano w wyniku krzyżowania form rodzicielskich w układzie diallelicznym (typ 2 Griffinga).

Tabela 1

Badane genotypy lnu włóknistego
Fiber flax genotypes selected for research

Lp. No.	Genotypy Genotypes
1	Atena
2	Vega
3	Escalina
4	Martta
5	Atena × Vega
6	Atena × Escalina
7	Atena × Martta
8	Vega × Escalina
9	Vega × Martta
10	Escalina × Martta

Doświadczenie wazonowe prowadzono w hali wegetacyjnej, w Zakładzie Doświadczalnym Instytutu Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Pętkowie (województwo wielkopolskie), w 2009 roku. Badane genotypy lnu wysiano w czterech powtórzeniach (cztery wazon), metodą kompletnej randomizacji, wysiewając 40 nasion w każdym wazonie.

Zawartość włókna w łodygach określono według normy PN-91/P-04684, stosując rośnienie biologiczne. Pomiar wykonywano na próbce 30 roślin z każdego wazonu

(powtórzenia). Włókno z łodyg wydobywano ręcznie w kąpeli wodnej, suszono i pozba-
wiono paździerzy. Oczyszczone w ten sposób włókno ważono i określano jego procentową
zawartość. Analiza genetyczna dla zawartości włókna obejmowała:

- określenie ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) odmian rodzicielskich,
- określenie specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) form rodzicielskich
tworzących mieszańce pokolenia F_1 ,
- określenie efektu heterozji mieszańców pokolenia F_1 względem lepszego z rodziców,
- określenie odziedziczalności cechy w sensie szerokim i wąskim.

Obliczenia statystyczne wykonano przy użyciu programu DGH 2 (Kala i in., 1996).

WYNIKI

W tabeli 2 przedstawiono wyniki zawartości włókna czterech odmian rodzicielskich i
sześciu mieszańców pokolenia F_1 . Badane genotypy Inu charakteryzowały się niską
zawartością włókna w łodygach. Najwyższą zawartość obserwowano dla odmian Escalina
(23,5%) i Atena (22,6%), natomiast najniższą dla mieszańców Vega $\times$ Escalina oraz Vega
 $\times$ Martta (16,8%). Średnia wartość cechy wynosiła 20,9%, w tym dla odmian rodzicielskich
21,6%, a dla mieszańców 20,3%. W otrzymanych mieszańcach, najwyższą zawartość
włókna stwierdzono w przypadkach, gdy formę mateczną stanowiły odmiany o najwyższej
zawartości włókna (Escalina oraz Atena). Różnice pomiędzy badanymi genotypami nie
były istotne statystycznie (tab. 2).

Tabela 2

**Procentowa zawartość włókna czterech odmian rodzicielskich i sześciu mieszańców pokolenia F_1
(Pętkowo 2009)**

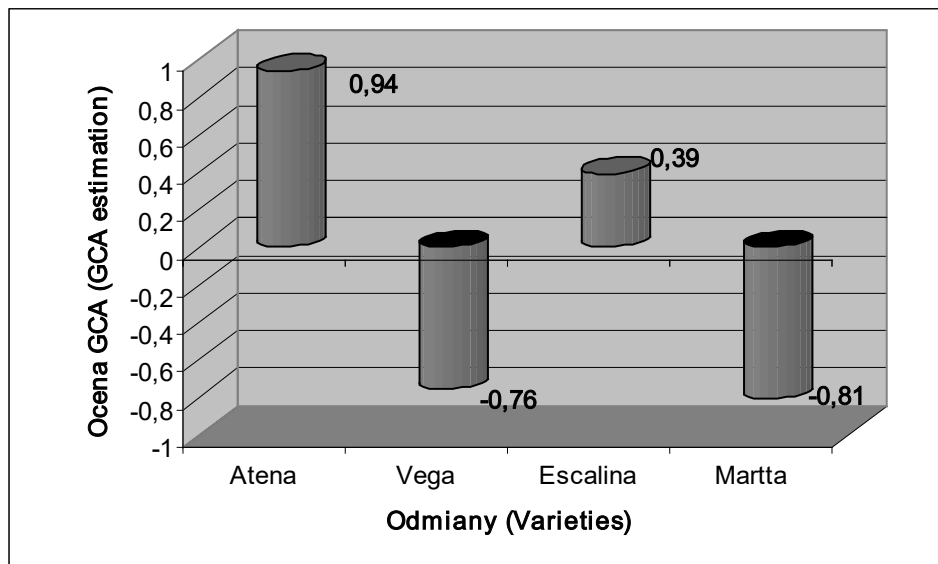
Percentage of fiber content of four parental varieties and six F_1 hybrids of flax

Lp. No.	Genotyp Genotype	Zawartość włókna (%) Fiber content (%)
1	Atena	22,6
2	Vega	20,8
3	Escalina	23,5
4	Martta	19,6
5	Atena $\times$ Vega	24,2
6	Atena $\times$ Escalina	19,6
7	Atena $\times$ Martta	21,9
8	Vega $\times$ Escalina	16,8
9	Vega $\times$ Martta	16,8
10	Escalina $\times$ Martta	22,7
NIR _{0,05}		0,95
LSD _{0,05}		

W doświadczeniu obserwowano niskie wartości ogólnej zdolności kombinacyjnej
odmian rodzicielskich (rys. 1). Dodatnimi wartościami GCA charakteryzowały się
odmiany Atena (0,94) oraz Escalina (0,39). W przypadku odmian Vega i Martta
obserwowano ujemne wartości GCA, odpowiednio: -0,76 i -0,81 (rys. 1).

Mieszańce pokolenia F_1 , pod względem zawartości włókna, wykazywały w większości
ujemne wartości specyficznej zdolności kombinacyjnej. Najniższą wartość SCA

obserwowano w przypadku mieszańca Atena × Escalina (-2,8). Dodatnią wartość stwierdzono u mieszańca Atena × Vega (4,2). W przypadku mieszańców: Atena × Vega, Atena × Escalina, Vega × Escalina i Vega × Martta, wartości SCA były istotne statystycznie.



Rys. 1. Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej czterech odmian rodzicielskich lnu, pod względem zawartości włókna (Pętkowo 2009)

Fig. 1. Fiber content general combining ability of four parental flax varieties

Nie obserwowano istotnych statystycznie, dodatnich wartości efektu heterozji mieszańców względem lepszej z odmian rodzicielskich, pod względem zawartości włókna. Istotne były natomiast wartości ujemne u trzech analizowanych mieszańców (Atena × Escalina, Vega × Escalina i Vega × Martta).

Wyniki dotyczące oceny specyficznej zdolności kombinacyjnej i heterozji w stosunku do lepszego z rodziców pod względem zawartości włókna przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 3

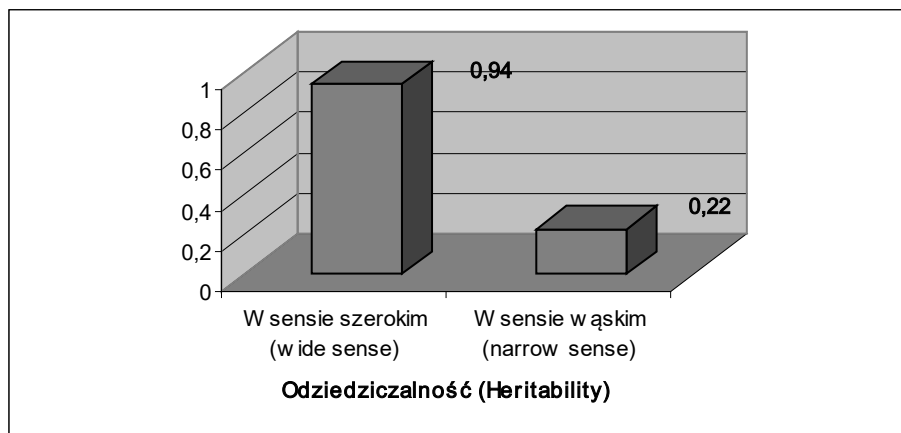
Efekty specyficznej zdolności kombinacyjnej i heterozji względem lepszego z rodziców, sześciu mieszańców pokolenia F₁ lnu pod względem zawartości włókna (Pętkowo 2009)
Specific combining ability and heterosis of six F₁ hybrids for fiber content

Lp. — No.	Mieszańce pokolenia F ₁ — F ₁ hybrids	SCA	Ocena heterozji — Heterosis
1	Atena × Vega	4,2*	1,6
2	Atena × Escalina	-2,8*	-3,9*
3	Atena × Martta	-0,4	-0,7
4	Vega × Escalina	-2,3*	-6,7*
5	Vega × Martta	-1,5*	-4,0*
6	Escalina × Martta	0,02	-0,8

*Istotność na poziomie 0,05; Significant at 0.05 level

**Istotność na poziomie 0,01; Significant at 0.01 level

Odziedziczalność zawartości włókna, w rozumieniu wąskim i szerokim różniła się w sposób istotny (rys. 2). Wartość współczynnika odziedziczalności w sensie szerokim była wysoka i wynosiła 0,94, natomiast w sensie wąskim 0,22 (rys. 2). Można więc stwierdzić, iż zawartość włókna w badanych genotypach była warunkowana głównie zróżnicowaniem genetycznym, a wpływy pozagenetyczne były niewielkie. Postęp przy selekcji genotypów na wysoką zawartość włókna jest jednak trudny do uzyskania, ponieważ niska wartość współczynnika odziedziczalności w sensie wąskim świadczy o małym wpływie zmienności genetycznej przechodzącej bez zmian na potomstwo oraz o dużym ujednoliceniu genetycznym badanych genotypów lnu.



Rys. 2. Odziedziczalność zawartości włókna w badanych genotypach lnu (Pętkowo, 2009)
Fig. 2. Heritability of fiber content in the tested flax genotypes

DYSKUSJA

Uzyskane wyniki wskazują na istotne zróżnicowanie badanych genotypów lnu włóknistego pod względem procentowej zawartości włókna. Różnica pomiędzy najlepszym i najgorszym mieszańcem wynosiła ponad 7%. Potwierdza to doniesienia literaturowe o większym zróżnicowaniu genotypów lnu pod względem zawartości włókna, w stosunku do innych cech użytkowych (Booth i in., 2004; Popescu i in., 1998; Diederichsen i Ulrich, 2009). Niewielkie zróżnicowanie obserwowano natomiast wśród form rodzicielskich (tab. 2). Najniższą zawartością włókna charakteryzowała się odmiana Martta (19,6%). Związane jest to w dużej mierze z niższą wysokością roślin oraz niższym plonem słomy tej odmiany, w porównaniu do pozostałych badanych form rodzicielskich. Plon słomy i długość techniczna roślin mają bowiem duży wpływ na zawartość włókna w łodydze (Van den Over i in., 2003). Najniższą zawartość włókna (16,8%) obserwowano w mieszańcach z odmianą Vega, ale tylko w przypadku, gdy odmiana ta stanowiła formę mateczną (tab. 2).

Wartości ogólnej zdolności kombinacyjnej odmian rodzicielskich były niskie (rys. 1). Tylko dwie odmiany (Atena oraz Escalina) wykazywały dodatnie wartości GCA (odpowiednio: 0,94 i 0,39). Można zatem stwierdzić, iż zdolność do wydawania potomstwa o wysokiej zawartości włókna, przy krzyżowaniu odmian badanych w doświadczeniu jest niewielka, zwłaszcza w przypadku odmian Vega i Martta, u których obserwowano ujemne wartości GCA.

Ocena specyficznej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich pokolenia F_1 wykazała, że istotnie wyższa zawartość włókna wystąpiła tylko po skrzyżowaniu ze sobą odmian Atena i Vega. W pozostałych przypadkach wartości SCA były ujemne lub dodatnie, lecz nieistotne statystycznie (Escalina $\times$ Martta, SCA = 0,02).

Nie obserwowano natomiast istotnego, dodatniego efektu heterozji mieszańców pod względem zawartości włókna, w stosunku do lepszej z odmian rodzicielskich. Diederichsen i Ulrich (2009), którzy badali 1117 genotypów włóknistych form lnu pod względem zawartości włókna, podają, iż zawartość włókna w uprawianych odmianach lnu wynosi maksymalnie 32%, natomiast w liniach hodowlanych stwierdza się zawartość włókna dochodzącą do 42%. Odmiany badane w prezentowanym doświadczeniu charakteryzowały się małym zróżnicowaniem, stąd istotny, dodatni efekt heterozji był trudny do osiągnięcia.

Doświadczenie wykazało również relatywnie wysoką odziedziczalność zawartości włókna w badanej populacji. Wartość współczynnika odziedziczalności w sensie szerokim wynosiła 0,94. Niższą wartość (0,22) przyjmował współczynnik odziedziczalności w sensie wąskim. Podobne wyniki odziedziczalności w sensie szerokim otrzymali Popescu i in. (1998), którzy badali dziewięć odmian rodzicielskich i 36 mieszańców pokolenia F_1 w ciągu dwóch sezonów wegetacji. Wartość współczynnika odziedziczalności w sensie szerokim, w tych badaniach, wynosiła 0,94 w roku 1994 i 0,95 w roku 1995.

Wymienieni autorzy otrzymali natomiast istotnie wyższe wartości współczynnika odziedziczalności w sensie wąskim, odpowiednio: 0,63 w roku 1994 oraz 0,69 w roku 1995.

WNIOSKI

1. Obserwowano niską zawartość włókna w badanych odmianach i mieszańcach pokolenia F_1 lnu (średnio 20,9%).
2. Nie obserwowano istotnych, dodatnich wartości efektu heterozji mieszańców pod względem zawartości włókna.
3. Istotną, dodatnią wartość specyficznej zdolności kombinacyjnej posiadały formy Atena i Vega tworzące mieszańca Atena $\times$ Vega (SCA = 4,2).
4. Obserwowano wysoką odziedziczalność zawartości włókna w sensie szerokim (0,94), co sugeruje, iż zawartość włókna w badanych genotypach lnu włóknistego była warunkowana głównie czynnikami genetycznymi.

LITERATURA

- Andruszewska A., Heller K., Kaniewski R., Mańkowski J., Wielgus K. 2006. Poradnik plantatora lnu włóknistego. Monografia Instytutu Włókien Naturalnych, Poznań: 5 — 10. ISBN 83-909739-6-0.
- Bacelis K. 2001. Breeding of the new fiber flax cultivars. Natural Fibres — Włókna Naturalne. Special ed. Proc. conf. Bast Plants in the New Millenium, 3–6 June 2001, Borovets, Bulgaria. 1: 187 — 191.
- Booth I., Harwood R., Wyatt J., Grishanov S. 2004. A comparative study of the characteristics of fibre-flax (*Linum usitatissimum* L.). Ind. Crop. Prod., 20: 89 — 95.
- Diederichsen A., Ulrich A. 2009. Variability in stem fibre content and its association with other characteristics in 1177 flax (*Linum usitatissimum* L.) genebank accessions. Ind. Crop. Prod., 30: 33 — 39.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1996. DGH 2 — system analiz statystycznych dla potrzeb doświadczeń genetyczno-hodowlanych wersja 2.0.
- Karpets I., Karpets A., Dynnyk O. 2000. The improvement of fiber content measurement method in flax stalks on early stages of fiber flax selection. Natural Fibres — Włókna Naturalne, 44: 73 — 77.
- Popescu F., Marinescu I., Vasile I. 1998. Heredity and stability of flax fiber content. Roma. Agric. Res., 9/10: 15 — 24.
- Van den Over M., Bas N., Van Soest L., Melis C., Van Dam J. 2003. Improved method for fibre content and quality analysis and their application to flax genetic diversity investigations. Ind. Crops Prod., 18: 231 — 243.

GRAŻYNA MAŃKOWSKA
IWONA RUTKOWSKA-KRAUSE
ALEKSANDRA LUWAŃSKA
KAROLINA WIELGUS
JOANNA MAKOWIECKA

Zakład Biotechnologii, Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Poznań

Wykorzystanie kultury pylnikowej w celu polepszenia odporności na fuzariozę lnu włóknistego (*Linum usitatissimum* L.)

Use of anther culture to improve flax (*Linum usitatissimum* L.) resistance to *Fusarium* wilt

Jedną z najpoważniejszych chorób występujących na plantacjach lnu włóknistego jest fuzarioza wywołwana przez grzyb z rodzaju *Fusarium*. Przy silnym stopniu porażenia uprawy lnu przez fuzariozę plon słomy może obniżyć się do 60%, nasion do 80%. W kulturach pylnikowych włóknistego (*Linum usitatissimum* L.) otrzymano regeneranty, u których przeprowadzono obserwacje dziedziczenia odporności na fuzariozę w pokoleniach R2–R4. W tym celu założono wazonowe i polowe doświadczenia prowokacyjne. Jako inokulum infekcyjne użyto następujące gatunki grzybów: *Fusarium oxysporum f.lini*, *Fusarium avenaceum*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium gibbosum*, *Fusarium sambucinum* i *Fusarium poa*. Dla odmiany Alba, średnio wrażliwej na fuzariozę, otrzymano linie regenerantów odpornych na tę chorobę. Najlepszą okazała się linia regeneranta Alba 1000, u której obliczono 88 % roślin zdrowych w wazonowym doświadczeniu prowokacyjnym, natomiast w testach polowych zawsze uzyskiwała ocenę 9, ponieważ na poletku występowały tylko rośliny zdrowe.

Słowa kluczowe: inokulacja, odporność na fuzariozę, regeneranty lnu

One of the most serious diseases found on flax plantations is fusariosis caused by a fungi from *Fusarium* genus. A strong contamination of flax crops may reduce the straw yield to 60% and seeds yield to 80%. Anther cultures of flax (*Linum usitatissimum* L.) allowed obtaining regenerated plants, in which the inheritance of resistance to *Fusarium* was observed in R2–R4 generations. The provocative flowerpot and field experiments were conducted for this purpose. The following fungi species were used as infectious inoculum: *Fusarium oxysporum f.lini*, *Fusarium avenaceum*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium gibbosum*, *Fusarium sambucinum* and *Fusarium poa*. For an Alba variety, which was moderately susceptible, there were resistant lines of regenerated plants obtained. A line Alba 1000 turned out to be the best one as there was 88% of healthy plants in the provocative flowerpot experiment. The line got 9 score in the field experiments, because the plants were always healthy.

Key words: inoculation, regenerated plants of flax, resistance to *Fusarium* wilt

WSTĘP

Rodzaj len (*Linum*) należy do rodziny lnowatych (*Linaceae*) i obejmuje około 200 gatunków, z których tylko jeden, zwany lnem siewnym lub zwyczajnym (*Linum usitatissimum* L.), jest gatunkiem uprawnym, cenną rośliną włóknodajną i oleistą o dużym znaczeniu ekonomicznym. Otrzymanie nowych odmian lnu w oparciu o tradycyjne metody hodowli jest procesem trudnym i długotrwałym (trwa przeciętnie 12–17 lat). Szczególnie ważnym aspektem hodowli twórczej jest hodowla odpornościowa, dzięki której możliwe jest otrzymanie odmian odpornych na choroby (Andruszewska, 2006). Od wielu lat ten aspekt jest uwzględniany w hodowli odmian lnu włóknistego. W Polsce powinny to być odmiany odporne, na fuzariozę, która powoduje duże straty w plonach i często jest przyczyną dyskwalifikacji plantacji (Czyżewska, Zarzycka, 1969).

Wykorzystanie metod biotechnologicznych w połączeniu z doświadczeniami prowokacyjnymi jest podstawowym elementem w selekcji materiału roślinnego pod kątem odporności na fuzariozę i skróceniu okresu hodowli do 9 lat. Do tej pory opisano dodatnią korelację pomiędzy selekcją *in vitro* a odpornością na fuzariozę zregenerowanych roślin dla wielu gatunków, min. *Cucumis sativus* i jęczmienia (Chawla, 1987; El-Kazzaz, 2004). W zależności od stężenia czynnika selekcyjnego (filtratu *Fusarium oxysporum*) w medium hodowlanym uzyskano rośliny o zróżnicowanej odporności na patogena.

Celem przeprowadzonych badań było przetestowanie regenerantów lnu włóknistego odmiany Alba i ich potomstwa pod kątem odporności na fuzariozę. Badania te są kontynuacją prac rozpoczętych przez dr Iwonę Rutkowską-Krause w roku 1996 (Rutkowska-Krause i in., 2003).

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny stanowiły pylniki pobrane w stadium jednojądrowym lnu włóknistego z roślin matecznych odmiany Alba (superelita), średnio wrażliwej na fuzariozę. W kulturach pylnikowych otrzymano trzysta zregenerowanych roślin, które oznaczono jako potomstwo R1. Celem obserwacji zmian w dziedziczeniu cech odporności na fuzariozę w pokoleniach R2 — R4 założono doświadczenie wazonowe, w hali vegetacyjnej w Zakładzie Doświadczalnym Instytutu Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Pętkowie. Wysiano potomstwo R2 wybranych pięciu linii regenerantów (Alba 989, 990, 991, 997, 1000 — numery zostały nadane przez hodowcę) do gleby inokulowanej mieszaniną kilku gatunków grzybów rodzaju *Fusarium*. Inokulum infekcyjne stanowiły następujące gatunki grzybów: *F. oxysporum* f. *lini*, *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. gibbosum*, *F. sambucinum* i *F. poae*. Celem przygotowania gleby do każdego wazonu dodawano 50 cm³ inokulum, w tym 30 cm³ nasion pszenicy przerośniętych gatunkiem *F. oxysporum* i 20 cm³ nasion przerośniętych pozostałymi gatunkami grzybów (Andruszewska, Dryjańska, 1988). Doświadczenia obejmowały cztery powtórzenia, po 30 roślin na wazon. Porównano stopień porażenia fuzariozą regenerantów w odniesieniu do kontroli — superelity Alba. Liczono rośliny zdrowe i chore trzykrotnie: po wschodach, w

fazie „jodełki” (6–12 cm wysokości) i w czasie kwitnienia. Równocześnie założono doświadczenie w Zakładzie Doświadczalnym Instytutu Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Sielcu Starym na polu, na którym zainfekowano glebę mieszaniną sześciu gatunków grzybów z rodzaju *Fusarium* wyizolowanych z chorego lnu. Odporność oceniano na podstawie zdrowotności 1000 roślin z każdego regeneranta. W czasie testowania liczono rośliny zdrowe i chore w następujących stadiach rozwojowych lnu: po wschodach, w stadium „jodełki”, przed kwitnieniem oraz w stadium zielonej torebki. Na podstawie wyizolowanych gatunków grzybów z rodzaju *Fusarium* identyfikowano przyczynę choroby. Kryterium oceny odporności w każdym roku testu, była liczba zdrowych roślin w stadium zielonej torebki, w stosunku do przyjętego wzorca (odmiany kontrolne). Jako wzorzec dla odmian lnu włóknistego przyjęto średni procent roślin zdrowych z odmian kontrolnych: Alby w latach 2001–2003 i w latach 2005–2007 Natasji + Nike.

Podstawą końcowej oceny był średni procent roślin zdrowych po zakończeniu cyklu badań danego regeneranta, tj. trzech lat testów, w porównaniu ze średnim procentem roślin zdrowych odmian kontrolnych w latach, w których testowany był dany regenerat.

W ocenie odporności stosowano skalę:

- bardzo odporne > 95% roślin zdrowych w stosunku do kontroli,
- odporne > 80–95% roślin zdrowych w stosunku do kontroli,
- średnio odporne > 50–80% roślin zdrowych w stosunku do kontroli,
- średnio podatne > 30–50 % roślin zdrowych w stosunku do kontroli,
- bardzo podatne < 30% roślin zdrowych w stosunku do kontroli.

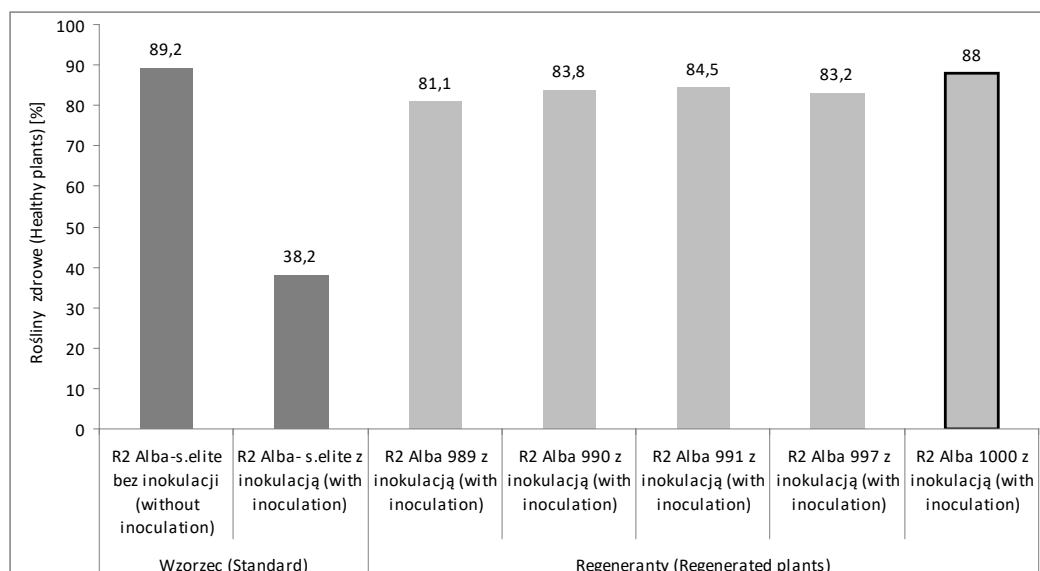
Natomiast w doświadczeniach polowych w ocenie zdrowotności roślin wykorzystano metodykę Heimanna (1983).

WYNIKI I DYSKUSJA

W oparciu o wyniki w doświadczeniu wazonowym zaobserwowano wyraźne zwiększenie odporności na fuzariozę potomstw R2–R4 w porównaniu z odmianą wyjściową. Należy zaznaczyć, że odmiana wyjściowa Alba należy do średnio wrażliwych na tę chorobę i w latach sprzyjających wystąpieniu choroby odnotowuje się duże straty plonu. Wytypowano potomstwo linii regeneranta Alba 1000. Wyniki przedstawiono na rysunku 1.

Powyższe wyniki potwierdziła ocena zdrowotności wybranych linii regeneratów w doświadczeniach polowych w Zakładzie Doświadczalnym IWNiRZ Pętkowo. W pierwszym roku doświadczeń polowych uzyskano podwyższoną odporność linii R2 Alba 991, R2 Alba 997 i R2 Alba 1000, natomiast linie R2 Alba 989 i R2 Alba 990 nie różniły się na polu od odmiany wyjściowej (obie otrzymały ocenę 5 w skali dziewięciostopniowej) i pomimo dobrego wyniku w doświadczeniu wazonowym, nie testowano już ich w latach następnych. Ze względu na wysoki koszt doświadczeń polowych zrezygnowano z ponownego testowania linii, które w jednym roku badań okazały się wrażliwe na fuzariozę. Oparto się na doświadczeniu hodowcy z Zakładu Doświadczalnego IWNiRZ w Pętkowie (E. Rutkowska, informacja ustna), jeżeli raz linia

okazała się wrażliwa, to w następnych latach, w sprzyjających warunkach na pewno wystąpi u niej porażenie tą chorobą. W drugim roku kontynuowano ocenę R3 linii Alba 991, 997 i 1000 i dołączono do doświadczenia pokolenie R2 linii Alba 431 i 432, ponieważ nasiona tych linii zebrano kilka tygodni później. Wszystkie badane linie były lepsze od odmiany wyjściowej, otrzymały ocenę 9, a linia 431 — ocenę 8 w skali dziesięciopniowej.



Rys. 1. Porównanie odporności na fuzariozę odmiany Alba (superelita) oraz wybranych linii regenerantów R2 otrzymanych z niej w kulturach pylnikowych. Doświadczenie wazonowe — hala wegetacyjna

Fig. 1. A comparison of resistance to of Alba variety (super elite) and chosen lines of R2 regenerated plants obtained by anther culture. Flowerpot experiment — a growth room

W trzecim roku badań dołączono potomstwo R2 następnych dwóch regenerantów otrzymanych w kulturach pylników (Alba 11 i Alba 12) i kontynuowano badanie pokolenia R4 Alby 991, 997 i 1000 oraz pokolenia R3 Alby 431 i 432. Również w tym roku linie pochodzące od regenerantów były bardziej odporne, jedynie Alba 12 uzyskała ocenę 6, taką samą jak odmiana wyjściowa (tab. 1).

Na szczególną uwagę zasługuje wspomniana wcześniej linia regeneranta Alba 1000. W latach 2001–2003 wybrana linia została przetestowana na polu prowokacyjnym w Zakładzie Doświadczalnym IWNiRZ w Sielcu Starym. W porównaniu ze wzorcem, który stanowiła odmiana Alba odporność na fuzariozę linii 1000 wynosiła 125,8% w stosunku do kontroli (tab. 2).

Tabela 1

Ocena zdrowotności pokoleń R2, R3, i R4 wybranych linii regenerantów pylnikowych odmiany Alba w doświadczeniach polowych według metodyki Heimanna
Results of the *Fusarium* wilt resistance test of the R2, R3 and R4 progenies of the nine lines regenerated through anther culture. According to Heimann's scale (Heimann, 1983)

Linia (nr identyfikacyjny) Line (identity no.)	I rok doświadczeń The first year of experiment		II rok doświadczeń The second year of experiment		III rok doświadczeń The third year of experiment	
	pokolenie generation	ocena odporności resistance evaluation	pokolenie generation	ocena odporności resistance evaluation	pokolenie generation	ocena odporności resistance evaluation
Kontrola (Standard): Alba super elita		5		6		6
Linie regenerantów Lines of regenerated plants						
Alba 989	R2	5				
Alba 990	R2	5				
Alba 991	R2	8	R3	9	R4	8
Alba 997	R2	8	R3	9	R4	8
Alba 1000	R2	9	R3	9	R4	9
Alba 431			R2	8	R3	8
Alba 432			R2	9	R3	8
Alba 11					R2	8
Alba 12					R2	6

Tabela 2

Zbiórce zestawienie testowania linii na polu prowokacyjnym ZD IWNiRZ Sielec Stary w latach 2001–2003, dane udostępnione przez Laboratorium Fitopatologii IWNiRZ
Comparison of provocative tests results of lines conducted at INF&MP Experimental Station Sielec Stary in 2001–2003, data provided by INF&MP Phytopathology Laboratory
Wzorzec Alba — Alba standard

Linie regenerantów Lines of regenerated plants	W stosunku do kontroli Comparison to the standard	Ocena odporności Evaluation of the resistance
Alba 431	120,6	bardzo odporna — very resistant
Alba 1000	125,8	bardzo odporna — very resistant
Alba 997	171,0	bardzo odporna — very resistant
Alba 432	162,7	bardzo odporna — very resistant
Alba 11	149,1	bardzo odporna — very resistant
Alba	74,3	średnio odporna — moderately resistant

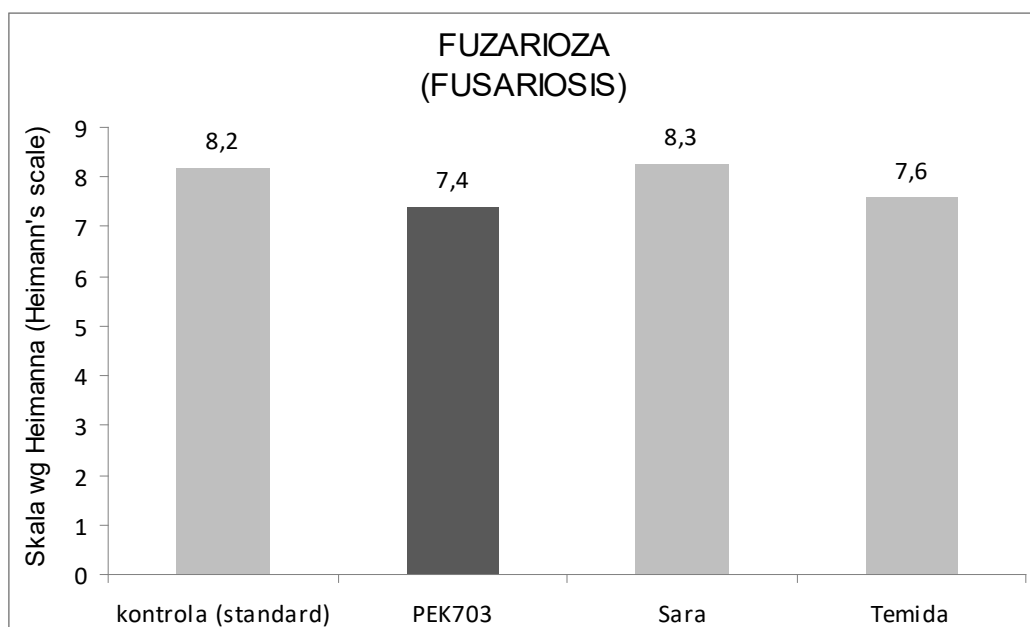
W latach 2004–2006 linia regeneranta Alba 1000 została zakwalifikowana przez hodowców jako ród PEK 703 i porównana w doświadczeniu polowym ze wzorcem Natasja i Nike. Odmiany stanowiące wzorzec Nike i Natasja zaliczane są do odmian lnu włóknistego bardzo odpornych na fuzariozę. Wzięto pod uwagę pierwszy i drugi rok doświadczeń, ponieważ badany ród w znacznym stopniu przewyższał odpornością wzorzec (tab. 3).

Tabela 3

Średni % roślin zdrowych w latach testu 2004–2006 dla rodu PEK 703 (Alba 1000)
Average % of healthy plants in 2004–2006 for PEK 703 (Alba 1000)
Wzorzec Natasja i Nike — Natasja and Nike standard

Rok Year	Odmiana/ród Cultivar/Line	W stosunku do kontroli Comparison to the standard	Ocena odporności Evaluation of the resistance
I rok doświadczeń The first year of experiment	Nike + Natasja PEK 703	100,0 106,7	b. odporna — very resistant b. odporna — very resistant
II rok doświadczeń The second year of experiment	Nike + Natasja PEK 703	100,0 124,9	b. odporna — very resistant b. odporna — very resistant
III rok doświadczeń The third year of experiment	Nike + Natasja PEK 703	100,0 98,9	b. odporna — very resistant b. odporna — very resistant

Po konsultacjach z hodowcami ród PEK 703 został włączony do badań COBORU Słupia Wielka w latach 2005–2007 na odporność na fuzariozę i porównany z odmianami lnu włóknistego Sara i Temida wyhodowane przez Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu jako odmiany bardzo odporne (rys. 2).



Rys. 2. Ród PEK 703 w porównaniu z wzorcem i innymi odmianami lnu włóknistego Sara i Temida
Fig. 2. PEK 703 line compared with control and other flax cultivars (Sara and Temida)

PODSUMOWAMIE

Proces hodowlany lnu włóknistego z wykorzystaniem metod biotechnologicznych i doświadczeń prowokacyjnych umożliwił uzyskanie roślin odpornych na fuzariozę dla

odmiany Alba, średnio podatnej na tego patogena. Ostra selekcja negatywna pod kątem odporności na fuzariozę w warunkach prowokacyjnych — gwarantuje możliwość wyhodowania odmian lnu odpornych na tę chorobę.

W naszych badaniach cel, który sobie postawiliśmy został osiągnięty i stanowił pierwszy krok w polepszeniu odporności na fuzariozę odmiany Alba.

W wyniku mniejszej podatności roślin na fuzariozę istnieje możliwość uzyskania wysokich plonów słomy i nasion przy ograniczonej ilości stosowanych środków chemicznych.

LITERATURA

- Andruszewska A., Dryjańska M. 1988. Wpływ preparatów zawierających mikroelementy na porażenie lnu przez fuzariozę. Roczniki Nauk Rolniczych, seria E, T. 18, Z. 1: 207 — 213.
- Andruszewska A. 2006. Występowanie i zwalczanie chorób. Poradnik plantatora lnu włóknistego, IWN: 37 — 44.
- Czyżewska S., Zarzycka H. 2001. Z badań nad patogenicznością grzybów z rodzaju *Fusarium* występujących na lnie (*Linum usitatissimum* L.). Prace Nauk. Inst. Ochr. Roślin, PWRiL 10 (2): 87 — 116.
- Chawla H.S., Wenzel G. 1987. In vitro selection for fusaric acid resistant barley plants, Plant Breeding, 1987, 99: 159 — 163.
- EL-Kazzaz A. A., Ashour A. M. A. 2004. Genetically resistant cucumber plants to wilt pathogen via tissue cultures, Egypt. J. Phytopathol. 32: 1 — 10.
- Heimann St. 1983. Len włóknisty i konopie — metodyka prowadzenia doświadczeń odmianowych COBORU Słupia Wielka.
- Rutkowska-Krause I., Mańkowska G., Łukaszewicz M., Szopa J. 2003. Regeneration of flax (*Linum usitatissimum* L.) plants from anther culture and somatic tissue with increased resistance to *Fusarium oxysporum*, Plant Cell Rep. 22: 110 — 116.

LECH BOROS**ANNA WAWER**

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Radzików

Zróżnicowanie odmianowe parametrów fizyko-chemicznych i czasu gotowania nasion grochu siewnego (*Pisum sativum* L.)

Cultivar variation for field pea (*Pisum sativum* L.) seeds physico-chemical parameters and cooking time

Ocenę zróżnicowania genotypowego parametrów technologicznych nasion w tym czasu gotowania przeprowadzono dla odmian grochu siewnego z Krajowego Rejestru. Nasiona pochodziły ze zbioru z dwóch kolejnych sezonów wegetacyjnych w Radzikowie (centralna Polska). W ocenie uwzględniano następujące parametry: masę 1000 nasion (MTN), procentowy udział łuski, zawartość białka, zawartość popiołu, pojemność hydratacyjną nasion, elektroprzewodnictwo roztworów po moczeniu nasion oraz czas gotowania. Stwierdzono istotność różnic genotypowych, lat zbioru oraz współdziałania genotypy $\times$ lata dla każdej z badanych cech nasion. Najwyższy współczynnik zmienności międzyodmianowej (CV%) stwierdzono dla czasu gotowania (24,1 i 22,3 odpowiednio dla CG 50% i CG 80%), następnie dla elektroprzewodnictwa roztworów po moczeniu (15,8) i masy 1000 nasion (10,0). Zidentyfikowano odmiany o skrajnie odbiegających wartościach dla poszczególnych cech. Istotność współdziałania wskazuje na różną reakcję odmian na warunki sezonu wegetacyjnego. Analiza skupień metodą Warda, z zastosowaniem kwadratu odległości euklidesowej jako miary odległości, pozwoliła wydzielić 4 grupy jednorodne pod względem 8 cech nasion. Uzyskane wyniki mogą być wykorzystane przez hodowców roślin w procesie tworzenia nowych odmian.

Słowa kluczowe: groch siewny, zróżnicowanie genotypowe, parametry technologiczne nasion, czas gotowania

Genotypic variation in technological parameters, among them cooking time, of seeds of field pea cultivars from Polish National List was assessed. Seed samples, collected for analysis over two following growing seasons at Radzików, were analysed for 1000 seed weight (TSW), percentage share of seed coat, protein and ash contents, seed hydration capacity, electroconductivity of seed exudates and cooking time. Significant difference among tested genotypes, years of harvests as well as significant interaction genotypes-by-year for all the tested seed parameters were found. The highest variation, expressed by coefficient of variation (CV%), among tested cultivars was found for cooking time (24.1 and 22.3 for CG 50% and CG 80% respectively) followed by electroconductivity measurements (15.8) and 1000 seed weight (10.0). The cultivars with the highest and lowest values of evaluated parameters were identified. Significant interaction cultivars-by-year indicated different reaction among the tested cultivars to environmental conditions during growing season. The use

hierarchical cluster analysis according to the Ward's method allowed to distinguish 4 homogenous groups of pea cultivars considering all physicochemical parameters and cooking time. The findings of this study may be applicable by plant breeders in developing new pea cultivars.

Key words: field pea, genotypic variation, seeds technological parameters, cooking time

WSTĘP

Groch siewny (*Pisum sativum* L.) jest ważną pod względem skali produkcji i wartości żywieniowej rośliną strączkową. Według danych FAO (FAOSTAT, 2009) roczna światowa produkcja grochu to 9,5 mln ton z uprawy na powierzchni 6,5 mln hektarów. W Europie groch uprawiany jest na obszarze 1,5 mln ha z rocznymi zbiorami 2,5 mln ton. Polska z arealem 14 tys. ha i zbiorem 36 tys. ton zajmuje odległe miejsce w Europie pod względem uprawy grochu. Nasiona grochu siewnego wykorzystywane są głównie na paszę, pewną część w przetwórstwie i na bezpośrednie spożycie w gospodarstwach domowych niezależnie od grochu ogrodowego zbieranego w innej fazie dojrzałości. Nasiona grochu są dobrym źródłem białka, skrobi, włókna, składników mineralnych oraz witamin. Węglowodany charakteryzują się niskim indeksem glikemicznym, a wysoka zawartość włókna w tym frakcji rozpuszczalnej wpływa na obniżenie frakcji LDL cholesterolu w krwi. Regularne spożywanie grochu wpływa na zmniejszenie ryzyka zachorowań na nowotwory, cukrzycę typ 2 czy choroby wieńcowe serca (Leterme, 2002; Mathers, 2002). Obszerne omówienie wartości żywieniowej i właściwości prozdrowotnych nasion roślin strączkowych zawarto w przeglądowych pracach Dilis, Trichopoulou (2009), Campos-Vega i in. (2010) i McCrory i in. (2011).

Cechy takie jak wielkość nasion, kształt, udział łuski, zawartość białka, popiołu czy parametry związane z obróbką kulinarną jak hydratacja, czas gotowania są ważnymi parametrami z punktu widzenia konsumenta. Czas gotowania jest głównym kryterium w ocenie wartości kulinarnej. Długi czas gotowania jest jednym z powodów ograniczającym szerszą akceptację i wykorzystanie nasion strączkowych w żywieniu oraz wpływa na pogorszenie wartości odżywczej.

Celem pracy była ocena zróżnicowania genotypowego parametrów technologicznych nasion, w tym czasu gotowania, krajowych odmian grochu siewnego i ustalenie ewentualnych zależności pomiędzy tymi parametrami.

MATERIAŁ I METODY

Badaniami objęto 24 odmiany grochu uprawianego na suche nasiona z Krajowego Rejestru. Nasiona pochodziły ze zbioru z doświadczeń przeprowadzonych w Radzikowie przez dwa kolejne sezony wegetacyjne. Zawartość białka w nasionach oznaczano na aparacie Food & Feed Analyzer 1250. Udział łuski w nasionach określano na próbie 10 nasion, zawartość popiołu natomiast wg metodyki przyjętej przez Stowarzyszenie Urzędowych Analityków Chemicznych (AOAC, 1990). Absorpcję wody oraz elektroprzewodnictwo roztworów określano dla próby 50 nasion o znanej masie, moczonych w wodzie destylowanej przez 18 godzin w temperaturze 25°C. Absorpcję wody przez nasiona badanych genotypów grochu wyrażono w procentach masy nasion poddanych moczeniu.

Pomiar elektroprowadności roztworów po moczeniu nasion wykonano konduktometrem CC-315 firmy Elmetron. Czas gotowania oznaczano na aparacie Mattsona, wykonanym według modelu Jackson & Varriano-Morston (1981) wykorzystywanym do oceny czasu gotowania nasion fasoli (Boros, 2003; Boros, Wawer 2006), czy w wersji zautomatyzowanej w pracach Wanga i in. (2005; 2008). Czas gotowania mierzono od momentu zagotowania wody, do momentu gdy 13 oraz 20 z 25 szpilek o określonym ciężarze przebiło nasiona określając czas gotowania pierwszy (CG 50%) i czas gotowania drugi (CG 80%) wskazujący na równomierność gotowania. Wszystkie oceny parametrów fizycznych, chemicznych i obróbki kulinarnej wykonywano w 3 powtórzeniach. Wyniki opracowano za pomocą programu statystycznego Statgraphics Plus.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji wykazała istotność różnic genotypowych, lat zbioru oraz współdziałania genotypy × lata dla każdej z badanych cech nasion. Istotność współdziałania wskazuje na różną reakcję odmian na warunki sezonu wegetacyjnego (tab. 1 i tab. 2).

Tabela 1

Analiza wariancji wpływu odmian, lat i współdziałania na parametry fizyczne i chemiczne nasion grochu siewnego
Analysis of variance of the effect of cultivars, year and interaction on chemical and physical parameters of field pea seeds

Cechy Parameters	Odmiany Cultivars	Lata Years	Odmiany × lata Cultivars × years
MTN — 1000 seed weight	**	**	**
Białko — Protein	**	**	**
Popiół — Ash	**	**	**
Łuska — Seed coat	**	**	**
Hydratacja — Hydration capacity	**	**	**
Elektroprowadność — Electroconductivity	**	**	**
Czas gotowania 50% — Cooking time 50%	**	**	**
Czas gotowania 80% — Cooking time 80%	**	**	**

** Istotność przy $p < 0,01$; ** Significant at $p < 0,01$

Tabela 2

Wpływ sezonów uprawy na parametry technologiczne nasion grochu siewnego
The effect of growing seasons on technological parameters of field pea seeds

Cechy Parameters	Jednostki Units	I rok 1 st year	II rok 2 nd year	NIR LSD $p = 0,05$
MTN — 1000 seed weight	(g)	251,8	264,9	3,86
Białko — Protein	(%)	23,5	21,6	0,43
Popiół — Ash	(% s.m.) (% dry w.)	2,98	3,26	0,02
Łuska — Seed coat	(% s.m.) (% dry w.)	7,96	8,15	0,05
Hydratacja — Hydration capacity	(%)	98,7	103,9	1,39
Elektroprowadność — Electroconductivity	($\mu\text{S cm}^{-1}\text{g}^{-1}$)	20,77	32,26	1,68
Czas gotowania 50% — Cooking time 50%	(min.)	17,65	13,79	0,84
Czas gotowania 80% — Cooking time 80%	(min.)	26,59	19,58	1,14

Stwierdzono istotne różnicowanie masy 1000 nasion u badanych odmian. Średnia grupy wyniosła 258 g przy zakresie od 213 g dla odmiany Brutus do 312 g dla odmiany Brylant (tab. 3). Zakres różnicowania genotypowego dla tej cechy był zbliżony do prezentowanego w badaniach Prusińskiego i Strychalskiej (2007), Wanga i in. (2010), jednakże był niższy od zakresu stwierdzonego przez Blacka i in. (1998) oraz Singha i in. (2010) uwzględniających w zestawach badanych genotypów kolekcyjne formy lokalne grochu charakteryzujące się niską masą 1000 nasion.

Tabela 3

Charakterystyka zmienności kolekcji odmian grochu siewnego pod względem parametrów technologicznych nasion za okres dwóch lat

The characteristics of variation among cultivars for technological parameters of field pea seeds over two years

Cechy Parameters	Jednostki Units	Średnia Mean	CV % CV%	Zakres Range	
				min	max
MTN — 1000 seed weight	(g)	258	10,0	213	312
Białko — Protein	(%)	22,6	2,6	21,3	23,8
Popiół — Ash	(% s.m.) (% dry w.)	3,12	3,3	2,92	3,31
Łuska — Seed coat	(% s.m.) (% dry w.)	8,1	4,2	7,5	8,7
Hydratacja — Hydration capacity	(%)	101,3	3,3	96,3	107,4
Elektroprzewodność — Electroconductivity	($\mu\text{S cm}^{-1}\text{g}^{-1}$)	26,5	15,8	20,2	34,4
Czas gotowania 50% — Cooking time 50%	(min.)	15,7	24,1	9,1	23,6
Czas gotowania 80% — Cooking time 80%	(min.)	22,9	22,9	13,7	35,7

Stwierdzono istotne różnicowanie między badanymi odmianami dla procentowego udziału okrywy nasiennej. Średnia zawartość okrywy nasiennej badanej grupy odmian grochu wyniosła 8,1%, przy skrajnych wartościach dla odmian od 7,5% do 8,7%. Zakres zmienności genotypowej tej cechy pokrywał się z danymi literaturowymi (Prusiński, Strychalska, 2007). W ścisłym powiązaniu z procentowym udziałem okrywy nasiennej była zawartość popiołu. Różnicowanie genotypowe pod względem tej cechy mieściło się w przedziale od 2,92 do 3,31% s.m. Zarówno średnie zawartości, jak i zakresy zmienności dla procentowego udziału łuski oraz zawartości popiołu w nasionach badanych odmian grochu prezentowane w pracy, są zgodne z danymi literaturowymi (Black i in., 1998; Prusiński, Strychalska, 2007; Nikolopoulou i in., 2007; Wang i in., 2008; Singh i in., 2010).

Średnia zawartość białka w nasionach wyniosła 22,6% przy zróżnicowaniu pomiędzy odmianami od 21,3% do 23,8%. Najwyższą zawartość białka w nasionach posiadały odmiana Stig (23,8%), Krezus (23,6%) oraz Merlin (23,3%), a najniższą odmiany Wenus (21,3%) i Kawalir (21,6%). W zestawie 8 odmian badanych przez Prusińskiego i Strychalską (2007), podobnie jak i w badaniach własnych, najniższą zawartością białka w nasionach charakteryzowała się odmiana Wenus. Zawartość białka w nasionach pozostałych odmian ocenionych w obydwu pracach była na zbliżonym poziomie. Zakres zmienności genotypowej dla zawartości białka w nasionach był niższy od zakresu prezentowanego w innych pracach (Wang i in., 2008; Wang i in., 2010; Black i in., 1998). Różnice te wynikają w części z różnic genotypowych oraz warunków glebowych i

pogodowych, na co wskazują wyniki własne oraz innych autorów (Black i in., 1998; Wang i in., 2008; Nikolopoulou i in., 2007).

Nasiona badanych odmian grochu siewnego wykazały istotne zróżnicowanie w absorpcji wody. Średnia wartość pojemności hydratacyjnej dla całej grupy wyniosła 101,3%, przy zakresie zmienności od 96,3% do 107,4%. Najniższą pojemnością hydratacyjną charakteryzowały się nasiona odmian: Kujawski, Merlin i Komandor, a najwyższą: Terno, Agra, Profi i Brutus. Przedstawione w pracy wyniki zakresu pojemności hydratacyjnej nasion są porównywalne z danymi literaturowymi, ale tylko z tymi, dla których pojemność hydratacyjną, tj. przyrost masy nasion po moczeniu wyrażano w procentach lub w jednostkach masy nasion przed moczeniem (Wang i in. 2003, 2005, 2010; An i in. 2010), a nie w przeliczeniu na nasienie jak w pracach Blacka i in. (1998) czy Singha i in. (2010). Według Ana i in. (2010) właściwości hydratacyjne nasion są istotne z punktu widzenia przetwórstwa. Nasiona odmian pożądaných powinny odznaczać się pojemnością hydratacyjną na poziomie $\geq 110\%$ w przeliczeniu na suchą masę nasion. Uwzględniając fakt, że nasiona badanych odmian posiadały wilgotność równoważną ca. 10%, to połowa z testowanych genotypów charakteryzowała się pojemnością hydratacyjną na poziomie $\geq 110\%$ s.m.

Innym parametrem związanym z właściwością absorpcyjną nasion jest elektroprzewodnictwo roztworów po moczeniu nasion. Średnia wartość tego parametru dla badanego zestawu odmian grochu wyniosła $26,51 \mu\text{S cm}^{-1}\text{g}^{-1}$, przy rozpiętości od 20,20 do $34,44 \mu\text{S cm}^{-1}\text{g}^{-1}$. Najwyższym elektroprzewodnictwem charakteryzowały się roztwory po moczeniu nasion odmian: Stig, Merlin, Komandor, Kavalir i Terno. Wartości średnie i zakres dla genotypów wskazują na różnice odmianowe dla elektroprzewodnictwa eksudatów. Nasiona odmian o wyższej pojemności hydratacyjnej i wyższej zawartości popiołu charakteryzowały się wyższym elektroprzewodnictwem roztworów po moczeniu.

Absorpcja wody przez nasiona często rozpatrywana była w powiązaniu z czasem gotowania, który to jest głównym kryterium w ocenie wartości kulinarnej. Długi czas gotowania jest jednym z powodów ograniczającym szerszą akceptację i wykorzystanie nasion strączkowych w żywieniu oraz wpływa na pogorszenie wartości odżywczej (Walker i Kochhar, 1982; Wang i in., 2010). Średni czas gotowania (CG 50%) dla całej grupy wyniósł 15,7 min., przy rozpiętości dla odmian od 9,1 do 23,6 minut, a CG 80% od 13,7 do 35,7 min. (tab. 3). Najkrótszym czasem gotowania odznaczały się nasiona odmian: Stig, Brutus, Profi, Kavalir; nieznacznie dłuższy czas gotowania stwierdzono u odmian: Agra, Medal, Bohun i Goplik, natomiast najdłuższym nasiona odmian: Turkus, Santana, Kujawski i Set. Genotypy o długim czasie gotowania CG 50% charakteryzowały się gorszą równomiernością gotowania nasion, tj. wymagały dłuższego czasu CG 80%. Uzyskane wyniki dotyczące czasu gotowania nasion grochu są w zgodności z wynikami prezentowanymi w pracach Wanga i in. (2003, 2005, 2010). Jest to rezultatem stosowania podobnej metodyki w ocenie tego parametru, tj. moczenia nasion w wodzie destylowanej przez 16 godzin i następnie ocenie czasu gotowania na urządzeniu Mattsona. Dla porównania, czas gotowania nasion nie moczonych różnych genotypów grochu mieścił się w przedziale 51–180 minut w badaniach Blacka i in. (1998), 81–163 minuty w pracy Bishnoia i Khetarpaula (1993), 45–80 minut w badaniach Singha i in. (2010) lub

w przedziale 96 do 148 minut w pracy Prusińskiego i Strychalskiej (2007) oznaczony z wykorzystaniem wiskozymetru BZ-3.

Analiza współzależności pomiędzy badanymi cechami nasion badanej grupy odmian grochu wykazała istotną negatywną korelację pomiędzy masą 1000 nasion a zawartością białka i udziałem łuski w nasionach. Wskazuje to, że nasiona drobniejsze charakteryzowały się wyższą zawartością białka i wyższym udziałem łuski w masie nasion (tab. 4). Zależności tego typu prezentowano w innych pracach (Black i in., 1998). Podobnie jak w pracy Wanga i in. (2010), nie stwierdzono istotnych zależności pomiędzy MTN a zawartością popiołu, elektroprzewodnictwem czy pojemnością hydratacyjną, która to według Singha i in. (2010) była dodatnio skorelowana z ciężarem nasion. Ponadto w badaniach własnych pojemność hydratacyjna nasion była dodatnio skorelowana z zawartością łuski, popiołu i elektroprzewodnictwem roztworów.

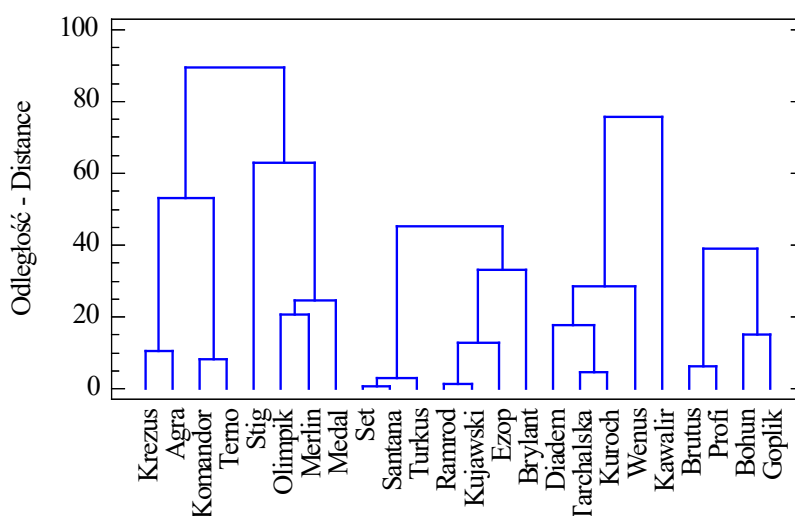
Tabela 4

Charakterystyka wydzielonych grup jednorodnych dla ocenianych odmian grochu siewnego
The characteristics of separated homogenous groups for the tested field pea cultivars

Cechy Parameters	Jednostki Units	Średnie dla grup odmian Mean for homogenous groups of cultivars			
		1	2	3	4
MTN — 1000 seed weight	(g)	247	284	264	228
Białko — Protein	(%)	23,01	22,62	21,85	22,38
Popiół — Ash	(% s.m.) (% dry w.)	3,14	3,08	3,07	3,24
Łuska — Seed coat	(% s.m.) (% dry w.)	8,20	7,88	7,68	8,51
Hydratacja — Hydration capacity	(%)	103	99	100	104
Elektroprzewodnictwo — Electroconductivity	($\mu\text{S cm}^{-1}\text{g}^{-1}$)	29,6	24,1	26,6	24,5
Czas gotowania 50% — Cooking time 50%	(min.)	14,3	20,2	14,0	12,4
Czas gotowania 80% — Cooking time 80%	(min.)	21,0	28,1	21,8	18,3

Czas gotowania był dodatnio skorelowany z ciężarem nasion i zawartością białka podobnie jak w pracy Blacka i in. (1998) i ujemnie z zawartością łuski, popiołu, elektroprzewodnictwem eksudatów i pojemnością hydratacyjną. Istotną ujemną korelację pomiędzy przyrostem masy nasion w procesie ich moczenia oraz elektroprzewodnictwem eksudatów a czasem gotowania wykazano w pracy Prusińskiego i Strychalskiej (2007) oraz Wanga i in. (2003), co wskazuje na możliwość wykorzystania tego parametru w pracach selekcyjnych jako pośredniej metody oceny czasu gotowania. Podobne zależności czasu gotowania i pojemności hydratacyjnej uzyskano w badaniach z fasolą na suche nasiona (Boros, 2003; Boros, Wawer, 2006).

W celu wyodrębnienia grup genotypów podobnych wielocechowo przeprowadzono analizę podobieństwa względem parametrów technologicznych nasion w/w grupy odmian grochu za pomocą analizy skupień metodą Warda (rys. 1). Wydzielono 4 grupy odmian podobnych (grupy jednorodne) pod względem 8 badanych cech (rys. 1). Ze względu na wzajemne ujemne skorelowanie cech trudne jest wskazanie grupy genotypów odznaczających się najwyższą wartością użytkową. Pierwsza grupa licząca 8 odmian, charakteryzuje się najwyższą zawartością białka, elektroprzewodnictwem roztworów i hydratacją, przy średnich wartościach pozostałych cech (tab. 5).



Rys. 1. Klasyfikacja odmian grochu siewnego na grupy wielocechowo jednorodne metodą Warda
Fig. 1. Classification of field pea cultivars into homogenous groups with the Ward's method

Tabela 5

Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi charakteryzującymi nasiona odmian grochu siewnego
(n=48)
Correlation coefficients amongst variables characterizing seeds of tested field pea cultivars (n=48)

Cechy Parameters	1	2	3	4	5	6	7
1. MTN — 1000 seed weight	—						
2. Białko — Protein	-0,32*	—					
3. Popiół — Ash	-0,59**		—				
4. Łuska — Seed coat		-0,63**	0,39**	—			
5. Hydratacja — Hydration capacity		-0,40**	0,48**	0,59**	—		
6. Elektroprowadność — Electroconductivity		-0,56**		0,63**	0,48**	—	
7. Czas gotowania 50% — Cooking time 50%	0,40**	0,35*	-0,43**	-0,52**	-0,56**	-0,43**	—
8. Czas gotowania 80% — Cooking time 80%	0,30*	0,40**	-0,44**	-0,64**	-0,54**	-0,51**	0,92**

* Istotność przy $p < 0,05$; * Significant at $p < 0,05$

** Istotność przy $p < 0,01$; ** Significant at $p < 0,01$

W drugiej grupie znalazło się 7 odmian, o najdłuższym czasie gotowania, najwyższej MTN, średniej zawartości białka, niskiej zawartości popiołu oraz łuski i najniższej hydratacji. Grupę trzecią, w liczbie 5 odmian, charakteryzowały wartości średnie dla poszczególnych cech. W grupie 4 znalazły się 4 odmiany o najkrótszym czasie gotowania, najniższej MTN, zawartości popiołu, hydratacji i średnim poziomie zawartości białka.

PODSUMOWANIE

Stwierdzono istotność różnic genotypowych, lat zbioru oraz współdziałania genotypy × lata dla każdej z badanych cech nasion. Zidentyfikowano odmiany o skrajnie odbiegających wartościach dla poszczególnych cech.

Istotność współdziałania genotypy × lata wskazuje na różną reakcję odmian na warunki sezonu wegetacyjnego. Dlatego też przy wyborze genotypów o korzystnych parametrach technologicznych nasion celowym wydaje się być ocena ich stabilności w zależności od warunków pogodowych.

Zastosowana metoda podziału badanych odmian grochu, oparta na analizie skupień metodą Warda, z zastosowaniem kwadratu odległości euklidesowej jako miary odległości, pozwoliła wydzielić 4 grupy jednorodne pod względem ośmiu cech nasion. Uzyskane wyniki mogą być wykorzystane przez hodowców w procesie tworzenia nowych odmian.

LITERATURA

- An D., Arntfield S. D., Beta T., Cenkowski S. 2010. Hydration properties of different varieties of Canadian field peas (*Pisum sativum*) from different locations. *Food Res. Inter.* 43: 520 — 525.
- AOAC 1990. Association of Official Analytical Chemists, Official Methods of Analysis, 15th Edition. Arlington, Virginia, USA. AOAC 923.03 method.
- Bishnoi S., Khetarpaul N. 1993. Variability in physico-chemical properties and nutrient composition of different pea cultivars. *Food Chem.* 47: 371 — 373.
- Black R. G., Brouwer J. B., Meares C., Iyer L. 1998. Variation in physico-chemical properties of field peas (*Pisum sativum*). *Food Res. Inter.* 31(2): 81 — 86.
- Boros L. 2003. Variation in physical and chemical properties and cooking time of dry bean seeds. *Veget. Crops Res. Bull.* 58: 63 — 68.
- Boros L., Wawer A. 2006. Genetic variability and interrelationships between traits for agronomic performance and seeds culinary quality of dry bean lines and their parents. *Veget. Crops Res. Bull.* 65: 29 — 37.
- Campos-Vega R., Loarca-Pina G., Oomah B. D. 2010. Minor components of pulses and their potential impact on human health. *Food Res. Inter.* 43: 461 — 482.
- Dilis V., Trichopoulou A. 2009. Nutritional and health properties of pulses. *Mediterr. J. Nutr. Metab.*, 1: 149 — 157.
- FAOSTAT 2009. <http://faostat.fao.org>.
- Leterme P. 2002. Recommendation by health organizations for pulse consumption. *British J. Nutr.* 88, Suppl.3: 239 — 242.
- Mathers J. C. 2002. Pulses and carcinogenesis: potential for the prevention of colon, breast and other cancers. *Brit. J. Nutr.* 88(Suppl.3): 273 — 279.
- McCrory M. A., Hamaker B.R., Lovejoy J.C., Eichelsdoerfer P.E. 2011. Pulse consumption, satiety and weight management. *Adv. Nutr.* 1: 17 — 30.
- Nikolopoulou D., Grigorakis K., Stasing M., Alexis M.N., Iliadis K. 2007. Differences in chemical composition of field pea (*Pisum sativum*) cultivars: Effects of cultivation area and year. *Food Chem.* 103: 847 — 852.
- Prusiński J., Strychalska A. 2007. Physicochemical properties determining the cooking time of pea (*Pisum sativum* L.) seeds. *Plant Breed. & Seed Sci.* 55: 21 — 31.
- Singh N., Kaur N., Rana J.Ch., Dharma S.K. 2010. Diversity In seed and flour properties in field pea (*Pisum sativum*) germplasm. *Food Chem.* 122: 518 — 525.
- Walker A. F., Kochhar N. 1982. Effect of processing including domestic cooking on nutritional quality of legumes. *Proc. Nutr. Soc* 41: 41 — 51.
- Wang N., Daun J. K., Malcolmosn L.J. 2003. Relationship between physicochemical and cooking properties, and effects of cooking on antinutrients, of yellow field peas (*Pisum sativum*). *J. Sci. Food & Agric.* 83(12): 1228 — 1237.

- Wang N., Daun J. K. 2005. Determination of cooking times of pulses using an automated Mattson cooker apparatus. *J. Sci. Food & Agri.* 85: 1631 — 1635.
- Wang N., Hatcher D. W., Gawalko E. J. 2008. Effect of variety and processing on nutrients and certain anti-nutrients in field peas (*Pisum sativum*). *Food Chem.* 111: 132 — 138.
- Wang N., Hatcher D. W., Warkentin T. D., Toews R. 2010. Effect of cultivar and environment on physicochemical and cooking characteristics of field pea (*Pisum sativum*). *Food Chem.* 118: 109 — 115.

KATARZYNA PANKIEWICZ

WOJCIECH RYBIŃSKI

ZYGMUNT KACZMAREK

Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Ocena zmienności fenotypowej i molekularnej okrągłonasiennej formy lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Estimation of variability on phenotypic and molecular level of spherical-seeded form of grasspea (*Lathyrus sativus* L.)

Obiekty badawcze stanowiły: mutant o okrągłych nasionach, odmiany Derek i Krab, jako potencjalny materiał z którego wywodzi się wyselekcjonowana okrągłonasienna forma oraz o obiekt kolekcyjny z Włoch (typowy przedstawiciel lędźwianów Południowej Europy). Zmienność cech na poziomie fenotypowym oceniano w oparciu o wyniki dwuletnich doświadczeń polowych w latach 2008 i 2009 założonych w czterech zróżnicowanych glebowo miejscowościach wykorzystując w tym celu wielocechową analizę statystyczną. Zmienność genetyczną wyrażoną stopniem podobieństwa genetycznego oceniano za pomocą markerów ISSR. Ponadto, oceniano skład chemiczny nasion w odniesieniu do zawartości białka, tłuszczu, profilu kwasów tłuszczowych oraz neurotoksyny — β -ODAP. Wykazano, że kulista forma lędźwianu pod względem takich cech jak: liczba rozgałęzień i strąków z rośliny, długość strąka, masa nasion ze strąka, liczba nasion z rośliny, a zwłaszcza masa 1000 nasion różni się istotnie od odmian Derek i Krab, a wszystkie trzy formy reprezentują inny morfotyp i poziom cech plonotwórczych w porównaniu z obiektem z Włoch. Ponadto, kulista forma charakteryzowała się wyższą niż u pozostałych form zawartością białka i tłuszczu, z dominującą zawartością kwasu oleinowego w profilu kwasów tłuszczowych. Wszystkie rodzime formy lędźwianu charakteryzowały się zbliżoną zawartością w nasionach neurotoksyny — β -ODAP z wyraźnie wyższą jej zawartością u formy z Włoch. Wykreślony dendrogram na podstawie wyników analizy ISSR wskazuje, że krajowe formy charakteryzują się znacznym podobieństwem genetycznym i wyraźną odrębnością od włoskiej formy. Wyniki na poziomie fenotypowym uzyskane z doświadczeń polowych wskazują ponadto, że spontaniczna mutacja kształtu nasion powstała z dużym prawdopodobieństwem w obrębie materiału populacyjnego z którego pochodzi odmiana Derek, aczkolwiek na poziomie molekularnym mutant wykazywał bliższe podobieństwo do odmiany Krab.

Słowa kluczowe: doświadczenia polowe, *Lathyrus sativus*, markery ISSR, mutant okrągłonasienny, skład chemiczny nasion, struktura plonowania

A mutant with spherical seeds was investigated together with two Polish cultivars: Derek and Krab (most probable ancestors of the mutant) as well as an Italian grasspee line, typical for South-Western Europe (Mediterranean Basin region). Variation of traits on phenotypic level was estimated basing on results obtained from field trials conducted in four locations in 2008 and 2009. The multivariate analysis

method was used. Genetic variation, expressed by degree of genetic similarity, was established with the use of ISSR markers. Moreover, content of protein, fat, fatty acid composition and neurotoxin content (β -ODAP) in seeds was estimated. The obtained results indicated, that the spherical-seeded mutant, as compared to the cultivars Derek and Krab, was significantly different in the following traits: number of branches and pods per plant, pod length, weight of seeds per pod, seeds number per plant, as well as weight of 1000 seeds. Moreover, all three Polish forms represented different morphotype and yield structure parameters than the Italian line. The seeds of spherical-seeded mutant showed higher content of protein and fat as compared to another analyzed forms, with domination of oleic acid in fatty acids composition. All Polish accessions were similar in neurotoxin content in seeds, markedly lower in comparison to the Italian line. Results of hierarchical grouping (after use of the ISSR method) were presented on the dendrogram which indicated that the cultivars and spherical-seeded mutant showed high level of genetic similarity and markedly differed from the Italian line. The results obtained on the phenotypic level from field trials, estimated with use of multivariate statistics, indicated the population from which the cultivar Derek was derived as the most probable ancestor of the spherical seed mutant, however on the molecular level the mutant showed closer genetic similarity to the cultivar Krab.

Key words: chemical composition of seeds, field trials, ISSR markers, *Lathyrus sativus*, spherical-seeded mutant, yield-contributing traits

WSTĘP

Biorąc pod uwagę zachodzące zmiany klimatyczne i priorytetowe znaczenie w tym kontekście odporności roślin na stresy abiotyczne, w ostatnim czasie coraz większego znaczenia nabierają prace badawcze nad niedocenianymi i marginalnymi gatunkami roślin. W obrębie rodzaju *Lathyrus* należy do nich niewątpliwie lędźwian siewny. Rodzaj *Lathyrus* należy do plemienia *Vicieae*, do którego należą tak ważne gatunki roślin strączkowych cywilizacji śródziemnomorskiej jak: bobik (*Vicia faba* L.), groch siewny (*Pisum sativum* L.) czy soczewica (*Lens culinaris* L.). Według Allkin i in. (1983) do rodzaju *Lathyrus* zalicza się 187 gatunków obecnych zarówno na terenie Starego – jak i Nowego Świata. Najbardziej rozpowszechnionym gatunkiem użytkowym z rodzaju *Lathyrus* jest lędźwian siewny (*Lathyrus sativus* L.), który był już uprawiany na Bałkanach około 8000 lat przed Chrystusem. Również wykopaliska archeologiczne prowadzone w Turcji i Iraku wskazują, że gatunek ten był od dawna uprawiany w tych krajach.

Według Milczaka i in. (1997, 2001) lędźwian siewny trafił na ziemie polskie na Podlasie wraz z osadnictwem tatarskim w XVII wieku. Prawdopodobnie w początkowym okresie towarzyszył on soczewicy jako chwast i stopniowo w miarę wypierania soczewicy na obszary o mniej korzystnych warunkach klimatyczno-glebowych na znaczeniu zyskiwać zaczęła uprawa lędźwianu siewnego. Pierwszym obiektem badań rozpoznawczych w Polsce w 1991 roku była populacja miejscowa lędźwianu ze wsi Derewiczna oznaczona symbolem DER. Populacja ta, jak również inne genotypy, posłużyły w 1992 roku do oceny ich plonowania (Milczak i in., 1997). Równoległe z rozwijającymi się badaniami prowadzono hodowlę twórczą lędźwianu we współpracy z AR Lublin - "Spójnia" Nochowo. Współpraca ta zaowocowała wpisaniem w roku 1998 do Rejestru Oryginalnych Odmian Roślin Warzywnych dwóch odmian lędźwianu Derek i Krab.

W Polsce mamy przewagę gleb lżejszych i piaszczystych, stanowiących 60% wszystkich gruntów ornych. Na glebach tych tradycyjnie uprawia się żyto, ziemniaki, czasem seradellę, łubin czy owies, a nie wysokobiałkowe rośliny strączkowe jak groch czy

bobik wymagające znacznie lepszych stanowisk. Lędzwan siewny ma małe wymagania siedliskowe i dlatego może być konkurencyjny (alternatywny) do wyżej wymienionych gatunków. Według danych literaturowych pośród wszystkich gatunków roślin strączkowych lędzwan charakteryzuje się wyjątkową tolerancją na stresy abiotyczne (Campbell i in., 1994). Gatunek ten w warunkach krajowych jest w zasadzie wolny od chorób i szkodników typowych dla innych roślin strączkowych, a według opinii licznych autorów jego największą zaletą jest unikalna tolerancja na suszę i możliwość uprawy na glebach lekkich, nawet V i VI klasy (Dziamba, 1997). Jest to szczególnie istotne z uwagi na cykliczne okresy suszy obserwowane w ostatnich latach wskutek globalnych zmian klimatycznych. Stąd lędzwan siewny został uznany za gatunek proekologiczny i modelową roślinę dla potrzeb zrównoważonego rolnictwa (Vaz Patto i in., 2006). Ponadto, w podsumowaniu wyników zawartości białka ocenianego w pracach dziesięciu różnych autorów, jego średnia zawartość wynosiła 29,6% w zakresie od 26,3 do 34,3% (Hanbury i in., 2000).

W roku 1992 w populacji lędzwanu siewnego z Podlasia (z której wywodzą się odmiany Derek i Krab), Profesor Milczak (UP Lublin) zaobserwował wśród zebranych z tych roślin nasion niewielką liczbę całkowicie okrągłych, przy kanciasto-toporkowatych nasionach typowych dla wszystkich populacji z Podlasia, a także innych form lędzwanu. Nasiona tej formy Profesor Milczak przekazał do kolekcji marginalnych roślin strączkowych IGR PAN, umożliwiając badania nad tą formą na poziomie fenotypowym i molekularnym. Jest to główny cel prezentowanej pracy, a obiekty badawcze poszerzono o odmiany Derek i Krab, oraz o obiekt kolekcyjny z Włoch, jako typowego przedstawiciela lędzwanów Południowej Europy.

MATERIAŁ I METODY

W roku 1992 w populacji lędzwanu siewnego z Podlasia (z której wywodzą się odmiany Derek i Krab), Profesor Milczak (UP Lublin) stwierdził po zbiorze roślin obecność niewielkiej liczby całkowicie okrągłych nasion, przy kanciasto-toporkowatych nasionach typowych dla wszystkich populacji z Podlasia a także innych form lędzwanu. Nasiona tej formy Profesor Milczak przekazał do kolekcji marginalnych roślin strączkowych IGR PAN, umożliwiając badania nad nią na poziomie fenotypowym i molekularnym. Materiał do badań stanowiła okrągłonasienna forma (prawdopodobnie mutant spontaniczny) lędzwanu siewnego, dwie krajowe odmiany: Derek i Krab oraz włoska linia S 79 (LAT 4064/1) uzyskana z Banku Genów w Gatersleben (Niemcy). Nasiona wyżej wymienionych obiektów w latach 2008 i 2009 posłużyły do założenia doświadczeń polowych. Mimo, że średnia opadów w obydwu latach (dane ZD Przybroda, UP Poznań) w okresie wegetacji od marca do końca sierpnia była zbliżona (odpowiednio; 457,4 i 431,4 mm) to istotne różnice obserwowano w poszczególnych miesiącach (tab. 1).

Tabela 1

**Poziom opadów i średnie temperatury w okresie doświadczeń polowych w roku 2008 i 2009
w porównaniu z rokiem 2010**
**Level of rainfall (mm) and air temperature during field trials period of 2008–2009 in comparison
to 2010**

Miesiąc Month	Opady (mm) — Rainfall (mm)						Temperatura (°C) Temperature (°C)		
	2008		2009		2010		2008	2009	2010
	suma total	dekady decade	suma total	dekady decade	suma total	dekady decade			
Marzec March	57,4	2,0 12,5 42,9	54,2	9,8 15,0 29,4	46,6	10,6 4,4 31,6	3,5	5,5	4,1
Kwiecień April	112,4	18,0 38,2 56,2	19,6	0,2 4 15,4	19,4	1,4 2,8 15,2	7,9	11,7	9,1
Maj May	16,8	1,0 6,0 9,8	85,4	12,4 12,8 60,2	70,6	34,4 32,4 3,8	13,7	12,5	12,5
Czerwiec June	30,4	14,0 6,6 9,8	160	61,8 24,8 73,4	33,4	2,2 20,0 11,2	17,3	14,6	18,0
Lipiec July	124,0	23,0 38,8 62,2	79,4	33,4 34 12	86,0	10,0 1,8 74,2	19,0	18,5	22,0
Sierpień August	116,4	10,4 83,8 22,2	32,8	15,2 17,6 0	153,6	51,4 43,8 58,4	17,6	18,8	18,5
Suma III – VIII Total III - VIII	457,4	—	431,4	—	409,6	—	—	—	—

W przeciwieństwie do roku 2009, rok 2008 charakteryzował się silnym niedoborem wody w maju i czerwcu (16,8 i 30,4 mm) i bardzo wysokim poziomem opadów w lipcu i sierpniu (124 i 116,4 mm). Doświadczenia polowe zakładano metodą kompletnych bloków losowanych w trzech powtórzeniach i czterech lokalizacjach: Przybroda — ZD Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu (gleba klasy IIIa), Przebędowo — HR Smolice (IVa) oraz Cerekwica — Pole Doświadczalne IGR PAN (dwie lokalizacje: IIIb i IVb). Rozstawa między rzędami wynosiła 60 cm a w rzędzie nasiona umieszczano co 30 cm. W okresie wegetacji prowadzono opis cech botanicznych, a po indywidualnym zbiorze roślin na 15 losowo wybranych roślinach w każdym powtórzeniu oceniano: wysokość roślin, wysokość osadzenia pierwszego od podstawy rośliny strąka, liczbę rozgałęzień z rośliny, ogólną liczbę strąków z rośliny, liczbę strąków z nasionami, długość i szerokość strąka, liczbę i masę nasion ze strąka, liczbę nasion z rośliny oraz wartość MTN. Uzyskane nasiona wykorzystano do oceny zawartości białka, tłuszczu oraz analizy składu kwasów tłuszczowych i β -ODAP. Zawartość białka oznaczano metodą Kjeldahla. Procentową zawartość tłuszczu w nasionach określano metodą wagową przez ekstrakcję tłuszczu w aparacie Soxhleta, a zawartość kwasów tłuszczowych przy wykorzystaniu chromatografu (Hewlett Packard, Gas Chromatograph 5890) i kolumny kapilarnej (30 m, RTX-225).

Zawartość neurotoksyny β -ODAP określana była według metody opracowanej przez Rao (1978) i Briggs i in. (1983) z modyfikacjami autorskimi (Pankiewicz i Rybiński, 2008).

Wyniki uzyskane z doświadczeń polowych, jak i z laboratoryjnej oceny nasion, opracowano statystycznie wykorzystując w tym celu wielocechową metodę analizy statystycznej. Ocenę i wyniki testowania porównań średnich między obiektami przedstawiono w formie kontrastu (Caliński i in., 1976, Ceranka i in., 1997). Podobieństwo między analizowanymi formami pod względem wszystkich badanych cech wyrażono odległościami Mahalanobisa. Zastosowano analizę zmiennych kanonicznych (Camussi i in., 1985; Rencher, 1992). Umożliwiła ona zobrazowanie odległości wielocechowych obiektów z metryką odległości Mahalanobisa w formie graficznej i w ten sposób ułatwić grupowanie i ich wielocechową charakterystykę.

Ocenę podobieństwa genetycznego ocenianych form prowadzono z użyciem 22 wcześniej wyselekcjonowanych markerów ISSR. Dla każdej z odmian/form badano po sześć roślin. DNA wyizolowano z 15 dniowych siewek rosnących w szklarni metodą CTAB (Murray i Thompson, 1980). Reakcje przeprowadzono według następującego schematu: 94°C przez 3 min, 40 cykli: 94°C — 60s, 50°C — 60s i 72°C — 120s, a następnie 72°C przez 8 min. Produkty amplifikacji rozdzielano w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny w stężeniu 0,5 mg/L przy napięciu 110 V przez 100 minut. Obecność prążka oznaczono symbolem 1, a jego brak 0. Wyniki analizowane były przy użyciu programu UVIMAP w funkcji Nei i Li (1979):

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

gdzie N_{ij} oznacza liczbę prążków występujących w obu genotypach, natomiast N_i oraz N_j oznaczają liczbę prążków charakterystycznych dla danego genotypu. Wartość GS_{ij} oznacza indeks podobieństwa pomiędzy dwoma badanymi genotypami. Uzyskane wyniki przedstawiono w formie dendrogramu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Lędźwian siewny jest uprawiany zarówno na terenie Starego, jak i Nowego Świata. Jego uprawa koncentruje się przede wszystkim w Bangladeszu, Chinach, Indiach, Nepalu i Pakistanie i w mniejszym zakresie w wielu krajach Europy, środkowego wschodu, północnej Afryce, a także Ameryce Południowej: w Chile i Brazylii. Zmienność cech fenotypowych wiąże się z geograficznym pochodzeniem lędźwianów. Według Smartt (1984) biało kwitnące rośliny są typowe dla regionu Śródziemnomorskiego, a niebiesko kwitnące przeważają w miarę przesuwania się w kierunku południowo-wschodniej Azji, co dotyczy także Nepalu, Bangladeszu i Pakistanu, przy czym rzadziej rośliny charakteryzowały się kwiatem czerwonym, a w Bangladeszu kwiatem różowym. Krajowe formy lędźwianu (podobnie jak większość form w krajach ościennych) charakteryzują się białą barwą kwiatów (Rybiński i in., 2008) i tą barwą odznaczały się krajowe obiekty kolekcyjne analizowane w prezentowanej pracy. Na znaczną korelację między barwą kwiatu, a barwą okrywy nasiennej wskazuje Desphande i Campbell (1992) stwierdzając, że biało-kwitnące

rośliny wytwarzały jasne nasiona, a barwnie kwitnące, nasiona ciemne. Linie lędźwianu o białych czy kremowych nasionach najczęściej znajdowano pośród form europejskich a linie wytwarzające nasiona barwne są raczej typowe dla materiałów z Etiopii czy subkontynentu indyjskiego, o niższej MTN. Kształt nasion może być kanciasty, toporkowaty, romboidalny czy romboidalno-trójkątny z tym, że niektóre duże nasiona z Włoch bywają mniej lub bardziej romboidalnie spłaszczone (Rybiński i in., 2008; Grela i in., 2010). Stąd ewenementem w skali światowej jest okrągłonasienny (kulisty) spontaniczny mutant o jednolicie jasnej barwie okrywy nasiennej znaleziony przez Prof. Milczaka w materiałach populacyjnych pochodzących z Podlasia, a będący głównym obiektem prezentowanych badań.

W tabeli 2 przedstawiono wartości średnich dla cech ocenianych na podstawie doświadczeń polowych jak i składu chemicznego nasion.

Tabela 2

Wartości średnich dla cech z doświadczeń polowych oraz analiz składu chemicznego nasion
Means for traits from field trials and analyzes of chemical composition of seeds

Cechy Traits	Obiekty — Objects			
	Derek	Krab	Mutant	S 79
Wysokość roślin (cm) — Plant height	53,97	64,71	67,7	61,56
Wysokość osadzenia najniższego strąka (cm) — Height of the lowest pod	14,95	17,68	15,59	14,04
Liczba rozgałęzień z rośliny — No. of branches/plant	7,49	8,86	6,37	7,77
Ogólna liczba strąków z rośliny — No. of all pods/plant	71,36	78,47	56,45	58,96
Liczba strąków z rośliny z nasionami — No. of pods with seeds/plant	62,46	73,66	50,53	52,84
Długość strąka (cm) — Pod length	3,39	3,55	2,92	3,74
Szerokość strąka (cm) — Pod width	1,07	1,14	1,10	1,37
Liczba nasion ze strąka — No. of seeds/pod	3,43	3,04	3,00	1,86
Masa nasion ze strąka (g) — Weight of seeds/pod	0,41	0,54	0,26	0,61
Liczba nasion z rośliny — No. of seeds/plant	169,4	184,95	137,19	85,77
MTN (g) — Weight of 1000 seeds	133,39	179,09	86,07	330,0,2
Zawartość białka (%) — Protein content	25,6	25,4	28,6	27,0
Zawartość tłuszczu (%) — Fat content	0,8	0,9	1,05	0,86
Kwas palmitynowy (%) — Palmitic acid	7,56	7,77	7,51	7,07
Kwas stearynowy (%) — Stearic acid	4,47	4,25	4,11	5,02
Kwas oleinowy (%) — Oleic acid	28,07	27,9	33,35	30,93
Kwas linolowy (%) — Linolic acid	48,23	48,71	44,93	47,57
Kwas linolenowy (%) — Linolenic acid	9,51	9,32	9,0	9,16
Zawartość neurotoksyn β -ODAP (%) — Content of neurotoxin β -ODAP	1,09	1,01	1,02	1,52

W porównaniu z pozostałymi obiektami mutant okrągłonasienny charakteryzował się dłuższymi pędami, niższą liczbą rozgałęzień z rośliny, strąków z rośliny, krótszym strąkiem, niższą masą nasion ze strąka, a przede wszystkim silną redukcją masy pojedynczego nasiona, co znalazło odzwierciedlenie w bardzo niskiej wartości MTN, nie przekraczającej 90 g. Odmiana Derek najbardziej różniła się od odmiany Krab pod względem wysokości roślin, powiazaną z tą cechą wysokością osadzenia najniższego strąka, wyższą liczbą nasion ze strąka przy niższej masie jak i niższą liczbą nasion z rośliny i wartością MTN. Na tle krajowych odmian włoska forma S 79 wyróżniała się między innymi dłuższym i szerszym strąkiem, co skutkowało bardziej eliptycznym kształtem strąka, niższą liczbą nasion w strąku przy ich wyższej masie, a przede wszystkim wysoką

masą pojedynczego nasiona co rzutowało na wysoką wartość MTN, powyżej 300 g. Pod względem składu chemicznego nasion, mutant w porównaniu z pozostałymi obiektami, charakteryzował się najwyższą zawartością białka i tłuszczu, a w profilu kwasów tłuszczowych wysoką zawartością kwasu oleinowego, zwłaszcza w odniesieniu do obydwu odmian. Na uwagę zasługuje wyrównana i niższa zawartość antyżywnieniowego związku neurotoksyny (β -ODAP) u form krajowych w porównaniu z włoską formą S 79.

Dla porównania mutantu z pozostałymi obiektami kolekcyjnymi pod względem każdej z cech wyliczono wartości kontrastu (tab. 3).

Tabela 3

Ocena wartości kontrastu dla cech w porównaniach mutantu z pozostałymi obiektami
Contrast estimation for the traits in comparisons between mutants and remaining accessions

Cechy Traits	Rodzaj kontrastu Kind of contrast		
	mutant — Derek	mutant — Krab	mutant — S 79
Wysokość roślin (cm) — Plant height	13,72**	2,98	6,14
Wysokość osadzenia najniższego strąka — High of the lowest pod (cm)	0,63	-2,09**	1,54**
Liczba rozgałęzień z rośliny — No of branches/plant	-1,12**	-2,49**	-1,39**
Ogólna liczba strąków z rośliny — No. of all pods/plant	-14,91**	-22,01**	-2,5*
Liczba strąków z rośliny z nasionami — No. of pods with seeds/plant	-12,12**	-23,32**	-2,5**
Długość strąka (cm) — Pod length	-0,47**	-0,63**	-0,81**
Szerokość strąka (cm) — Pod width	0,03	-0,04	-0,27**
Liczba nasion ze strąka — No. of seeds/pod	-0,43**	-0,039	1,13**
Masa nasion ze strąka (g) — Weight of seeds/pod	-0,14**	-0,27**	-0,35**
Liczba nasion z rośliny — No. of seeds/plant	-32,21**	-47,75**	51,41**
MTN (g) — Weight of 1000 seeds	-47,31**	-93,01**	-243,94**
Zawartość białka (%) — Protein content	2,94**	3,11**	1,51*
Zawartość tłuszczu (%) — Fat content	0,25	0,15	0,19
Kwas palmitynowy (%) — Palmitic acid	-0,05	-0,26	0,44
Kwas stearynowy (%) — Stearic acid	-0,36	-0,14	-0,91*
Kwas oleinowy (%) — Oleic acid	5,28	5,45	2,41
Kwas linolowy (%) — Linolic acid	-3,3	-3,78	-2,64
Kwas linolenowy (%) — Linolenic acid (%)	-0,51	-0,33	-0,16
Zawartość neurotoksyn β -ODAP (%) — Content of neurotoxin — β -ODAP	-0,07	0,014	-0,48*

*Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0,05$

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

Pod względem cech fenotypowych i struktury plonowania mutant różnił się istotnie od odmian: Derek, Krab i formy S 79 pod względem odpowiednio: dziewięciu, ośmiu i dziesięciu cech, a składu chemicznego nasion: jednej, jednej i trzech cech. Większa część kontrastów w odniesieniu do cech struktury plonowania przyjmowała wartości ujemne, wskazujące na niższe wartości cechy u mutantu w porównaniu z odmianami i formą S 79. Pod względem wysokości roślin mutant przewyższał pozostałe formy (tab. 2), aczkolwiek istotną i dodatnią wartość kontrastu uzyskano w porównaniu mutantu z odmianą Derek (tab. 3). W zależności od odmiany i warunków środowiskowych rośliny mogą osiągać różną wysokość. W badaniach nad europejskimi materiałami kolekcyjnymi w warunkach umiarkowanego stresu wodnego zakres wysokości roślin wynosił od 37,2 cm do 63,6 cm (Rybiński i in., 2008). W roku o normalnej wielkości opadów wysokość roślin wynosiła od 67,8 do 94,3 cm, a w bardziej suchym roku 2003 zakres zmienności tej cechy wynosił

zaledwie od 25,6 do 42,7 cm (Kozak i in., 2008). Analizując 1187 form z Indii wysokość roślin wynosiła od 15 do 68 cm (Pandey i in., 1995), w warunkach Kanady od 24 do 172 cm (Campbell, 1997) a w pracach Dżiamby (1997) od 60 do 120 cm. Ujemną i istotną wartość kontrastu między mutantem, a każdym z pozostałych obiektów uzyskano dla liczby rozgałęzień z rośliny. Jest ona niższa dla mutantu przy bardziej półwyprostowanym pokroju roślin w porównaniu z rozpostartym, typowym dla pozostałych obiektów. Według Mehry i in. (1995) formy kolekcyjne z Francji wykształcały średnio 5,2 rozgałęzień z rośliny, z Bangladeszu 5,7; z Cypru 5,5 a Etiopii, Afganistanu i Niemiec po 5,0. Mniejsza krzewistość mutantu wyrażona liczbą rozgałęzień miała wpływ na obniżenie liczby strąków z rośliny w porównaniu z pozostałymi obiektami i redukcję liczby nasion z rośliny (ujemne i istotne wartości kontrastu). W porównaniu z odmianami, a zwłaszcza formą S 79 mutant charakteryzował się istotnie krótszym strąkiem, niższą liczbą nasion w strąku niż odmiany, ale istotnie wyższą wartością tej ostatniej cechy w odniesieniu do wielkonasiennej włoskiej formy S 79. Masa nasion ze strąka u mutantu była istotnie niższa aniżeli u pozostałych obiektów. Krajowe odmiany charakteryzują się strąkiem podłużnym o długości do 4 cm, a niektóre wielkonasienne formy z Włoch czy Hiszpanii strąkiem szerszym i bardziej eliptycznym (Rybiński i in., 2008). Długość strąka może wahać się w granicach od 1,7 do 5,6 cm w warunkach Kanady (Campbell i in., 1997) i od 3,6 do 4,0 cm oraz od 2,9 do 3,1 cm odpowiednio w Indiach i Syrii (Mehra i in., 1995). Według Yadov (1995) drobnonasienne linie z Południowo-Wschodniej Azji wiążą z reguły więcej nasion w strąku (od 2 do 5), aniżeli linie o większych nasionach u form kanadyjskich, od 1 do 4 (Campbell, 1997). Największe zróżnicowanie mutantu w porównaniu z pozostałymi obiektami dotyczyło wartości MTN. MTN dla mutantu nie przekraczała 90 g przy wartościach 133; 179 i 330 g odpowiednia dla odmian Derek i Krab oraz włoskiej formy S 79 (tab. 2). Wartość kontrastu dla MTN w porównaniach mutantu była statystycznie istotna (tab. 3). Według Dżiamby (1997) wartości graniczne masy 1000 nasion dla ich podziału na drobnonasienne, średnio nasienne i grubonasienne wynoszą odpowiednio: 50-150 g; 150-250 g i powyżej 250 g. Pośród krajowych odmian Derek i Krab pierwsza z nich to forma drobnonasienna o masie 1000 nasion nie przekraczającej 130g, a druga średnio nasienna o masie w granicach do 200 g (Milczak i in., 1997). Zbliżone wartości MTN dla obu odmian uzyskano w prezentowanej pracy, zaliczając z kolei włoską linię S 79 do form grubonasiennych. Wysoką masę 1000 nasion uzyskano dla S 79, co potwierdza doniesienia Hammer i in. (1989) o obecności w południowych Włoszech linii o wyjątkowo dużych nasionach. W Australii pośród 451 form kolekcyjnych MTN wynosiła od 190 do 220 g (Hanbury i in., 1995), w Bangladeszu od 29,5 do 67,6 g (Sarvar i in., 1995), a w Kanadzie pośród 732 form od 56 do 288 g (Campbell, 1997). Formy drobnonasienne z reguły pochodziły z Azji południowo-wschodniej, a grubonasienne z terenów Morza Śródziemnego. U lokalnych linii z Hiszpanii zakres zmienności MTN wynosił od 138 do 368 g (De La Rossa i Martin, 2001).

Nasiona lędźwianu charakteryzują się wysoką zawartością białka, wynoszącą od 18,2 do 36% (Williams i in., 1994). Według Hanbury i in. (2000) od 26 do 34,3%, przy zawartości białka u grochu i bobiku wynoszącej 23 i 24 % (Pettersen i in., 1997) i niższej zawartości u lędźwianu aniżeli u łubinu (32%), a zwłaszcza soi — 42% (Ravindran i Blair,

1992). W prezentowanej pacy najwyższą zawartością białka (28,6%) charakteryzował się okrągłonasienny mutant (tab. 2). W porównaniach mutantu z pozostałymi obiektami uzyskane wartości kontrastu były istotne (tab. 3), wyższe w porównaniach z odmianami aniżeli z formą S 79. Również pod względem zawartości tłuszczu (1,05%) mutant przewyższał pozostałe obiekty aczkolwiek uzyskane różnice były statystycznie nieistotne. Nasiona lędźwianu, podobnie jak inne gatunki roślin strączkowych zawierają niewiele tłuszczu na poziomie około 0,6% (Duke, 1981; Williams i in., 1994). Według Hanbury i in. (2000) profil kwasów tłuszczowych lędźwianu jest podobny do nasion innych roślin strączkowych, u których najwięcej jest kwasu linolowego, a następnie kwasu oleinowego. Również w prezentowanej pracy w profilu kwasów tłuszczowych stwierdzono dominującą zawartość obydwu wyżej wspomnianych kwasów (tab. 2). Z wyjątkiem nieco wyższej zawartości u mutantu kwasu oleinowego i niższej kwasu linolowego (wartości statystycznie nieistotne) nie obserwowano istotnych różnic między badanymi obiektami pod względem składu kwasów tłuszczowych (tab. 3). Według Greli i Winiarskiej (1997) znaczny udział w tłuszczu kwasu linolowego, oleinowego oraz palmitynowego i linolenowego wskazuje, że tłuszcz nasion lędźwianu jest wysoce dietetyczny, zbliżony składem i przydatnością do oleju sojowego.

Z wyjątkiem neurotoksyn (β -ODAP) nasiona lędźwianu siewnego charakteryzują się korzystnym składem chemicznym (Grela i Winiarska, 1997) i są wykorzystywane do spożycia, a także w żywieniu zwierząt (Smulikowska i in., 2008). Rodzime odmiany i mutant charakteryzują się prawie identyczną zawartością β -ODAP, niższą aniżeli włoska linia S 79 (tab. 2). Wskazuje to na bezpieczniejsze spożywanie i skarmianie nasion krajowych form. Jak dotąd nie zidentyfikowano linii całkowicie wolnych od β -ODAP, aczkolwiek uzyskano już formy o niskiej, lub jego wręcz śladowej zawartości (Jeswani i in., 1970; Kaul i in., 1985; Campbell, 1987). W efekcie indukowania mutacji uzyskano także mutanty o obniżonej zawartości β -ODAP w porównaniu z wyjściową, krajową odmianą Krab (Rybiński i Grela, 2007).

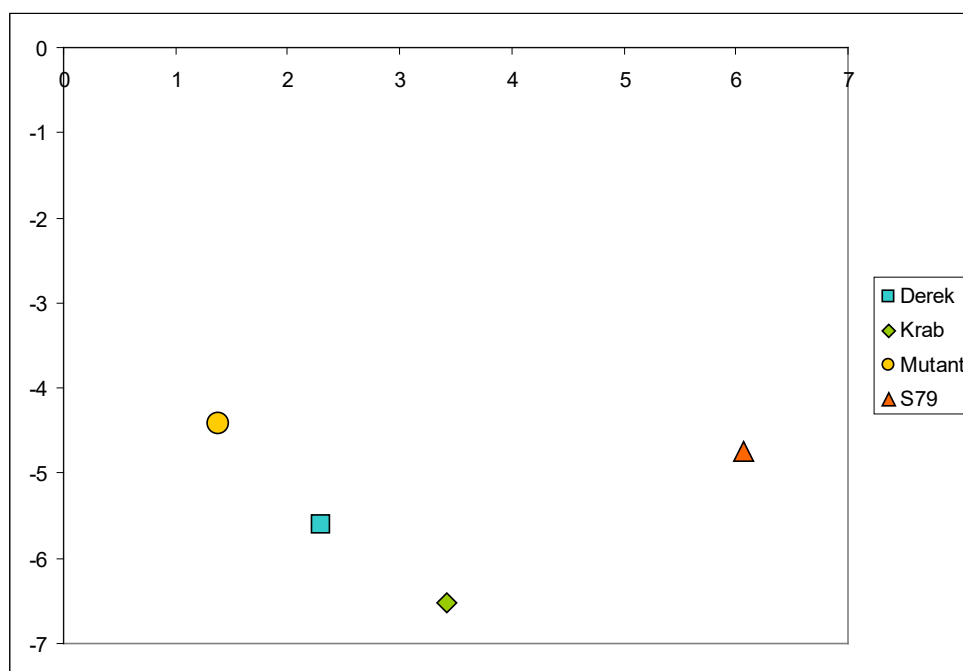
W tabeli 4 przedstawiono porównanie między poszczególnymi obiektami kolekcyjnymi pod względem badanych cech łącznie, dla składu chemicznego nasion i cech fenotypowych. Największe podobieństwo wyrażone odległościami Mahalanobisa uzyskano w porównaniach odmian Derek i Krab i to zarówno dla cech fenotypowych jak i składu chemicznego nasion potwierdzające ich pochodzenie ze wspólnej populacji z Podlasia, na co wskazuje Milczak i in. (1997). Z kolei mutant pod względem cech fenotypowych jest znacznie bardziej zbliżony do odmiany Derek aniżeli Krab. Sugeruje to, że spontaniczna mutacja kształtu nasion (obydwie formy w przeciwieństwie do odmiany Krab należą do form drobnonasiennych) zaszła prawdopodobnie w populacji z której wywodzi się odmiana Derek. Najmniejszym podobieństwem charakteryzowały się poszczególne formy krajowe w porównaniu z włoską formą S 79, przy czym najbardziej od S 79 różni się okrągłonasienny mutant, a w następnej kolejności odmiana Derek oraz Krab.

Tabela 4

Porównanie podobieństwa analizowanych obiektów pod względem cech fenotypowych i składu chemicznego nasion wyrażone odległościami Mahalanobisa
Comparison of similarity of the analyzed accessions for phenotypic traits and chemical composition of seeds expressed in Mahalanobis distances

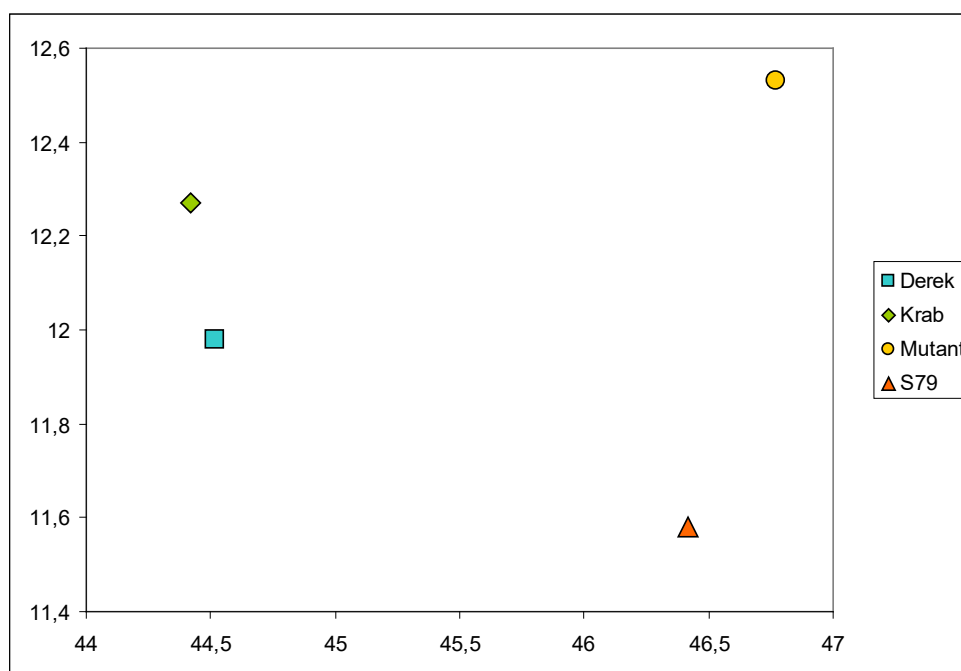
Porównywane obiekty Compared accessions	Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances	
	cechy fenotypowe phenotypic traits	skład chemiczny nasion chemical composition of seeds
Mutant — Derek	12,51	6,94
Mutant — Krab	23,60	7,09
Mutant — S 79	37,62	3,03
Derek — S 79	30,92	5,85
Krab — S 79	25,58	6,36
Derek — Krab	12,07	1,03

Pod względem składu chemicznego nasion najbardziej podobne były odmiany Derek i Krab, a najmniej obydwie odmiany w porównaniu z mutantem i formą S 79. Niewątpliwie interesujące jest bliższe podobieństwo mutantu z formą S 79, aniżeli z każdą z odmian. Graficznym wyrazem wyżej obserwowanych i omówionych różnic jest położenie obiektów na płaszczyźnie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych prezentowanych na rysunkach 1 i 2.



Rys. 1. Rozkład badanych obiektów pod względem cech fenotypowych w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych

Fig. 1. Distribution of analyzed accessions for phenotypic traits in two first canonical variables



Rys. 2. Rozkład badanych obiektów pod względem składu chemicznego nasion w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych

Fig. 2. Distribution of analyzed accessions for chemical composition of seeds in two first canonical variables

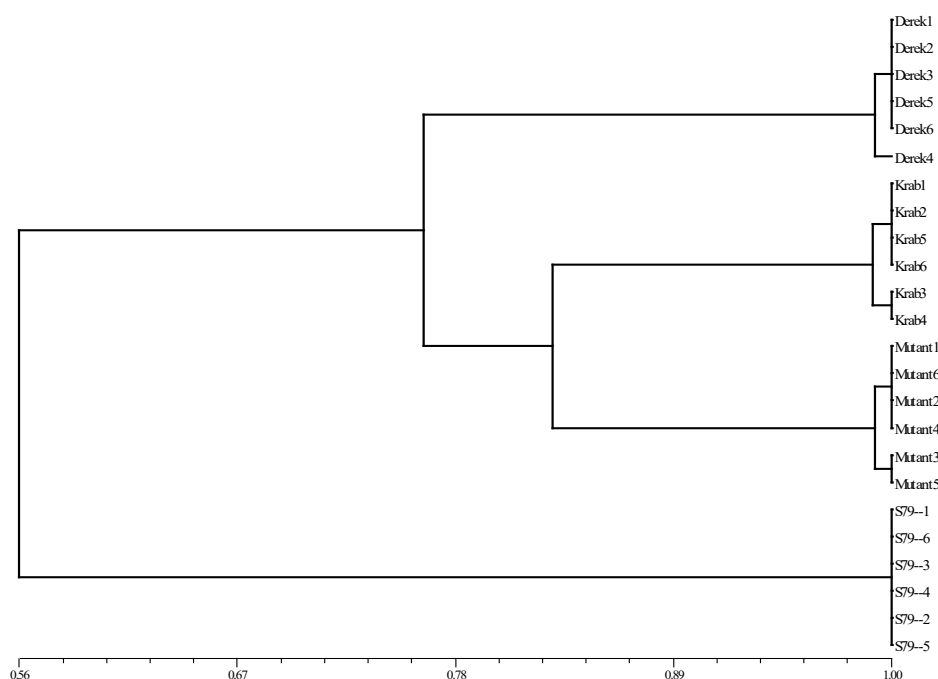
Podobieństwo badanych form kolekcyjnych na poziomie molekularnym analizowano przy wykorzystaniu markerów ISSR. Uzyskane wartości współczynników podobieństwa genetycznego (tab. 5) umożliwiły hierarchiczne grupowanie obiektów wyrażone graficznie w formie dendrogramu (rys. 3).

Tabela 5

Współczynniki podobieństwa genetycznego materiałów kolekcyjnych lędźwianu siewnego
Genetic similarity coefficients of grass pea accessions

Derek	0,99–1,00	—	—	—
Krab	0,76–0,77	0,99–1,00	—	—
Mutant	0,76–0,77	0,82–0,83	0,99–1,00	—
S 79	0,53	0,59–0,60	0,55–0,56	1,00
	Derek	Krab	Mutant	S 79

Analizując wartości współczynników podobieństwa genetycznego, najwyższe wartości (0,82–0,83), a za tym i największe podobieństwo uzyskano w porównaniach mutantu z odmianą Krab, a na niższym ale identycznym poziomie (0,76–0,77) w porównaniach mutantu z odmianą Derek oraz między odmianami Derek i Krab. Potwierdza to wcześniejszy wniosek o pochodzeniu krajowych form ze wspólnej populacji z Podlasia.



Rys. 3. Hierarchiczne grupowanie obiektów na podstawie podobieństwa genetycznego
Fig. 3 Hierarchical grouping of accessions on the basis of genetic similarity

W porównaniach mutantu z odmianami większym podobieństwem genetycznym charakteryzuje się mutant w porównaniu z odmianą Krab aniżeli Derek. Mimo, że obserwacje na poziomie fenotypowym sugerują bliższe podobieństwo mutantu do odmiany Derek (potwierdza to również ustna informacja Prof. Milczaka), a na molekularnym do odmiany Krab, nie ulega wątpliwości że mutant pochodzi z populacji z Podlasia z której drogą selekcji wyprowadzono obydwie krajowe odmiany. Najmniejsze podobieństwo genetyczne wykazano w porównaniach krajowych obiektów kolekcyjnych z włoską formą S 79 (odpowiednio 0,53; 0,55–0,56 i 0,59–0,60 w porównaniach z: Derkiem, mutantem i Krabem) wskazując na odmiennność krajowej populacji reprezentującej formy z Europy środkowej i wschodniej z grubonasiennymi formami strefy śródziemnomorskiej, które bliżej charakteryzuje Tavoletti i Capitani (2000).

WNIOSKI

1. Wyniki potwierdzają odrębność mutantu od badanych obiektów pod względem analizowanych cech ilościowych.
2. Wyliczone odległości Mahalanobisa dla cech ocenianych w doświadczeniu polowym wskazują na największe podobieństwo mutantu do odmiany Derek, mniejsze do odmiany Krab a najmniejsze do formy S 79.

3. Współczynniki podobieństwa genetycznego wskazują większe podobieństwo mutantu do odmiany Krab i jednocześnie wysoką odrębność krajowych form od obiektu z Włoch.
4. Mimo, że wyniki badań podobieństwa mutantu do odmian na poziomie fenotypowym i molekularnym pozostają ze sobą w sprzeczności, nie ulega wątpliwości, że spontaniczny mutant okragłonasienny pochodzi z populacji lędzwanu z Podlasia z której drogą selekcji wyprowadzono odmiany Derek i Krab.

LITERATURA

- Allkin R., MacFarlane T. D., White F. A., Bisby F. A., Adey M. E. 1983. Names and synonyms of species and subspecies in *Viciae*. Issue 2, *Viciae* database project publication No. 2, Southampton, UK.
- Briggs C. J., Parenno N., Campbell C. G. 1983. Photochemical assessment of *Lathyrus* species for the neurotoxin agent, β — N — oxalyl — l — α . β — diaminopropionic acid. *Planta Med.* 47: 188 — 190.
- Caliński T., Dyczkowska A., Kaczmarek Z. 1976. Hypothesis testing in multivariable analysis of variance and covariance. *Algorytmy Biometrii i Statystyki. Zeszyt 5*: 77 — 113.
- Campbell, C. G. 1987. Registration of low neurotoxin content *Lathyrus* germplasm LS8246. *Crop Sci.* 27: 821
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S. K., Chen Y. Z., Abd El Moneim A., Khawaja H. I. T., Yadov C. R., Tay J. U., Araya W. A. 1994. Current status and future strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 73: 167 — 175.
- Campbell, C. G., 1997. Grass pea. *Lathyrus sativus* L. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 18. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. Gatersleben/International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Camussi A., Ottaviano E., Caliński T., Kaczmarek Z. 1985. Genetic distance based on quantitative traits. *Genetics* 111: 945 — 962.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. Wielozmienna analiza wariancji dla doświadczeń wieloczynnikowych. *Algorytmy Biometrii i Statystyki. Zeszyt 6*: 51 — 60.
- De La Rossa L., Martin I. 2001. Morphological characterisation of Spanish genetic resources of *Lathyrus sativus* L. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 31–34.
- Desphande S. S., Campbell C. G. 1992. Genotype variation in BOAA, condensed tannins, phenolics and enzyme inhibitors in grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *Can. J. Plant Sci.* 72: 1037 — 1047.
- Duke J. A. 1981. *Handbook of Legumes of World Economic Importance*. Plenum Press, New York.
- Dziamba S. 1997. *Biologia i agrotechnika lędzwanu siewnego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędzwan siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9–10 czerwca 1997*: 27 — 33.
- Grela E., Winiarska A. 1997. Skład chemiczny i wartość pokarmowa nasion lędzwanu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędzwan siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9–10 czerwca 1997*: 49 — 58.
- Grela E., Rybiński W., Klebaniuk R., Matras J. 2010. Morphological characteristics of some accessions in grass pea (*Lathyrus sativus* L.) grown in Europe and nutritional traits their seeds. *Genet. Resour. Crop Evol.* 57 (5): 693 — 701.
- Hammer K., Laghetti G., Perrino P. 1989. Collection of plant genetic resources in South Italy, 1988. *Kulturpflanzen* 37: 401 — 414.
- Hanbury C. D., Sarker A., Siddique K. H. M., Perry M. W. 1995. Evaluation of *Lathyrus* germplasm in a Mediterranean type environment in South-Western Australia. *Co-operative Research Center for Legumes in Mediterranean Agriculture, Occasional Paper*: 8.
- Hanbury C. D., White C. L., Mullan B. P., Siddique K. H. M. 2000. A review of the potential of *Lathyrus sativus* L. and *L. cicer* L. grain for use as animal feed. *Anim. Feed Sci. Tech.* 87: 1 — 27.

- Jeswani L. M., Lal B. M., Shiv Prakash S. 1970. Study on the development of low neurotoxin (β -N-Oxalylamino alanine) lines in *Lathyrus sativus* (Khesari). *Current Science* 22: 518.
- Kaul A. K., Islam M. Q., Hamid S. 1985. In: A. K. Kaul & D. Combes (Eds.), *Lathyrus and lathyrism*, proceedings at Colloque Lathyrus. Third World Medical Research Foundation, New York: 234 pp.
- Kozak M., Bocianowski J., Rybiński W. 2008. Selection of promising genotypes based on path and cluster analyses. *J. Agric. Sci.*, 146: 85 — 92.
- Mehra R. B., Raju D.B., Himabindu K. 1995. Evaluation and utilization of *Lathyrus sativus* collection in India. In: *Lathyrus Genetic Resources in Asia*. Proc. Reg. Workshop, December 27–29, Raipur, India.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K. 1997. Hodowla twórcza lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) — podsumowanie pierwszego etapu. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9-10 czerwca 1997: 13 — 22.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K., Rybiński W. 2001. Creative breeding of grass pea (*Lathyrus sativus*) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 85 — 88.
- Murray M. G., Thompson W. F. 1980 Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl. Acids Res.* 8: 4321 — 4325.
- 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.
- Pandey R. L., Agrawal S. K., Chitale M. W., Sharma R. N., Kashyap O. P., Geda A. K., Chandrakar H. K., Agrawal K. K. 1995. Catalogue of grasspea (*L. sativus* L.) germplasm. Gandhi Agric. Univ. Press, Raipur, India.
- Pankiewicz K., Rybiński W. 2008. Ocena zróżnicowania genetycznego i zawartości neurotoksyny β -ODAP w wybranych gatunkach z rodzaju *Lathyrus*. *Biul. IHAR* 250: 287 — 295.
- Petterson D. S., Sipsas S., Mackintosh J. B. 1997. The chemical composition and nutritive value of Australian pulses. Grains Research and Development Corporation, Canberra.
- Rao S. L. N. 1978. A sensitive and specific colorimetric method for determination of α,β -diaminopropionic acid and *Lathyrus sativus* neurotoxin. *Anal. Biochem.* 86: 386 — 395.
- Ravindran V., Blair R. 1992. Feed resources for poultry production in Asia and the Pacific. II. Plant protein sources. *World Poult. Sci. J.* 48: 205 — 231.
- Rencher A. C. 1992. Interpretation of canonical discriminant functions, canonical variants, and principal components. *Am. Stat.* 46: 217 — 225.
- Rybiński W., Grela E. R. 2007. Zróżnicowanie genetyczne cech i składu chemicznego nasion mutantów lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 517: 613 — 627.
- Rybinski W., Szot B., Rusinek R. 2008. Estimation of morphological traits and mechanical properties of grasspea seeds (*Lathyrus sativus* L.) originating from EU countries. *International Agrophysics* 22 (3): 261 — 275.
- Sarwar C. D. M., Sarkar A., Murshed A. N. M. M., Malik M. A., 1995. Variation in natural population of grass pea. In: *Lathyrus sativus and Human Lathyrism. Progress and Prospects*. Proc. 2nd Int. Colloq. Lathyrus Lathyrism, 10–12 December 1993, Dhaka, Bangladesh.
- Smartt J. 1984. Evolution of Grain Legumes. I. Mediterranean Pulses. *Experimental Agriculture* 20: 275 — 296.
- Smulikowska S., Rybiński W., Czerwiński J., Taciak M., Mieczkowska A. 2008. Evaluation of selected mutant of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) var. Krab as an ingredient in broiler chicken diet. *J. Animal Feed Sci.* 17: 75 — 87.
- Tavoletti S., Capitani E. 2000. Field evaluation of grass pea population collected in the Marche region (Italy). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1: 17 — 20.
- Williams P.C., Bhatti R. S., Deshpande S. S., Hussein L. A., Savage G. P. 1994. Improving nutritional quality of cool season food legumes. In: Muehlbauer F.J. and Kaiser W.J. (eds), *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Netherlands: 113 — 129.

- Vaz Patto M. C., Skiba B., Pang E.C.K., Ochatt S. J., Lambein F., Rubiales D. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133 — 147.
- Yadov C. R. 1995. Genetic evaluation and varietal improvement of grasspea in Nepal. In: *Lathyrus Genetic Resources in Asia*. Proc. Reg. Workshop, December 27–29, Raipur, India.

ALEKSANDRA LUWAŃSKA¹**KAROLINA WIELGUS¹****MARLENA SZALATA²****MILENA SZALATA¹****RYSZARD SŁOMSKI²**¹Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu, Zakład Biotechnologii²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Biochemii i Biotechnologii

Wpływ wybranych cytokinin na mikropropagację *Salvia officinalis**

The influence of selected cytokinins on micropropagation of *Salvia officinalis*

Szałwia lekarska (*Salvia officinalis*) jest rośliną o bardzo szerokich właściwościach leczniczych, wśród których najistotniejsze to działanie odkażające, przeciwzapalne i przeciwpotne. Wyciągi z szalwii regulują pracę układu pokarmowego, obniżają poziom cukru we krwi, a także są silnym lekiem antyseptycznym unieczyniającym toksyny bakteryjne oraz hamującym rozmnażanie wielu rodzajów bakterii Gram dodatnich i Gram ujemnych, także odpornych na antybiotyki. Swoje wszechstronne zastosowanie szalwia zawdzięcza olejowi eterycznemu o złożonym składzie, zawierającym m.in. tujon, cyneol, kamforę, borneol i pinen. Oprócz tego występują w nim garbniki katechinowe, trójtterpeny, flawonoidy, gorycze (karnozol), kwasy organiczne, a także witaminy B1, C, PP oraz karoten. Techniki *in vitro* umożliwiają masowe namnażanie wyselekcjonowanych roślin o najlepszych parametrach leczniczych lub roślin o nowych cechach uzyskanych na drodze transformacji. Celem badań było określenie wpływu wybranych cytokinin na wydajność mikropropagacji szalwii. Materiał do badań stanowiły eksplantaty wierzchołkowe szalwii, odmiany Bona. Hodowlę prowadzono na pożywkach Murashige-Skoog (MS), zawierających różne stężenie kinetyny, BAP oraz zeatyny (2, 5, 10 mg/l). Najlepszy współczynnik namnażania roślin otrzymano przy użyciu cytokininy BAP (3,5–3, w zależności od stężenia), jednak zbyt duży odsetek zwitryfikowanych roślin skłonił do obniżenia poziomu tego fitohormonu. Wydajność i stabilność mikropropagacji przy użyciu BAP w stężeniu 0,3 mg/l sprawdzono podczas długookresowej hodowli (do pokolenia n-6). Praca obejmuje również zastosowanie cytokininy meta-Topolina (mT) jako alternatywy do fitohormonu BAP. Najlepsze rezultaty w mikropropagacji szalwii uzyskano przy zastosowaniu pożywki modyfikowanej 0,3 mg/l BAP. Współczynnik namnażania w tym przypadku oscylował w granicach 2,4–3,4 w kolejnych cyklach namnożeńowych.

Słowa kluczowe: BAP, cytokiny, *in vitro*, mikropropagacja, szalwia

* Niniejsze badania prowadzone były w ramach projektu „Uzyskanie szalwii (*Salvia officinalis*) o właściwościach przeciwpółpróchniczych” nr rej. 51/2007/GR uzyskanego przez Katedrę Biochemii i Biotechnologii Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.

Common sage (*Salvia officinalis*) is a plant with a very wide range of healing properties, from which the most important are disinfecting, anti-inflammatory and antisudoral effects. Sage extracts regulate the digestive system and increase blood sugar level. They are also a strong antiseptic medicine which inactivates bacterial toxins and inhibits reproduction of many Gram-positive and Gram-negative bacteria, including the antibiotic-resistant ones. Sage owes its versatile properties to its essential oil composition containing among others thujone, cineole, camphor, borneol and pinene. Apart from the above, it also contains catechins, triterpene, flavonoids, carnosol and organic acids, vitamins B1, C, PP and carotene. Use of *in vitro* techniques enables mass propagation of selected plants with the best healing parameters or plants with new features gained through transformation. The aim of the study was the determination of the influence of selected cytokinins on micropropagation efficiency of *S. officinalis*. Materials for research were apical explants of sage cultivar Bona. The cultivation was conducted on the Murashige Skoog (MS) medium, containing different concentration of kinetin, BAP and zeatin (2, 5, 10 mg/ml). The best plant multiplication rate was obtained by using cytokinin BAP (3.5–3, depending on the concentration), however an excessive percentage of vitrified plants limited the use of this phytohormone. Effectiveness and stability of the micropropagation using BAP at concentration 0.3 mg/l was verified during long term cultivation (to n-6 subculture). The work also included use of cytokinin meta-Topolin as alternative for BAP phytohormone. The best results in the sage micropropagation process were obtained by the application of medium with 0.3 mg/l of BAP. In this case multiplication rate varies between 2.4 and 3.4 during the successive propagation cycles.

Key words: BAP, cytokinins, *in vitro*, micropropagation, sage

WSTĘP

Wzrost zainteresowania olejkami eterycznymi różnych roślin wskazuje na ich wysoki potencjał do zastosowań medycznych, spożywczych, kosmetycznych i farmaceutycznych (Kalemba i Kunicka, 2003). Z uwagi na skomplikowaną budowę wielu metabolitów wtórnych ich chemiczna synteza jest nie tylko trudna, ale i nieopłacalna ekonomicznie, stąd duże zapotrzebowanie na opracowanie metod namnażania roślin będących naturalnym źródłem cennych związków prozdrowotnych (Jasiński i in., 2006). Szałwia lekarska (*Salvia officinalis*) jest rośliną o bardzo szerokich właściwościach leczniczych, wśród których najistotniejsze to działanie odkażające, przeciwzapalne i przeciwpotne. Olejki eteryczne szalwii są silnym lekiem unieczynnającym toksyny bakteryjne oraz hamującym namnażanie wielu rodzajów bakterii Gram dodatnich i Gram ujemnych, także odpornych na antybiotyki (Viuda-Martos i in., 2008; Stanojevic i in., 2010). Swoje wszechstronne zastosowanie szalwia zawdzięcza złożonemu składowi olejków eterycznych, zawierających przede wszystkim tujon, cyneol, kamforę, a także borneol i pinen (Longaray Delamare i in., 2007; Langer i in., 1996). Oprócz tego występują w nim garbniki katechinowe, trójterpeny, flawonoidy, gorycze (karnozol), kwasy organiczne, jak również witaminy B1, C, PP oraz karoteny (Miura i in., 2001; Radulescu i in., 2004; Lu i Foo, 2000). Związki chemiczne, tj. karnozol, epirozmanol i karnozan metylu, występujące w szalwii posiadają właściwości antyoksydacyjne i odgrywają istotną rolę w profilaktyce wielu chorób cywilizacyjnych, jak: miażdżyca, cukrzyca, zaćma, choroba Parkinsona i choroba Alzheimera (Grzegorzczak i in., 2007; Santos-Gomes i in., 2002; Szajdek i Borowska, 2004; Akhondzadeh i in., 2003).

Dzięki zastosowaniu technik *in vitro* możliwe jest masowe namnażanie wyselekcjonowanych roślin o najlepszych parametrach leczniczych lub roślin o nowych cechach

uzyskanych na drodze transformacji. Celem niniejszych badań było opracowanie efektywnej procedury mikropropagacji szalwii poprzez określenie wpływu wybranych cytokinin zawartych w pożywce na wydajność namnażania roślin. Kolejnym zadaniem w pracy było wykorzystanie meta-Topoliny (mT) do mikropropagacji szalwii w celu zwiększenia wydajności regeneracji i namnażania roślin drogą morfogenezy bezpośredniej pąków wierzchołkowych. Ta nowa aromatyczna cytokinina stymuluje proliferację pędów oraz wpływa na ukorzenianie roślin podczas aklimatyzacji i może być alternatywą dla szeroko rozpowszechnionej cytokininy BAP.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły eksplantaty wierzchołkowe szalwii, odmiany Bona. Eksplantaty wyjściowe pobrano z sterylnych roślin macierzystych, rosnących na pożywce Murashige Skoog (MS) zawierającej 1 mg/l kwasu giberelinowego i 0,04 mg/l kinetyny. Hodowlę właściwą prowadzono na pożywkach MS, zawierających różne stężenie kinetyny, BAP oraz zeatyny (2, 5, 10 mg/l). Ponadto przeprowadzono doświadczenia nad procesem prowadzącym do regeneracji i namnażania szalwii przy użyciu mniejszych ilości BAP (0,3 mg/l), a wyniki hodowli porównano z kulturą pąków wierzchołkowych hodowanych na pożywce z dodatkiem tej samej ilości mT. Eksperyment prowadzony był przez sześć tygodni i obejmował cotygodniowe obserwacje i pasaż na świeże medium. Każdy wariant doświadczenia obejmował 20 kolbek hodowlanych po 5 eksplantatów, co dawało łącznie skalę 100 eksplantatów na poszczególne doświadczenie. Jednym z najważniejszych parametrów określanych podczas hodowli był współczynnik namnażania określający liczbę pędów powstałych z jednego eksplantatu. Sprawdzone również zdolność namnażanych pędów do ukorzeniania stosując pożywkę ½ MS zawierającą 0,3 mg/l IAA. W tym przypadku skala doświadczenia wynosiła 160 eksplantatów.

WYNIKI

W badaniach nad procesem prowadzącym do regeneracji i namnażania szalwii z użyciem wysokich stężeń (2, 5, 10 mg/l) różnych cytokinin najlepszy współczynnik namnażania roślin otrzymano przy zastosowaniu cytokininy BAP (współczynnik namnażania wynosił 3–3,5, w zależności od stężenia). Przy zastosowanej skali doświadczenia pozwalało to uzyskać 300 do 350 roślin ze 100 eksplantatów w przeciągu 2 tygodni. Jednak hodowla z użyciem tak wysokich stężeń BAP prowadziła do powstania zbyt dużego odsetka zwitryfikowanych roślin, co skłoniło do obniżenia poziomu tego fitohormonu. Wyniki obserwacji kultur przedstawiono w tabeli 1.

Wydajność i stabilność mikropropagacji przy użyciu BAP w stężeniu 0,3 mg/l sprawdzona podczas długookresowej hodowli (do pokolenia n-6) okazała się najbardziej satysfakcjonująca. Współczynnik namnażania w tym przypadku oscylował w granicach 2,4–3,4 w kolejnych cyklach namnożeń (tab. 2). Istotnym faktem jest, iż podczas prowadzenia tej kultury odsetek roślin zwitryfikowanych wynosił od 0 do niespełna 16% w zależności od kolejnej prowadzonej subkultury.

Tabela 1

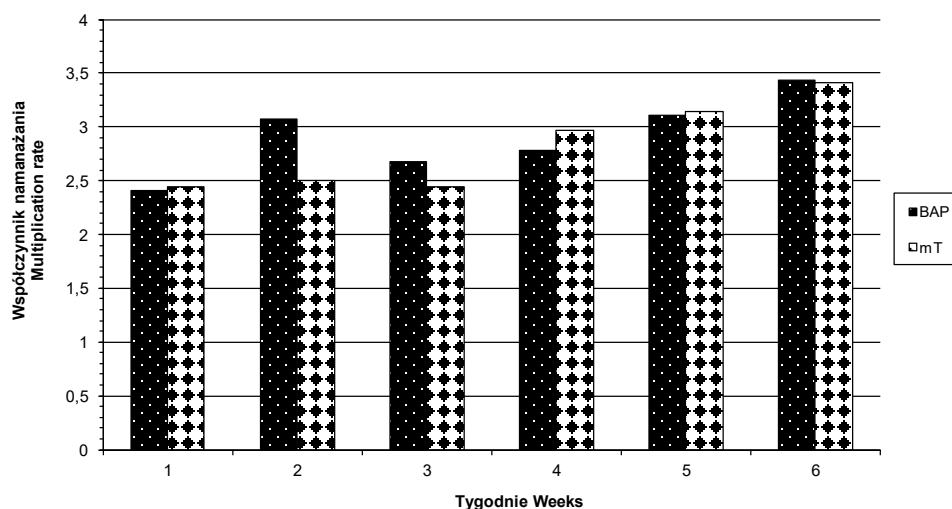
Dwutygodniowa hodowla *in vitro* szalwii na pożywce MS z zastosowaniem różnych cytokinin
Two-week-olds *in vitro* culture of sage on MS medium containing different cytokinins

Cytokiny — Cytokinins	KIN			BAP			ZEATYNA	
Stężenie — Concentration (mg/l)	2	5	10	2	5	10	5	10
Eksplantaty rosnące — Growing explants (%)	95	75	70	80	90	90	80	90
Eksplantaty zeszkłone — Vittrificated explants (%)	45	40	55	70	55	55	80	70
Eksplantaty obumarłe — Necrotic explants (%)	5	25	30	20	10	10	20	10
Współczynnik namnażania — Multiplication rate	2,08	1,96	1,96	3,5	3,36	3,04	2,4	2,12
Kalus — Callus	0	5	0	10	15	5	0	0

Tabela 2

Kultury *in vitro* szalwii na pożywce MS z dodatkiem 0,3 mg/l BAP
***In vitro* culture of sage on MS medium containing 0,3 mg/l BAP**

Subkultura (Tydzień) Subculture (Week)	Eksplantaty — Explants (%)					Współczynnik namnażenia Multiplication rate
	wytwarzające pąki creating buds or shoots	rosnące growing	zeszkłone vittrificated	zamierające necrotic	zanieczyszczone contaminated	
1	81,04	81,04	0	4,9	12,5	2,41
2	79,48	79,48	2,34	5,68	12,5	3,07
3	88,12	28,12	0	1,87	10	2,68
4	94,41	86,84	4,77	0,85	5,59	2,78
5	94,2	77,89	15,93	5,8	5,88	3,11
6	100	100	0	0	6,25	3,44



Rys. 1. Analiza porównawcza hodowli szalwii z użyciem BAP i mT
Fig. 1. Comparative analysis of cultivating sage with BAP and mT

W ramach prowadzonych doświadczeń nad efektywnością namnażania szalwii w kulturach *in vitro* przeprowadzono badania z zastosowaniem meta-Topoliny. Otrzymane

rezultaty hodowli z użyciem mT porównano z wynikami dotyczącymi zastosowania tej samej ilości BAP. Rezultaty analizy przedstawiono graficznie na rysunku 1. Wyniki mikropropagacji szałwii były wyrównane jednak nieco lepsze rezultaty w kondycji roślin podczas hodowli uzyskano przy zastosowaniu pożywki zawierającej 0,3 mg/l BAP.

Ukorzenianie pędów pochodzących z namnożenia na pożywce MS zawierającej 0,3 mg/l BAP wynosiło 75% po tygodniu hodowli oraz 87,5% po 2 tygodniach.

DYSKUSJA

W literaturze przedmiotu szeroko rozpatrywany aspekt wykorzystania olejków eterycznych szałwii coraz częściej znajduje swoje odzwierciedlenie w możliwości zastosowania metod biotechnologicznych do propagacji roślin warunkujących jego uzyskanie. Tym samym mikropropagacja otworzyła drogę do szybkiego pozyskiwania metabolitów wtórnych. Prowadzone były prace nad płynnymi kulturami pędów szałwii w celu namnożenia roślin będących źródłem antyoksydantów (Grzegorzczak i Wysokińska, 2008). Przeprowadzono również bardziej zaawansowane doświadczenia nad możliwością kontrolowanej produkcji przeciwutleniaczy w kulturach zawieszinowych szałwii (Ruffoni i in., 2009). Znaczącym jest również fakt, że olejki eteryczne pochodzące z roślin uzyskanych drogą mikropropagacji mogą posiadać zmieniony skład, niejednokrotnie wyższe stężenia niektórych składników (Avato i in., 2005). Zabiegi technologiczne stosowane podczas prowadzenia hodowli *in vitro* czy dodatek elicytorów może mieć znaczący wpływ na wzrost syntezy metabolitów wtórnych.

Mikropropagacja szałwii w warunkach *in vitro* uzależniona jest głównie od zastosowanej pożywki hodowlanej wraz z zawartością roślinnych hormonów wzrostu. W pracy własnej skupiono się na określeniu wpływu wybranych cytokinin — hormonów warunkujących znoszenie dominacji wierzchołkowej i umożliwiających rozwój pąków bocznych, a tym samym szybką propagację roślin. W innych doniesieniach określano wpływ różnych hormonów, zarówno z grupy cytokinin jak i auksyn, na hodowlę *in vitro* *Salvia officinalis* (Gostin, 2008). W literaturze przedmiotu można znaleźć również prace na temat mikropropagacji innych gatunków z rodzaju *Salvia* jak *Salvia sclarea* (Liu i in., 2000), *Salvia fruticosa* (Arikat i in., 2004) czy *Salvia guaranitica* (Echeverrigaray i in., 2010). Zasadniczo w kulturach *in vitro* różnych roślin odrębny gatunek wymaga dostosowania warunków hodowli, głównie rodzaju i stężenia fitohormonów.

Możliwość szerokiego zastosowania substancji uzyskanych z szałwii lekarskiej powoduje wzrost zainteresowania perspektywą udoskonalania roślin za pomocą transformacji genetycznej. Transformowane korzenie *S. officinalis* wykorzystano do produkcji kwasu rozmarynowego, związku o działaniu przeciwutleniającym, przeciwzapalnym i antywirusowym (Wysokińska i Chmiel, 2006). Jednak w celu uzyskania roślin transgenicznych szałwii niezbędnym jest opracowanie protokołu regeneracji na drodze morfogenezy pośredniej. Prowadzone są prace nad uzyskaniem morfogennej kalusa zdolnego do wydajnej regeneracji roślin (Tawfik i Mohamed, 2007). Niezwykle użyteczne w tym przypadku mogą być również badania nad embriogenezą somatyczną szałwii

(Kintzios i in., 1999). Rozwój prac nad regeneracją i transformacją szalwii jest ściśle skorelowany z potrzebą jej namnażania metodą mikropropagacji.

WNIOSKI

1. Najlepsze rezultaty w mikropropagacji szalwii uzyskano przy zastosowaniu pożywki zawierającej 0,3 mg/l BAP. Współczynnik namnażania na tej pożywce, w kolejnych cyklach namnożeńiowych, oscylował w granicach 2,4–3,4, a warunki hodowli gwarantowały prawidłowy rozwój roślin.
2. Cytokiny o wysokim stężeniu (2, 5, 10 mg/l kinetyny, BAP lub zeatyny) silnie indukowały rozwój pąków bocznych szalwii, prowadząc do szybkiego jej namnożenia, jednak u dużego odsetka powstałych roślin tkanki były zeszkolne.
3. Nie zaobserwowano znaczących różnic wpływu cytokinin BAP i mT na wydajność procesu mikropropagacji szalwii.

LITERATURA

- Akhondzadeh S., Noroozian M., Mohammadi M., Ohadinia S., Jamshidi A. H., Khani M. 2003. *Salvia officinalis* extract in the treatment of patients with mild to moderate Alzheimer's disease: a double blind, randomized and placebo-controlled trial. *Journal of Clinical Pharmacy and Therapeutics* 28: 53 — 59.
- Arikat N. A., Jawad F. M., Karama N. S., Shibli R. A. 2004. Micropropagation and accumulation of essential oils in wild sage (*Salvia fruticosa* Mill.). *Scientia Horticulturae* 100: 193 — 202.
- Avato P., Fortunato I. M., Ruta C., D'Elia R. 2005. Glandular hairs and essential oils in micropropagated plants of *Salvia officinalis* L. *Plant Sci.* 169: 29 — 36.
- Echeverrigaray S., Carrer R. P., Andrade L. B. 2010. Micropropagation of *Salvia guaranitica* Benth. through axillary shoot proliferation. *Brazilian Archives of Biology and Technology* Vol. 53, 4: 883 — 888.
- Gostin I. 2008. Effects of different plant hormones on *Salvia officinalis* cultivated in vitro. *Intern. J. Botany* 4 (4): 430 — 436.
- Grzegorzczak I., Matkowski A., Wysokińska H. 2007. Antioxidant activity of extracts from in vitro cultures of *Salvia officinalis* L. *Food Chemistry* 104: 536 — 541.
- Grzegorzczak I., Wysokińska H. 2008. Liquid shoot culture of *Salvia officinalis* L. for micropropagation and production of antioxidant compounds; effect of triacontanol. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae* Vol. 77, No. 2: 99 — 104.
- Jasiński M., Banasiak J., Frankowska M., Figlerowicz M. 2006. Rośliny jako reaktory do produkcji biofarmaceutyków. *Biotechnologia* 3 (74): 56 — 66.
- Kalemba D., Kunicka A. 2003. Antibacterial and antifungal properties of essential oils. *Current Medicinal Chemistry* 10: 813 — 829.
- Kintzios S., Nikolaou A., Skoula M. 1999. Somatic embryogenesis and *in vitro* rosmarinic acid accumulation in *Salvia officinalis* and *S. fruticosa* leaf callus cultures. *Plant Cell Reports* 18: 462 — 466.
- Langer R., Mechtler Ch., Jurenitsch J. 1996. Composition of the essential oils of commercial samples of *Salvia officinalis* L. and *S. fruticosa* Miller: A Comparison of oils obtained by extraction and steam distillation. *Phytochemical Analysis* Vol. 7: 289 — 293.
- Liu W., Chilcott C. E., Reich R. C., Hellmann G. M. 2000. Regeneration of *Salvia sclarea* via organogenesis. *In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant* 36: 201 — 206.
- Longaray Delamare A. P., Moschen-Pistorello I. T., Artico L., Atti-Serafini L., Echeverrigaray S. 2007. Antibacterial activity of the essential oils of *Salvia officinalis* L. and *Salvia triloba* L. cultivated in south Brazil. *Food Chemistry* 100: 603 — 608.
- Lu Y., Foo L. Y. 2000. Flavonoid and phenolic glycosides from *Salvia officinalis*. *Phytochemistry* 55: 263 — 267.

- Miura K., Kikuzaki H., Nakatani N. 2001. Apianane terpenoids from *Salvia officinalis*. *Phytochemistry* 58 1171 — 1175.
- Radulescu V., Chiliment S., Oprea E. 2004. Capillary gas chromatography-mass spectrometry of volatile and semi-volatile compounds of *Salvia officinalis*. *Journal of Chromatography A*, 1027: 121 — 126.
- Ruffoni B., Raffi D., Rizzo A., Oleszek W., Giardi M. T., Bertoli A., Pistelli L. 2009. Establishment of in vitro *Salvia* cell biomass for the controlled production of antioxidant metabolites. *Acta Horticulturae* No. 829: 423 — 427.
- Santos-Gomes P. C., Seabra R. M., Andrade P. B., Fernandes-Ferreira M. 2002. Phenolic antioxidant compounds produced by in vitro shoots of sage (*Salvia officinalis* L.) *Plant Sci.* 162: 981 — 987.
- Stanojevic D., Comic Lj., Stefanovic O., Solujic-Sukdolac S. 2010. In vitro synergistic antibacterial activity of *Salvia officinalis* L. and some preservatives. *Archives of Biological Sciences*, ISSN 0354-4664 No. 62 (1): 167 — 173.
- Szajdek A., Borowska J. 2004. Właściwości przeciwutleniające żywności pochodzenia roślinnego. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 4 (41): 5 — 28.
- Tawfik A. A., Mohamed M. F. 2007. Regeneration of *Salvia* (*Salvia officinalis* L.) via induction of meristematic callus. *In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant* 43: 21 — 27.
- Viuda-Martos M., Ruiz-Navajas Y., Fernandez-Lopez J., Perez-Alvarez J. A. 2008. Antibacterial activity of different essential oils obtained from spices widely used in Mediterranean diet. *International Journal of Food Science and Technology*, 43: 526 — 531.
- Wysokińska H., Chmiel A. 2006. Produkcja roślinnych metabolitów wtórnych w kulturach organów transformowanych. *Biotechnologia* 4 (75): 124 — 135.

DANUTA MARTYNIAK¹**EWA FABISIAK**²**WALDEMAR ZIELEWICZ**³**JÓZEF MARTYNIAK**¹¹ Pracownia Traw Pozapaszowych i Roślin Energetycznych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

² Katedra Nauk o Drewnie, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu³ Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Biologiczno-chemiczne właściwości perzu wydłużonego (*Agropyron elongatum* (Host, Beauv.) w aspekcie możliwości jego wykorzystania w fitoenergetyce

The biological-chemical properties of tall wheat grass (*Agropyron elongatum* (Host., Beauv.) in terms of potential use as biomass for energy production

Przedmiot niniejszych badań stanowi materiał hodowlany nowo zaaklimatyzowanego w Radzikowie perzu wydłużonego pochodzącego z Azji. Badania prowadzono w Radzikowie w latach 2009–2011, polowe w dwóch doświadczeniach — w jednym nad właściwościami biologicznymi i anatomicznymi (zwłaszcza pędów generatywnych), a w drugim nad agrotechniką (głównie nawożenie i sposoby siewu). Analizy chemiczne i anatomiczne wykonane w laboratorium dwóch Katedr (Katedra Nauk o Drewnie i Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego) Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Stwierdzono iż perz wydłużony różni się znacznie w stosunku do gatunków rodzimej polskiej flory traw wieloma cechami biologicznymi i morfologicznymi, a także anatomicznymi i składem chemicznym. Niektóre z tych cech wyraźnie predysponują perz wydłużony do jego uprawy i wykorzystania na cele fitoenergetyczne, a szczególnie do uzyskiwania energii cieplnej przez spalanie. Realność wykorzystania tej rośliny jako fitoenergetycznej zapewnia wysoki plon biomasy dobrej jakości i nasion.

Słowa kluczowe: biomasa, cechy anatomiczne, cechy chemiczne, cechy morfologiczne, energia odnawialna, nasiona, perz wydłużony

The subject of our studies was newly introduced and acclimatized grass species of Asian origin — tall wheatgrass. Two experiments were conducted in Radzików during 2009–2011. One for determination of morphological and anatomical properties, especially in generative phase, and second for agrotechnical requirements, i.e. sowing quantity and fertilization. Chemical analyses were performed in two Departments of Life Sciences University in Poznań. It was concluded that tall wheatgrass is quite different from our native grass species considering all measured biological and chemical properties. Some of mentioned differences predispose tall wheat grass to biomass energy

production. It is therefore possible to expect relatively high and good quality yields of seed for reproduction and biomass for energy production.

Key words: biomass, chemical traits, energy biomass, traits anatomical and properties, morphological traits, seeds, tall wheatgrass

WSTĘP

Zainteresowanie fitoenergetyką nieustannie wzrasta (Szczukowski i Tworkowski, 2006; Wojciechowska, 2006; Martyniak i in., 2010). Poszukiwanie nowych gatunków roślin, które przyjęłyby funkcje odnawialnych surowców energetycznych staje się ciągle aktualnym zadaniem (Dubas, 2005; Niedziółka i Zuchniarz, 2006). Trawy stają się roślinami nader intratnymi w tym względzie (Grzybek, 2003; Celińska, 2009). Duże nadzieje wiązano z gatunkami, spoza naszej flory np. rodzaju *Miscanthus*. Jednakże pojawiają się głosy krytyczne wobec niektórych gatunków np. ślazier pensylwański ze względu na ich inwazyjność i zagrożenie dla środowiska (Kochanowska i Gamrat, 2007). W grupie traw polskich uwagę zwraca mózga trzcinowata (Książak, Faber, 2007) oraz trzcinnik piaskowy wyróżniający się wysokim ciepłem spalania masy nadziemnej (Kozłowski i Swędrzyński, 2010). Spontanizacja pojawiania się i szybkie jego zasiedlanie, zwłaszcza powierzchni trudnych pod względem siedliskowym, czyni go gatunkiem przydatnym w fitoenergetyce. Jednakże jego rangę zmniejsza niski plon masy nadziemnej, inwazyjność ze względu na rozłogi oraz trudność rozmnażania przez nasiona (Hauptvogel i in., 1997; Falkowski, 1982).

Ocena traw pod względem ich przydatności w fitoenergetyce odbywa się na wielu płaszczyznach: morfologicznej, anatomicznej, biologicznej i chemicznej. Pod względem właściwości morfologicznych trawy są dobrze rozpoznane. Stwierdzenie to dotyczy także takich gatunków jak miskanty, mózga trzcinowata, stokłosa uniolowata, rajgras wyniosły, które zaczęto uprawiać jako rośliny energetyczne (Majtkowski, 2008).

Właściwości anatomiczne traw były przed laty rozpoznawane w sferze ich roli jaką pełnią w determinowaniu wartości pokarmowej gatunków i odmian. Stwierdzenie to odnosi się przede wszystkim do wiązek przewodzących, często nadmiernie wypełnionych sklerenchymą, tak co do ich ilościowego występowania jak i powierzchni które zajmują w blaszkach liściowych i źdźbłach (Mikołajczak, 1981; Falkowski i in., 1996; Stańko-Bródkowa, 1968). Wielu badaczy podkreśla również, że udział tkanek niestrawnych skorelowany jest ze składem chemicznym rośliny, przede wszystkim z zawartością włókna surowego, a tym samym z zawartością celulozy i hemiceluloz (Falkowski i in., 1978; Kozłowski i Kukułka, 1981).

Zakres właściwości biologicznych traw jest bardzo szeroki (Żurek i in., 2010). Główne w nich miejsce zajmuje zdolność plonotwórcza gatunku, która rozstrzyga o możliwości jego wykorzystania, także w fitoenergetyce. Na cechę tę zwraca uwagę wielu autorów, m.in. Rogalski i in. (2005), Vogel i More (1998).

Właściwości chemiczne traw wyznaczają, przede wszystkim, możliwości ich paszowego wykorzystania. Zawartość poszczególnych składników chemicznych warunkuje także wielkość ciepła spalania rośliny. Dowodem mogą być prace nad takimi gatunkami

jak: wydmuchrzyca wydłużona, mozga trzcinowata, stokłosa uniolowata, rajgras wyniosły (Rogulska i Jaworski, 2005; Majtkowski, 2008; Harkot i in., 2007).

Jak już zaznaczono wcześniej, poszukiwanie nowych roślin przydatnych w fito-energetyce trwa. Stąd w trakcie badań prowadzonych przez IHAR nad odtwarzaniem i poszerzeniem bioróżnorodności krajowych zasobów roślinnych, zwrócono uwagę na nowy gatunek jakim jest *Agropyron elongatum*. Jak podają wcześniej Martyniak i Martyniak (2009) perz wydłużony jest gatunkiem występującym w Azji na pograniczu południowo-wschodniej Europy. Preferuje on stanowiska bardzo suche i zasolone. Wyróżnia się wysoką trwałością i brakiem inwazyjności. Jego nadziemne pędy osiągają wysokość nawet do 2 metrów. Takson ten nie wykształca rozłogów podziemnych. Jego system korzeniowy jest dobrze rozwinięty, gdyż korzenie sięgają do głębokości 2 metrów. Po przezimowaniu wcześniej rozpoczyna wegetację. Odnacza się również bardzo dobrą zdrowotnością.

Dotychczasowe prace badawcze w IHAR — PIB nad perzem wydłużonym doprowadziły do uzyskania materiałów hodowlanych, które wykorzystano w wykreowaniu odmiany hodowlanej objętej obecnie postępowaniem rejestrowym. Pozyskane w pracach hodowlanych dane, jak i zgromadzone informacje literaturowe, są niezwykle cenne dla charakterystyki perzu wydłużonego. Obraz tego gatunku jest jednak niepełny. Zasadne stało się podjęcie wielokierunkowych badań biologicznych dla pełniejszego wykorzystania krajowej formy *Agropyron elongatum* jako rośliny energetycznej. Niektóre badania zagraniczne prowadzone w USA i na Węgrzech nie są dla nas wystarczające, dotyczą odmian miejscowych i innych warunków klimatyczno-przyrodniczych (Vogel i Moore, 1998; Barbieri i in., 2006; Stout i Jung, 1992; Szűcs i in., 2005).

Głównym celem niniejszej pracy jest próba określenia budowy morfologiczno-anatomicznej oraz pełniejszego poznania właściwości biologiczno-chemicznych *Agropyron elongatum*.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy pochodził z zasiewów perzu wydłużonego w dwóch doświadczeniach prowadzonych na polach uprawnych IHAR — PIB w Radzikowie. Pierwsze z nich było obiektem służącym głównie do poznawania właściwości biologicznych i anatomicznych, zwłaszcza zdolności wykształcania pędów generatywnych. Natomiast drugie było źródłem materiału do badań chemicznych oraz dla poznawania reakcji na nawożenie i sposoby siewu. Doświadczenia założono w roku 2009 na glebie piaszczysto pyłowej, drugiej klasy użyteczności rolniczej, o odczynie lekko kwaśnym (pH — 6,3) i wykazującej zawartość w formie przyswajalnej: fosforu — 83 mg, potasu — 25 mg, magnezu — 7,3 mg w odniesieniu do 100 g gleby oraz azotu ogólnego na poziomie 0,15%. Przedplonem dla perzu była gorczyca biała. Nasiona perzu wysiano wiosną w ilości 10 kg na ha przy rozstawie podstawowej rzędów 30 cm. Przed wysiewem nasion zastosowano nawożenie mineralne w wysokości: N — 30 kg, P — 60 kg, K — 60 kg na hektar.

Prace badawcze postępowały w kilku kierunkach. Badania anatomiczne obejmowały określenie powierzchni przekroju źdźbła i powierzchni zajętej przez ściany. Określano również grubość ścian źdźbła i powierzchnię jaką one zajmują wobec całej powierzchni

przekroju poprzecznego źdźbła. Zwracano też uwagę na zróżnicowane wielkości tych parametrów w różnych miejscach źdźbła. Badania morfologiczne polegały, przede wszystkim, na określeniu wysokości pędów generatywnych, długości źdźbła i kłosa.

Badania sfery biologicznej dotyczyły poznania zdolności wykształcania pędów generatywnych i plonu biomasy, a także reakcji roślin na nawożenie i sposoby siewu.

W badaniach chemicznych skoncentrowano się na określeniu zawartości najważniejszych, ze względu na użytkowość, składników organicznych i mineralnych. W badaniach analitycznych wykorzystano metody powszechnie stosowane podane w pracy Zielewicz i Kozłowski (2008).

WYNIKI I DYSKUSJA

Jak się okazuje *Agropyron elongatum* wykształca pędy dorastające do blisko 2 metrów (tab. 1). Średnia ich długość wynosi prawie 175 cm. Wahania pomiędzy skrajnymi wartościami tego parametru osiągają 32%. Wartości te są zbliżone do podanych w pracy Martyniak i Martyniak (2009). Pędy tworzą najczęściej 4 międzywęźla. Tylko niektóre zawierają ich więcej. Toteż w tabeli 1 ograniczono się do podania czterech z nich. Wykazują różną długość — od 19,6 cm w dolnej części pędu do 60,2 cm pod kwiatostanem. Wahania w długości międzywęźli są znaczne i wynoszą dla najniższego z mierzonych międzywęźli 29%, następnego 41% i kolejnego aż 85%, a najwyższego — pod kwiatostanem 66%. Kłos perzu osiąga przeciętnie 27,2 cm długości, przy wahaniach określanych na 52%. Niekiedy dorasta nawet do 35 cm długości.

Wyniki badań anatomicznych *Agropyron elongatum* zamieszczono w tabelach 2 i 3.

Tabela 1

Cechy morfologiczne pędów generatywnych *A. elongatum*
The morphological characteristics of generative shoots of *A. elongatum*

Cecha Features	Wartości — Values (cm)		
	średnia mean	minimalna minimum	maksymalna maximum
Wysokość pędu — Shoot height	174,8	149	197
Długość źdźbła — Length of culm	147,6	124	167
Długość międzywęźla I pod kłosem — Internode length I under ear	60,2	42	70
Długość międzywęźla II — Internode length II	39,4	21	60
Długość międzywęźla III — Internode length III	27,6	24	34
Długość międzywęźla IV — Internode length IV	19,6	17	22
Długość kłosa — Length of ear	27,2	23	35

Powierzchnia przekroju poprzecznego źdźbła w odniesieniu do wartości uzyskanych ze wszystkich pomiarów wykonanych na pędzie, czyli bez względu na wybrane miejsce na międzywęźlach, dochodzi do 7 mm². Daje się jednak zauważyć duże zróżnicowanie tego parametru. Ściany źdźbła osiągają średnio 0,78 mm grubości i wykazują niewielkie wahania w tym względzie skoro współczynnik zmienności przyjmuje wartość 18,6%. Żdźbło perzu jest zazwyczaj puste. Tylko sporadycznie niektóre międzywęźla, głównie najwyższego piętra, są wypełnione. Pole powierzchni wolnej, a więc nie zarośniętej komórkami, wynosi przeciętnie 1,52 mm². Stąd łatwo obliczyć, że pole powierzchni ścian

stanowi blisko 80% powierzchni przekroju źdźbła. Można uznać pęd perzu jako mocny i nie poddający się łatwo złamaniu, czy uszkodzeniu. Stwierdzenie to potwierdzają obserwacje polowe.

Tabela 2

Charakterystyka morfologiczno-anatomiczna źdźbła *A. elongatum*
Morphological and anatomical characteristics of stem of *A. elongatum*

Cecha (miano) Features	Średnia wartość Mean value	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności The coefficient of variation VC (%)
Średnica źdźbła Culm diameter (mm)	2,78	10,75	17,2
Grubość ścian Wall thickness (mm)	0,78	11,08	18,6
Powierzchnia przekroju poprzecznego źdźbła Cross-sectional area of stem (mm ²)	6,82	4,03	59,09
Powierzchnia źdźbła zajęta przez ściany Blade area occupied by the walls (mm ²)	5,30	2,94	55,47
Niewypełniona powierzchnia źdźbła Unfilled surface of stem (mm ²)	1,52	1,50	98,68
Udział pola powierzchni ścian w ogólnej powierzchni źdźbła The share of the walls in the total blade surface area (%)	79,95	12,47	15,60

Zauważono również, że powyższe parametry anatomiczne są zróżnicowane w swych wartościach w zależności od usytuowania na pędzie (tab. 3). Międzywęźła u podstawy pędu wykazują blisko 2,5-krotnie większą powierzchnię przekroju poprzecznego niż międzywęźła pod kłosami, podobnie jak obecność powierzchni ścian w ogólnej powierzchni przekroju poprzecznego źdźbła.

Zauważono również, że powyższe parametry anatomiczne są zróżnicowane w swych wartościach w zależności od usytuowania na pędzie (tab. 3). Międzywęźła u podstawy pędu wykazują blisko 2,5-krotnie większą powierzchnię przekroju poprzecznego niż międzywęźła pod kłosami, podobnie jak obecność powierzchni ścian w ogólnej powierzchni przekroju poprzecznego źdźbła.

Porównując wyniki badań anatomicznych nad perzem wydłużonym z rezultatami prac innych autorów, zwłaszcza Mikołajczak (1981) i Stańko-Bródkowej (1968), dotyczących traw pastewnych można zauważyć, że oceniany gatunek nie wyróżnia się korzystnie parametrami anatomicznymi istotnymi dla wartości pokarmowej. Tym samym badania tego rodzaju wyznaczają mu miejsce w sferze pozapaszowej.

Reakcja na nawożenie jest znaczącą cechą biologiczną traw uprawnych. W przypadku *Agropyron elongatum* wysokość pędów generatywnych jest w niewielkim stopniu modyfikowana nawożeniem (tab. 4). Przy porównaniu pędów z powierzchni nie nawożonych do pochodzących z powierzchni nawożonych najwyższą dawką nawozu, różnica dochodziła zaledwie do 7%. Natomiast duże zmiany pod wpływem nawożenia wykazują blaszki liściowe. Stwierdzono bowiem wzrost ich długości o 50%, a szerokości nawet o 63%. Zauważono też, że pod wpływem nawożenia rośliny wykształcają nawet o

90% więcej pędów generatywnych. Przedstawiona reakcja tego gatunku jest w decydującej mierze bardziej wyrazista niż u traw nitrofilnych (Falkowski i in., 1996 a; Vogel i Moore, 1998).

W badaniach biologicznych skoncentrowano się na wielkości plonu biomasy, czyli nadziemnych części pędów. Zwrócono również uwagę na wielkość plonu nasion.

Tabela 3

Zróznicowanie morfologiczno-anatomiczne źdźbła na różnych wysokościach pędu *A. elongatum*
Morphological and anatomical diversity of stem at different shoot heights of *A. elongatum*

Cecha Features	Międzywęzła Internodes	Średnia wartość Mean value (mm ²)	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności The coefficient of variation VC (%)
Powierzchnia przekroju poprzecznego źdźbła Cross-sectional area of stem	pod kwiatostanem at the inflorescence	3,85	2,25	58,44
	u podstawy at the base	9,27	4,63	49,99
Powierzchnia źdźbła zajęta przez ściany Blade area occupied by the walls	pod kwiatostanem at the inflorescence	2,89	1,40	48,44
	u podstawy at the base	7,46	3,24	43,43
Niewypełniona powierzchnia źdźbła Unfilled surface of stem	pod kwiatostanem at the inflorescence	0,96	1,10	114,58
	u podstawy at the base	1,81	1,66	91,71
Udział pola powierzchni ścian w ogólnej powierzchni źdźbła The share of the walls in the total blade surface area (%)	pod kwiatostanem at the inflorescence	79,95	15,72	19,78
	u podstawy at the base	82,75	10,64	12,86

Tabela 4

Właściwości biologiczne perzu wydłużonego *A. elongatum*
The biological properties of tall wheatgrass *A. elongatum*

Poziom nawożenia Level of fertilisation Kg·ha ⁻¹	Wysokość pędów generatywnych The height of generative shoots (cm)	Liczba pędów generatywnych na 1 m ² The number of generative shoots per 1 m ²	Błazka liściowa Leaf blade (mm)	
			długość length	szerokość width
Kontrola — Control	177	80	17,8	5,5
60N : 20P : 30K	188	125	27,3	6,0
120N : 20P : 30K	190	155	26,5	9,0

Prace nad plonowaniem upraw uwzględniały zdolność perzu do wielokrotnego odrastania oraz szerokość rozstawu rzędów podczas wysiewu nasion. Jak się okazuje z plantacji uprawnej stworzonej przez wysiew nasion w rozstawie 25 cm oraz przy zastosowaniu nawożenia 60 kg fosforu i 60 kg potasu, zaaplikowanego wczesną wiosną oraz 115 kg azotu w okresie wegetacji, z 1 hektara można uzyskać nawet 164 dt suchej masy (tab. 5). Plon pierwszego odrostu stanowi blisko połowę wielkości plonu całorocznego. Wielkość plonu dalszych odrostów jest mniejsza, bez względu na sposób wysiewu nasion. Pod ostatni czwarty odrost nie podano azotu. Dodać też należy, iż odrosty

zbierane w fazie wegetatywnej — pierwszy uzyskano w ciągu 55 dni wegetacji, drugi po blisko 40 dniach odrastania, trzeci po 50, a czwarty po 65 dniach. Wyniki badań własnych z tego zakresu dają podstawę do określenia czy zasadne jest pozyskiwanie w celach energetycznych aż czterech odrostów w okresie wegetacji.

Tabela 5

Plonowanie upraw *A. elongatum*
Yield of *A. elongatum*

Odrost Regrowth	Plon suchej masy (dt·ha ⁻¹) uzyskany przy rozstawie rzędów Dry matter yield (dt·ha ⁻¹) obtained at the row distance	
	25 cm	50 cm
I	80	76
II	34	29
III	30	19
IV	20	18
Razem — Total	164	142

W przypadku badań nad pozyskiwaniem plonu nasion i fitomasy dostrzeżono, że na ich wielkość ma znaczny wpływ umiarkowane nawożenie mineralne (tab. 6). Rośliny nawożone dostarczają około 11,5 tony biomasy, to jest o 38% więcej niż nie nawożone.

W odniesieniu do plonu nasion wpływ nawożenia nie jest tak jednoznaczny. Najwięcej nasion zebrano z powierzchni nawożonej podstawową dawką 60 kg N·ha⁻¹ — blisko 15 dt w przeliczeniu na 1 ha, to znaczy aż o 64% więcej w odniesieniu do roślin nie nawożonych. Natomiast podwojenie dawki azotu nie spowodowało osiągnięcia największego plonu nasion. Jest to rezultat bujnego rozwoju części wegetatywnych roślin oraz częściowego ich wylegania. Ponadto rośliny wykształcały znacznie drobniejsze nasiona, na co wskazuje masa tysiąca nasion. Kwestie te korespondują z wynikami badań Falkowskiego i in. (1996 a) nad trawami nasiennymi.

Tabela 6

Zdolność wytwarzania biomasy i nasion *A. elongatum*
The ability of biomass and seed production of *A. elongatum*

Poziom nawożenia Level of fertilisation (kg·ha ⁻¹)	Plon s.m. roślin Yield of DM plants (t·ha ⁻¹)	Plon nasion Yield of seed (dt·ha ⁻¹)	MTN Thousand-seed weight (g)
Kontrola — Control	8,3	9,0	7,5
60 N : 20P : 30K	11,7	14,8	7,9
120 N : 20P : 30K	11,3	12,5	7,0
NIR- LSD _{0,05}	0,93	1,45	0,60

Zwrócono także uwagę na jakość ziarniaków perzu wydłużonego. W świetle badań własnych i informacji uznać należy, że cechą charakterystyczną *Agropyron elongatum* jest niewątpliwie wysoka zdolność kiełkowania krótko po zbiorze nasion. W ciągu 6 lat prowadzenia obserwacji nad tym gatunkiem, w latach 2003–2008, stwierdzono zdolność kiełkowania na poziomie około 90%. Niższą zdolność kiełkowania ziarniaków zauważono jedynie w roku 2006 — 83% oraz w 2008 — 70%. Stwierdzono również, że ziarniaki posiadają stosunkowo dobrą zdolność kiełkowania już krótko po zbiorze. Dodać należy, że

wysoką zdolność kiełkowania na poziomie 70–99% oznaczano także na ziarniakach kilkuletnich pochodzących z wcześniej uzyskanych materiałów hodowlanych.

W badaniach nad składem chemicznym *Agropyron elongatum* ograniczono się do pierwszego odrostu zdominowanego przez pędy generatywne ścięte przed ich kwitnieniem oraz drugiego odrostu, w którym znajdowały się tylko pędy wegetatywne. Ponieważ w roku zakładania doświadczenia warunki przyrodniczo-klimatyczne sprzyjały rozwojowi roślin pozyskano już taką masę runi, która nadawała się do skoszenia. Poddano ją również jakościowym badaniom analitycznym. Wszystkie otrzymane wyniki zamieszczono w tabeli 7.

Tabela 7

Skład chemiczny perzu wydłużonego *A. elongatum* (g·kg⁻¹ s.m.)
Chemical composition of Tall Wheatgrass *A. elongatum*

Składnik Component	Rok siewu Year of sowing	Rok pełnego użytkowania Year of full exploitation	
		I odrost I regrowth	II odrost II regrowth
Białko ogólne — Crude protein	152,1	129,6	217,9
Cukry — Sugars	24,61	19,92	26,45
Celuloza — Cellulose	277,42	301,12	230,06
Hemicelulozy — Hemicelluloses	243,92	241,46	208,62
Ligniny — Lignins	26,50	17,80	15,40
ADF	303,92	318,92	245,46
NDF	547,84	560,38	454,08
Popiół surowy — Crude ash	126,03	116,05	124,05
Wapń — Calcium	7,41	7,61	7,21
Magnez — Magnesium	0,74	0,64	0,97
Fosfor — Phosphorus	3,42	3,21	4,10
Potas — Potassium	35,51	29,07	48,82
Sód — Sodium	0,46	0,33	0,47
Krzem — Silicon	3,44	6,58	7,52
N-NO ₃	0,006	0,048	1,016

Jak się okazuje w roku zasiewu rośliny perzu jego rośliny zawierały ponad 500 g węglowodanów strukturalnych w kg s.m., przy udziale niewielkim lignin. Podobna sytuacja miała miejsce w pierwszym odroście pełnego użytkowania perzu. Kształtowanie się zawartości celulozy i hemiceluloz na tak wysokim poziomie uznać należy za cechę bardzo korzystną w aspekcie energetycznym, co zauważają także, w przypadku innych gatunków traw Rogalski i in. (2005), Kozłowski i in. (2007), a także Harkot i in. (2007). Można sądzić, że ten niski poziom lignin jest cechą charakterystyczną tego gatunku. Taką cechą jest także niska zawartość cukrów. Poziom białka okazał się zróżnicowany. Najniższą jego zawartość stwierdzono w stadium generatywnym roślin, czyli w I odroście. Przeciwnieństwem w tym względzie jest odrost II, który tworzyły pędy wegetatywne. Perz wydłużony wyróżnia się niskim poziomem popiołu surowego, czego wyrazem jest udział około 120 g·kg⁻¹ s.m. Podobnie jest w innych gatunkach traw (Barbieri i in., 2006; Stout i Jung, 1992; Szűcs i in., 2005). Jest to bardzo korzystna cecha w przypadku używania go na cele energetyczne. Jednakże ilości wykrywanych w tym popiele pierwiastków są w nim stosunkowo do innych traw zaskakująco duże, choć zbliżone do popiołu drzewnego. Jeżeli

potwierdzą się one w dalszych badaniach to właściwość ta może z kolei obniżyć pozytywną cechę popielności w energetycznym wykorzystaniu tej trawy. Zawartość wapnia i fosforu z żywieniowego punktu widzenia, kształtuje się na poziomie optymalnym, przy równoczesnym niedoborze magnezu i sodu. Dostrzegalny jest blisko dwukrotny nadmiar potasu.

Natomiast gatunek ten odkłada niewielkie ilości krzemu. Również w minimalnym stopniu kumuluje azot azotanowy, chociaż nawożenie azotowe upraw zaznacza w jego przypadku swoją obecność. Odnosząc wyniki badań nad składem chemicznym perzu wydłużonego do właściwości chemicznych traw flory rodzimej opisanych przez Falkowskiego (1982) można stwierdzić, że przed nowym taksonem zarysowują się możliwości wielorakiego jego wykorzystania.

WNIOSKI

1. Wyniki badań własnych nad biologią, morfologią, anatomią i składem chemicznym *Agropyron elongatum* zwiększają wiedzę o tym gatunku zaaklimatyzowanym w naszym kraju.
2. Perz wydłużony wyróżnia się znacznie wieloma cechami biologicznymi i chemicznymi w stosunku do traw rodzimej flory.
3. Niektóre cechy, zwłaszcza wysoki plon biomasy i nasion, wyraźnie predysponują perz wydłużony do uprawy i jego wykorzystania na cele fitoenergetyczne, zwłaszcza na drodze wyzwalania energii cieplnej spalania.

LITERATURA

- Barbieri P. A., Echeveria H. E., Saint Roza H. R., Pilone L. I. 2006. Nitrogen use efficiency from urea applied to a tall wheatgrass (*Elytrigia elongata*) prairie In a sodic soil. *Agronomy J.* 180: 535 — 544.
- Celińska A. 2009. Charakterystyka różnych gatunków upraw energetycznych w aspekcie ich wykorzystania w energetyce zawodowej. *Polityka Energetyczna*, 12: 59 — 71.
- Dubas W. 2005. Możliwości ograniczenia produkcji biomasy pochodzącej z roślin energetycznych z przeznaczeniem jej na cele energetyczne. www.biomasa.org.
- Falkowski M., Kozłowski S., Witkowska B. 1978. Charakterystyka anatomiczno-morfologiczna blaszek liściowych odmian *Lolium multiflorum*. *Acta Agrobotanica*, 31, 1/ 2 :85 — 94.
- Falkowski M. 1982. Trawy polskie. Praca zbiorowa pod redakcją M. Falkowski. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
- Falkowski M., Kukułka i., Kozłowski S. 1996. Właściwości biologiczne roślin łąkowych. Wydawnictwo Akademii Rolniczej w Poznaniu.
- Falkowski M., Kukułka I., Kozłowski S. 1996 a. Wyształcanie pędów generatywnych a plonowanie plantacji nasiennych traw. *Biul. IHAR* 199: 99 — 107.
- Grzybek A. 2003. Kierunki zagospodarowania biomasy na cele energetyczne. *Wiś Jutra*, 9 (62): 10 — 11.
- Harkot W., Warda M., Sawicki J., Lipińska H., Wyłupek H., Czanecki Z., Kulik M. 2007. Możliwości wykorzystania runi łąkowej do celów energetycznych. *Łąkarstwo w Polsce* 10: 59 — 67.
- Hauptvogel P., Podyma W., Góral S. 1997. Morfologiczne zróżnicowanie ekotypów trzcinika piaskowego *Calamagrostis epigeios* (L.) Roth. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* 41: 173 — 181.
- Kochanowska R., Gamrat R. 2007. Uprawa miskanta cukrowego (*Miscanthus sacchariflorus* (Maxim.) Hack.) — zagrożeniem dla polskich pól i lasów? *Łąkarstwo w Polsce*, 10: 223 — 228.

- Kozłowski S., Kukułka I. 1981. Ocena jakościowa odmian życicy wielokwiatowej na podstawie cech anatomicznych, morfologicznych i fitochemicznych. *Biuletyn Oceny Odmian*, 9, 1–2: 141 — 149.
- Kozłowski S., Zielewicz W., Lutyński A. 2007. Określenie wartości energetycznej *Sorghum sacharatum*, *Zea mays* i *Malva verticillata*. *Łąkarstwo w Polsce*, 10: 131 — 140.
- Kozłowski S., Swędrzyński A. 2010. Możliwości wykorzystania trzcinnika piaskowego w kontekście jego biologicznych, chemicznych i fizycznych właściwości. *Łąkarstwo w Polsce*, 13: 48 — 54.
- Książak J., Faber A. 2007. Ocena możliwości pozyskania biomasy z mozgi trzcinowatej na cele energetyczne. *Łąkarstwo w Polsce*, 10: 141 — 148.
- Majtkowski W. 2008. Wydmuchrzyca wydłużona. *Agroenergetyka* 3: 12 — 16.
- Martyniak D., Martyniak J. 2009. Nowa energetyczna trawa. *Farmer* 18: 28 — 29.
- Martyniak D., Martyniak J., Żurek G. 2010. Miejsce nowej trawy energetycznej w infrastrukturze obszarów wiejskich i możliwości technologicznego jej wykorzystania. Materiały XV Konferencji naukowo-technicznej pt. Rola infrastruktury i techniki rolniczej w zrównoważonym rolnictwie. Kielce 11–12.03. 2010 r.
- Mikołajczak Z. 1981. Wpływ fazy rozwojowej i poziomów nawożenia na zawartość włókna surowego i tkanek niestrawnych w trawach. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.* 241: 81 — 96.
- Niedziółka I., Zuchniarz A. 2006. Analiza energetyczna wybranych rodzajów biomasy pochodzenia roślinnego. *Motorol*, 8 A: 232 — 237.
- Rogański M., Sawicki B., Bajonko M., Wiczorek A. 2005. Wykorzystanie rodzimych gatunków traw jako odnawialnych źródeł energii. W: *Alternatywne źródła energii. Dobrodziejstwa i zagrożenia* (red.: M. Ciaciura) Szczecin-Wisłoka.
- Rogulska M., Jaworski Ł. 2005. Potrzebne plantacje. *Aeroenergetyka*, 4 (14): 17 — 20.
- Stańko-Bródkowa B. 1968. Zależność między budową anatomiczną wybranych gatunków traw i turzyc a ich wartością pokarmową. *Roczniki nauk Rolniczych*, F, 77: 1.
- Szczukowski S., Tworowski J. 2006. Zamiany w produkcji i wykorzystanie biomasy w Polsce. *Praktyczne aspekty wykorzystania odnawialnych źródeł energii. Plan energetyczny województwa podlaskiego*, 25.
- Vogel K. P., Moore K. J. 1998. Forage yield and quality of tall wheatgrass accessions in the USDA germplasm collection. *Crop Sci.* 38: 509 — 512.
- Wojciechowska U. 2006. Unijny plan działania w sprawie biomasy. *Czysta Energia* 1:16 — 18.
- Zielewicz W., Kozłowski S. 2008. Możliwość obniżenia poziomu nawożenia w uprawie sorga cukrowego. *Łąkarstwo w Polsce* 11: 223 — 235.
- Żurek G., Martyniak D., Martyniak J. 2010. Minor grass species-increasing biodiversity for pasture, forage and bioenergy. Abstract, 2nd German-Polish Forum on Eco-Innovation: Fostering R&C.

ALEKSANDRA LUWAŃSKA**KAROLINA JARZYŃIAK****JOANNA MAKOWIECKA****KAROLINA WIELGUS**

Zakład Biotechnologii

Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich w Poznaniu

Namnażanie cennego genotypu *Aesculus hippocastanum* L. metodą mikropropagacji

Propagation of valuable genotype of *Aesculus hippocastanum* L. by micropropagation

Kasztanowiec zwyczajny (*Aesculus hippocastanum* L.) jest drzewem liściastym, wywodzącym się z Półwyspu Bałkańskiego. Odkąd został sprowadzony do Polski stanowi popularne drzewo wykorzystywane do nasadzeń w parkach oraz alejach. Z uwagi na zawartość escyny o działaniu przeciwozbrzękowym, przeciwzapalnym oraz uszczelniającym naczynia krwionośne znalazł również zastosowanie w medycynie i kosmetyce. W ostatnich latach największym zagrożeniem dla drzewa jest motyl — szrotówek kasztanowcowiaczek (*Cameraria ohridella*). Owad żerując na liściach prowadzi do defoliacji drzewa, a w konsekwencji do powtórnego listnienia i kwitnienia na jesień, przez co drzewo staje się mniej odporne na mrozy. Najczęściej stosowane metody zwalczania szkodnika, pomimo iż prowadzą do zmniejszenia jego liczebności, nie chronią drzewa w sposób całkowity. Przyszłością w ochronie tego gatunku może być wykorzystanie nowoczesnych narzędzi biotechnologii przez zastosowanie mikropropagacji cennych genotypów. Celem badań było opracowanie skutecznej i wydajnej metody namnażania wyselekcjonowanego genotypu *A. hippocastanum*, odpornego na szrotówka kasztanowcowiaczka, metodą mikropropagacji. Kultury zainicjowano poprzez pobranie z rośliny matecznej eksplantatów, które poddano sterylizacji w 15% roztworze podchlorynu sodu i umieszczono na pożywce do namnażania — MS ½ NO₃ zawierającą fitohormon BAP (1 mg/l). Pasaż na świeżą pożywkę odbywał się co 4 tygodnie. Zastosowana do namnażania pożywka przyniosła satysfakcjonujące wyniki propagacji roślin. Współczynnik namnażania w pięciu kolejnych cyklach namnożeń oscylował w granicach 3–5. W celu indukcji ukorzeniania rozmnożonych pędów zastosowano kilka rodzajów pożywek z różną kombinacją hormonów i ich stężeń. Jednak wszystkie użyte na etapie ukorzeniania podłoża nie przyniosły oczekiwanych rezultatów, stąd prace nad ukorzenianiem i aklimatyzacją sadzonek *A. hippocastanum* wymagają kontynuacji.

Słowa kluczowe: *Aesculus hippocastanum*, *Cameraria ohridella*, kultury *in vitro*, mikropropagacja

Horse chestnut (*Aesculus hippocastanum* L.) is a deciduous tree, native to Balkan Peninsula. It is one of the most popular ornamental trees in Poland and all over the Europe. Thanks to the aescin, *A. hippocastanum* is widely used for medicinal and cosmetic preparations. The horse chestnut leaf miner moth (*Cameraria ohridella*) is the most dangerous parasite for European horse chestnut. The insect induces tree defoliation. Second leafing and flowering occur, which result in decrease of the frost

hardiness. The most frequently used control measures, although have impact on the leaf miner populations, do not protect the tree completely. The use of modern biotechnology to micropropagate unique genotypes could save this woody plant. The aim of this study was to establish method of efficient propagation protocol for the *A. hippocastanum* genotype resistant to the horse chestnut life miner using micropropagation. Explants from crown branches were used for culture initiation. Explants were sterilized by rinsing in 15% NaClO and then placed on propagation medium — MS ½ NO₃ supplemented with (1 mg/l) BAP. Plant material was transferred to a fresh medium every 4 weeks. The propagation gave satisfying results. The mean number of newly formed shoots was 3–5 during five multiplication cycles. For root induction different treatments were compared. However, all media which were used, did not bring expected result. Therefore, research with rooting and acclimatization of *A. hippocastanum* needs to be continued.

Key words: *Aesculus hippocastanum*, *Cameraria ohridella*, *in vitro* culture, micropropagation

WSTĘP

Kasztanowiec zwyczajny (*Aesculus hippocastanum* L.) jest gatunkiem drzewiastym, należącym do rodziny *Sapindaceae*. Gatunek ten występuje rodzimie w centralnej i północnej Grecji, Albanii, byłej Jugosławii oraz w ograniczonym zakresie we wschodniej Bułgarii (Avtzis i in., 2007). Do Polski został sprowadzony w XVI w. (Piechal i in., 2005). Ze względu na walory dekoracyjne stanowi popularne drzewo wykorzystywane do nasadzeń w parkach oraz alejach (Russel i in., 2008). Oprócz funkcji rośliny ozdobnej *A. hippocastanum* znalazł zastosowanie w medycynie i kosmetyce. Ze względu na zawartość escyny kasztanowiec wykorzystywany jest w leczeniu takich schorzeń jak: chroniczna niewydolność żylna, zapalenie żył, hemoroidy oraz w preparatach kosmetycznych dla cery naczynkowej. Escyna jest mieszaniną triterpenowych saponin, wykazującą działanie przeciwobrzękowe, przeciwzapalne, poprawiające tonus żylny, zmniejszające pojemność żył, przeciwkrzepliwe oraz uszczelniające naczynia krwionośne (Piechal i in., 2005). W ostatnich latach największym zagrożeniem dla drzewa jest motyl — szrotówek kasztanowcowiaczek (*Cameraria ohridella*). Defoliacja, czyli pozbawienie rośliny liści, spowodowana obecnością owada doprowadziła do przypadków zamierania kasztanowców w Czechach i na Węgrzech. Częstym skutkiem defoliacji jest zjawisko powtórnego listnienia i kwitnienia drzewa na jesień, przez co następuje spadek odporności kasztanowca na mrozy (Kosibowicz, 2005). Zwalczanie szkodnika odbywa się najczęściej z zastosowaniem metod mechanicznych (niszczenie porażonych liści, lepowanie pni) oraz chemicznych (m.in. mikroiniekcje insektycydów do pni, opryskiwanie koron drzew środkami owadobójczymi oraz iniekcje do gleby) (Głowacka i in., 2009). Stosowane powszechnie metody, pomimo iż prowadzą do zmniejszenia liczebności owada, nie chronią drzewa w sposób całkowity.

Celem badań było opracowanie skutecznej i wydajnej metody namnażania wyselekcjonowanego genotypu *A. hippocastanum*, odpornego na szrotówka kasztanowcowiaczka, metodą mikropropagacji poprzez regenerację z pąków bocznych. Zastosowanie mikrorozmnażania oraz otrzymanie roślin identycznych z genotypem odpornym może przyczynić się do ochrony tego gatunku drzewa, poprzez wprowadzanie do nasadzeń osobników niewrażliwych na porażenie owadem.

MATERIAŁY I METODY

Jako źródło materiału roślinnego posłużył wyselekcjonowany genotyp *A. hippocastanum*, odporny na szrotówka kasztanowcowiaczka (rys. 1). Drzewo, z którego został pobrany materiał zlokalizowane jest na terenie Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.

Materiał roślinny, w postaci pędów, pobranych wczesną wiosną, umieszczono w roztworze 8-hydroksychinoliny. Celem zabiegu było zwiększenie efektywności sterylizacji właściwej. Po upływie dwóch tygodni pobrano eksplantaty wyjściowe, którymi były fragmenty węzłowe pędu, zawierające komórki merystematyczne. Ze względu na rozmiar pobieranych eksplantatów, podzielono je na eksplantaty większe (2 cm) oraz mniejsze (1 cm). Do zainicjowania sterylnych kultur testowano dwa roztwory sterylizacyjne (15% NaClO oraz ACE 1:2) w dwóch kombinacjach czasowych (10' oraz 15'). Po upływie planowego czasu sterylizacji eksplantaty zostały trzykrotnie opłukane ze środka sterylizującego poprzez umieszczanie w sterylnej wodzie na okres 5 min (3×5 min). Efektywność sterylizacji sprawdzano w dwóch doświadczeniach, wysterylizowano łącznie 300 eksplantatów. W celu wybrania najbardziej efektywnej procedury sterylizacji po upływie 7 oraz 14 dni przeprowadzono obserwację, w której oznaczono procent roślin czystych oraz rosnących.

Dalsze etapy pracy obejmowały namnażanie eksplantatów oraz ukorzenianie pędów. Wyjściowa liczba eksplantatów użytych w doświadczeniu, przed pierwszym pasażem oraz w kolejnych cyklach namnożeń wynosiła 250. W celu elongacji pędów i obserwacji wpływu tego procesu na ukorzenianie, 100 eksplantatów hodowano na modyfikowanych pożywkach (opisane poniżej). Ukorzenianiu poddano łącznie 500 eksplantatów.

Dla otrzymania jak największej liczby identycznych pod względem genetycznym roślin, eksplantaty umieszczano na pożywce MS $\frac{1}{2}$ NO₃ zawierającej 1 mg fitohormonu BAP oraz 30 g sacharozy w 1 litrze. Ustalono pH na poziomie 5,6 i zestalono agarem (7 g/l). Przeprowadzono 5 cykli namnożeń. Pasaż na świeżą pożywkę odbywał się co 4 tygodnie.

Przed przystąpieniem do ukorzeniania zregenerowanych roślin, badano efekt oddziaływania na eksplantaty pożywek przygotowujących do tego etapu. W tym celu zmodyfikowano pożywkę do namnażania. W modyfikacji I źródło węgla — sacharozę zastąpiono fruktozą (20 g/l). W modyfikacji II podłoże nie zostało wzbogacone dodatkiem fitohormonu. Dokonane zmiany miały na celu stymulację elongacji pędów, będącej warunkiem koniecznym do ukorzeniania.

W celu indukcji ukorzeniania testowano trzy pożywki: MS $\frac{1}{2}$ NO₃, $\frac{1}{2}$ MS oraz $\frac{1}{2}$ MS $\frac{1}{2}$ NO₃, w kilku kombinacjach, zmieniając stężenie oraz rodzaj zastosowanej auksyny (tab. 5). W przypadku pożywki MS $\frac{1}{2}$ NO₃ z 3 mg/l IAA oraz 3 mg/l IBA eksplantaty kasztanowca po 4 dniach przenoszono na pożywkę MS $\frac{1}{2}$ NO₃ z węglem aktywnym, nie zawierającą hormonu. Następnie, po upływie 4 tygodni materiał roślinny wyłożono na podłoże torf: perlit (1:2).

Podczas etapu namnażania oraz przygotowania do warunków *ex vitro* (tj. elongacji oraz ukorzeniania) prowadzono obserwacje co 2 tygodnie.

Hodowle prowadzono w fitotronie, w warunkach 33% wilgotności, przy szesnastogodzinnym fotoperiodzie (16 h dzień / 8 h noc), w temperaturze 23-25°C.

WYNIKI

Spośród dwóch roztworów sterylizacyjnych jako roztwór optymalny wybrano 15% roztwór podchlorynu sodu (tab. 1). Przeprowadzone obserwacje wykazały, iż najbardziej odpowiednim czasem sterylizacji jest: 15 min dla eksplantatów małych oraz 10 min dla eksplantatów dużych. W obu przypadkach zaobserwowano najbardziej powtarzalne wyniki zarówno w odniesieniu do czystości, jak i procentu eksplantatów rosnących.

Tabela 1

Inicjacja sterylnych kultur *in vitro* *Aesculus hippocastanum*
Initiation of sterile *in vitro* culture of *Aesculus hippocastanum*

Roztwór sterylizacyjny Sterilization solution	Czas sterylizacji Sterilization time	Wielkość eksplantatu Explant size	Powtórzenie I Experiment no. I				Powtórzenie II Experiment no. II			
			eksplantaty — explants							
			czyste (%) pure		rosnące (%) vigorous		czyste (%) pure		rosnące (%) vigorous	
			obserwacja — observation no.							
			I	II	I	II	I	II	I	II
ACE (1:2)	10 min	małe (small)	66,7	100	16,7	87,5	100	100	100	100
		duże (big)	36,4	100	0	100	0	—	0	—
	15 min	małe (small)	75	100	33,3	55,6	100	100	100	100
		duże (big)	83,3	100	25	90	90,9	11,1	90,9	66,7
15% NaClO	10 min	małe (small)	83,3	100	50	80	100	100	100	80
		duże (big)	83,3	100	75	80	100	100	100	100
	15 min	małe (small)	66,7	100	58,3	100	75	100	100	100
		duże (big)	58,3	85,7	50	85,7	42,9	—	57,1	—

Tabela 2

Namnażanie *Aesculus hippocastanum* na pożywce MS ½ NO₃ zawierającej 1 mg/l BAP
Propagation of *Aesculus hippocastanum* on MS ½ NO₃ medium containing 1 mg/l BAP

Pasaż Passage no.	Eksplantaty — Explants										WN Shoots per reactive explant	
	czyste (%) pure		rosnące (%) growing		słabo rosnące (%) weakly growing		obumarłe (%) necrotic		zeszklone (%) hyperhydrated			
	obserwacja — observation no.											
	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II
n 1	98,45	97,05	71,71	73,84	25,19	13,92	3,10	12,24	1,94	2,95	2,11	3,27
n 2	99,32	98,95	97,95	93,68	1,37	4,74	0,68	1,58	0,00	1,05	2,25	5,15
n 3	98,86	95,13	92,78	89,82	6,08	7,52	1,14	2,65	0,76	1,33	2,75	5,20
n 4	99,38	96,13	80,00	82,90	15,31	8,06	4,69	9,03	0,31	1,61	1,97	3,11
n 5	100,00	93,23	86,36	87,97	9,47	4,89	4,17	7,14	4,53	3,01	1,68	3,05

Zastosowana do namnażania pożywka przyniosła satysfakcjonujące wyniki propagacji roślin (tab. 2). Współczynnik namnażania, wyrażony jako ilość pędów przybyszowych przypadających na jeden eksplantat, w pięciu kolejnych cyklach namnożeń oscylował w granicach 3–5. Przy zastosowanej skali doświadczenia, umożliwiło to

otrzymać w przeciągu 4 tygodni, od 750 do 1250 roślin, z 250 eksplantatów. Procent eksplantatów rosnących utrzymywał się na wysokim poziomie i wynosił maksymalnie 97,95% po 2 tygodniach oraz 93,68% po 4 tygodniach prowadzenia kultury. Uśredniona wartość strat materiału roślinnego związanych z obumarciem eksplantatów nie przekraczała 2,76% (obserwacja I) oraz 6,53% (obserwacja II).

Zmodyfikowanie pożywki podstawowej poprzez zmianę źródła węgla w modyfikacji I oraz brak dodatku fitohormonu w modyfikacji II nie przyniosło pożądanego efektu w postaci zwiększonej elongacji pędów. W porównaniu do pożywki podstawowej wartości współczynników namnażania oraz żywotność eksplantatów były niższe. Zastosowanie fruktozy znacznie obniżyło zdolność do wytwarzania nowych pędów (współczynnik namnażania 1–3), straty związane z obumarciem materiału nie przekraczały jednak 12,77% (tab. 3). Najgorzej rośliny regenerowały na pożywce niezawierającej cytokininy, gdzie procent eksplantatów obumarłych, po 4 tygodniach wyniósł maksymalnie 77,42% (tab. 4).

Tabela 3

Hodowla *in vitro* kasztanowca na pożywce MS ½ NO₃ zawierającej 20 g/l fruktozy
Horse chestnut *in vitro* culture on MS ½ NO₃ medium containing 20 g/l fructose

Pasaż Passage no.	eksplantaty — explants										WN Shoots per reactive explant	
	czyste (%) pure	rosnące (%) growing	słabo rosnące (%) weakly growing		obumarłe (%) necrotic		zeszklone (%) hyperhydrated					
	obserwacja — observation no.											
	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II
n 1	100,00	100,00	81,63	65,96	14,29	21,28	4,08	12,77	0,00	0,00	1,32	1,18
n 2	100,00	100,00	97,50	85,00	2,50	12,50	0,00	2,50	2,50	5,00	3,55	3,51
n 3	100,00	96,67	84,62	93,33	12,31	3,33	3,08	3,33	9,23	11,67	1,74	2,19

Tabela 4

Hodowla *in vitro* kasztanowca na pożywce MS ½ NO₃ nie zawierającej BAP
Horse chestnut *in vitro* culture on MS ½ NO₃ medium without BAP

Pasaż Passage no.	Eksplantaty — Explants										WN Shoots per reactive explant	
	czyste (%) pure		rosnące (%) growing		słabo rosnące (%) weakly growing		obumarłe (%) necrotic		zeszklone (%) hyperhydrated			
	obserwacja — observation no.											
	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II
n 1	100,00	100,00	41,27	25,81	55,56	74,19	3,17	0,00	0,00	0,00	1,32	1,18
n 2	100,00	96,77	22,58	3,23	77,42	19,35	0,00	77,42	0,00	0,00	0,97	1,38
n 3	100,00	100,00	0,00	0,00	44,44	38,89	55,56	61,11	0,00	0,00	1,00	4,00

W celu indukcji ukorzeniania rozmnożonych pędów zastosowano kilka rodzajów pożywek z różną kombinacją hormonów i ich stężeń. Jednak wszystkie użyte na etapie ukorzeniania podłoża nie przyniosły oczekiwanych rezultatów (tab. 5). Wszystkie eksplantaty wyłożone na pożywki ukorzeniające charakteryzowały się wysoką żywotnością (70–100%) oraz całkowitym brakiem lub bardzo niskim procentem (3,33%) kalusa. Nie doszło jednak do ukorzeniania pędów i tym samym niemożliwa była ich aklimatyzacja.

Tabela 5

Ukorzenianie w kulturach *in vitro* *Aesculus hippocastanum*
Rooting of *Aesculus hippocastanum* in *in vitro* culture

Pożywka Medium	Hormon Growth regulator		Eksplantaty — Explants							
			żywotne (%) vigorous		ukorzenione (%) rooting		kalus (%) callus		zakażone (%) contaminated	
	typ type	stężenie hormonu concentration (mg/l)	obserwacja — observation no.							
			I	II	I	II	I	II	I	II
MS 1/2 NO ₃	brak	AC (3 IAA)	100,00	98,81	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
	brak	AC (3 IBA)	100,00	98,15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,85
	IBA	0,05	100,00	96,67	0,00	0,00	0,00	3,33	0,00	1,67
		0,1	100,00	98,18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
		0,2	100,00	100,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,33
		0,5	100,00	100,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,69
1/2 MS	IAA	0,3	90,00	70,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
	NAA + IBA	0,4 + 0,2	98,18	94,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	
1/2 MS 1/2 NO ₃	IAA	3	94,67	80,26	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

AC (3 IAA) — Eksplantaty na pożywkę z węglem aktywnym przełożone z pożywki z 3 mg/l IAA

AC (3 IAA) — Explants transferred from 3 mg/l IAA medium to the medium containing active carbon

DYSKUSJA

Uzyskiwanie roślin poprzez rozmnażanie wegetatywne w kulturach *in vitro* jest szybką i wydajną metodą, która może zastępować konwencjonalne metody namnażania, do których należą m.in. wysiew nasion oraz szczepienie (Kiss i in., 1992). Większość prac opisujących namnażanie kasztanowca zwyczajnego skupia się na zagadnieniu embriogenezy somatycznej (Bergmann i in., 1996). Wielu badaczy pracuje nad udoskonalaniem jej procedury (Ćalić-Drăgosavac i Radojević, 2010; Capuana i Debergh, 1997; Troch i in., 2009). Naukowcy badają wpływ różnych czynników, np. wiek drzewa, jego genotyp na indukcję embriogenezy (Ćalić-Drăgosavac i in., 2010; Radojević i in., 2000) oraz wykorzystują jako źródło eksplantatów fragmenty pochodzące z różnych tkanek (Gastaldo i in., 1994; Gastaldo i in., 1996; Profumo i in., 1991). W porównaniu do regeneracji poprzez zarodki somatyczne relatywnie mało jest informacji w literaturze tematu badań nad uzyskiwaniem *A. hippocastanum* na drodze morfogenezy bezpośredniej. Dlatego też, otrzymanie skutecznej metody powielania genotypu odpornego jest ważne oraz interesujące.

Prowadzone badania wykazały, iż najskuteczniejszą metodą sterylizacji właściwej jest zastosowanie 15% roztworu podchlorynu sodu. Zastosowane stężenie podchlorynu, skuteczne w przypadku eksplantatów pochodzących ze zdrewniałych gałęzi kasztanowca, było wyższe w porównaniu z innymi badaniami (Jain i Häggman, 2007; Sánchez i in., 1997). W badaniach własnych po 14 dniach od sterylizacji odsetek eksplantatów czystych, w dwóch powtórzeniach wyniósł 100%. Z kolei średnia wartość eksplantatów rosnących wynosiła odpowiednio, dla eksplantatów małych 100%, dla eksplantatów większych 90%. W badaniach przeprowadzonych przez Vejsadová i in. (2009), w celu sterylizacji sadzonek

A. hippocastanum, w początkowym etapie przemywano eksplantaty 70% etanolem, następnie przez 10 min wytrząsano je w 2,5% podchlorynie sodu z dodatkiem 0,1–0,2% HgCl_2 . W wyniku zastosowanych procedur otrzymano 14% eksplantatów czystych oraz 14% eksplantatów regenerujących. Przedstawione wyniki dotyczyły eksplantatów pobranych w lutym, podobnie jak w IWNiRZ.

W badaniach własnych hodowlę prowadzono na pożywce $\text{MS } \frac{1}{2} \text{NO}_3$ zawierającej 1 mg/l BAP, z wyłożonych eksplantatów, po 4 tygodniach powstawały liczne pędy boczne (3–5). Pożywka ta była wykorzystywana również przez innych badaczy (Soylu i Ertürk, 1999; Vieitez i in., 1983). Namnażane rośliny charakteryzowały się wysoką żywotnością (87,76%–98,42%) oraz niskim procentem eksplantatów zeszkłonych (1,05%–3,01%). Zastosowana pożywka została uznana za efektywną również w propagacji kasztana jadalnego (*Castanea sativa* Mill.) (Osterc i in., 2005). Wartości średnie współczynnika namnażania oraz żywotności eksplantatów *C. sativa* Mill. były niższe niż eksplantatów *A. hippocastanum* L. i wynosiły odpowiednio 2,1 oraz 84%. Problemem namnażania *A. hippocastanum* zajmowali się także naukowcy czescy (Vejsadová, i in., 2009). Zastosowane przez nich dwa warianty pożywki $\frac{1}{2} \text{MS}$: wariant I z 0,5 mg/l BAP oraz wariant II z 0,5 mg/l BAP i 0,1 mg/l NAA, dały odpowiednio 20% oraz 35% regenerujących pędów. Współczynnik namnażania w obu przypadkach wynosił 2.

Mikropropagacja gatunków drzewiastych, do których zalicza się m.in. kasztanowiec zwyczajny wiąże się z pewnymi ograniczeniami. W przypadku drzew dojrzałych, odpowiedź tkanek na zmieniające się warunki w kulturach *in vitro* jest znacznie mniejsza niż form młodocianych (Ahuja, 1993). Dlatego też, ważnym aspektem mikropropagacji dojrzałych drzew jest wybór eksplantatu, ponieważ tylko niektóre tkanki wykazują tendencję do pożądanej odpowiedzi. Według Bonga i von Aderkas (1992) stopień młodocianości merystemu wierzchołkowego zależy od odległości merystemu od miejsca styku pnia z korzeniem (ang. root-shoot junction). Badania prowadzone przez Sánchez i Vieitez (1991) wykazały różnice w formowaniu pędu wierzchołkowego u *C. sativa*. Eksplantaty pochodzące z korony drzewa wykazywały znacznie mniejszą elongację pędu w porównaniu do eksplantatów pobranych z młodych pędów, wyrosłych po ścięciu drzewa. Zastosowanie fruktozy jako źródła węgla w mikropropagacji *C. sativa* (Chauvin i Salesses, 1988) stymuluje wydłużanie pędów tylko w przypadku form młodocianych (Bonga i von Aderkas, 1992). Ze względu na wiek drzewa *A. hippocastanum*, z którego pobrano eksplantaty, zmiana sacharozy na fruktozę (modyfikacja I), jak również usunięcie z pożywki do namnażania hormonu BAP (modyfikacja II) nie wywołało elongacji pędu. Skutkiem całkowitej eliminacji fitohormonu był jedynie spadek współczynnika namnażania oraz zwiększenie procentu eksplantatów obumarłych (Vieitez, 1986). W badaniach własnych podobne modyfikacje mające na celu elongację pędów nie przyniosły satysfakcjonujących rezultatów.

Brak elongacji pędów oraz mniejszy potencjał rozwojowy eksplantatów, wynikający z utracenia juwenalności tkanek stał się przyczyną nie wytworzenia korzeni na wszystkich testowanych pożywkach (Bonga i von Aderkas, 1992). Potwierdzeniem jest fakt uzyskania przez LüXiuLi i Shi JiSen (2004) wysokiego odsetka ukorzenionych eksplantatów *A.*

hippocastanum, dzięki zastosowaniu pożywki ½ MS wzbogaconej o 0,4 mg NAA/litr oraz 0,2 mg IBA/litr, w przypadku gdy źródłem eksplantatów były młode rośliny macierzyste. Gonçalves i in., (1998) również uzyskali wysoki poziom ukorzenienia *C. sativa* × *C. crenata*, dzięki zastosowaniu trójetapowej procedury (MS ½ NO₃ z 3 mg/l IBA; MS ½ NO₃ z węglem aktywnym; torf : perlit). Źródłem eksplantatów w prowadzonych badaniach były młode pędy, wyrosłe po ścięciu dojrzałego drzewa. W pracy własnej najprawdopodobniej ze względu na wiek drzewa, który posłużył jako źródło materiału roślinnego nie udało się uzyskać ukorzenionych sadzonek.



Rys. 1. *Aesculus hippocastanum* odporny na szrotówka kasztanowcowiaczka
Fig. 1. *Aesculus hippocastanum* resistant on horse chestnut leaf miner

PODSUMOWANIE

Przeprowadzone badania pozwoliły na opracowanie skutecznej procedury sterylizacji materiału roślinnego oraz szybkiej i wydajnej metody namnażania genotypu *A. hippocastanum* odpornego na *C. ohridella*. Etap przygotowania do warunków *ex vitro*

nie przyniósł oczekiwanych rezultatów, gdyż nie udało się uzyskać ukorzenionych sadzonek. Z tego względu prace nad ukorzenianiem i aklimatyzacją sadzonek *A. hippocastanum* wymagają kontynuacji, przy czym znaczący jest fakt uwzględnienia wieku rośliny macierzystej.

LITERATURA

- Ahuja M. R. 1993. Micropropagation of woody plants. Springer. Dordrecht: 1 — 8.
- Avtzis N. D., Avtzis D. N., Vergos S. G., Diamandis S. 2007. A contribution to the natural distribution of *Aesculus hippocastanum* (*Hippocastanaceae*) in Greece. *Phytol. Balcan.* 13 (2): 183 — 187.
- Bergmann B. A., Hackett W. P., Pellett H. 1996. Somatic embryogenesis in *Aesculus*. *In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant* 32 (3): 161 — 164.
- Bonga J. M., von Aderkas P. 1992. *In vitro* culture of trees. Springer. Dordrecht: 96 — 108.
- Capuana M., Debergh P. C. 1997. Improvement of the maturation and germination of horse chestnut somatic Embryos. *PCTOC*, 48: 23 — 29.
- Chauvin J. E., Salesses G. 1988. Effet du fructose sur la micropropagation du châtaignier *Castanea* spp.. *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences Paris (Séries D)*, 306: 207 — 212.
- Ćalić-Dragosavac D., Radojević Lj. 2010. Improvement of maturation and conversion of horse chestnut androgenic embryos. *Biologica Nyssana*, 1 (1–2): 49 — 55.
- Ćalić-Dragosavac D., Stevović S., Zdravković-Korać S. 2010. Impact of genotype, age of tree and environmental temperature on androgenesis induction of *Aesculus hippocastanum* L. *African Journal of Biotechnology* 9 (26): 4042 — 4049.
- Gastaldo P., Carli S., Profumo P. 1994. Somatic embryogenesis from stem explants of *Aesculus hippocastanum*. *PCTOC*, 39 (1): 97 — 99.
- Gastaldo P., Caviglia A. M., Carli S., Profumo P. 1996. Somatic embryogenesis and esculin formation in calli and embryoids from bark explants of *Aesculus hippocastanum* L. *Plant Science* 119 (1–2): 157 — 162.
- Głowacka B., Lipiński S., Tarwacki G. 2009. Możliwości ochrony kasztanowca zwyczajnego *Aesculus hippocastanum* L. przed szrotówkiem kasztanowcowiaczkiem *Cameraria ohridella* Deschka & Dimic. *Leśne Prace Badawcze* 70 (4): 317 — 328.
- Gonçalves J. C., Diogo G., Amâncio S. 1998. *In vitro* propagation of chestnut (*Castanea sativa* × *C. crenata*): Effects of footing treatments on plant survival, peroxidase activity and anatomical changes during adventitious root formation. *Scientia Horticulturae* 72: 265 — 275.
- Jain S. M., Häggman H. 2007. *Protocols for micropropagation of woody trees and fruits*. Springer. Dordrecht: 299 — 312.
- Kiss J., Heszky L. E., Kiss E., Gyulai G. 1992. High efficiency adventive embryogenesis on somatic embryos of anther, filament and immature proembryo origin in horse-chestnut (*Aesculus hippocastanum* L.) tissue culture. *PCTOC*, 30: 59 — 64.
- Kosibowicz M. 2005. Szrotówek kasztanowcowiaczek *Cameraria ohridella* Deschka & Dimic (*Lepidoptera*, *Gracillariidae*), nowy inwazyjny szkodnik kasztanowca białego *Aesculus hippocastanum* L. w Polsce — biologia i metody zwalczania. *Leśne Prace Badawcze* 2: 121 — 132.
- LüXiuLi, Shi JiSen. 2004. Tissue culture and mass propagation of *Aesculus hippocastanum* L. *Journal of Nanjing Forestry University*.
- Osterc G., Zavrl Fras M., Vodenik T., Luthar Z. 2005. The propagation of chestnut (*Castanea sativa* Mill.) nodal explants. *Acta Agriculturae Slovenica*, 85 (2): 411 — 418.
- Piechal A., Blecharz-Klin K., Widy-Tyszkiewicz E. 2005. Kasztanowiec zwyczajny (*Aesculus hippocastani*) we współczesnej terapii. *Przewodnik lekarza*, 4: 74 — 81.
- Profumo P., Gastaldo P., Bevilacqua L., Carli S. 1991. Plant regeneration from cotyledonary explants of *Aesculus hippocastanum* L. *Plant Science* 76 (1): 139 — 142.
- Radojevic Lj., Marinkovic N., Jevremovic S. 2000. Influence of the sex of flowers on androgenesis in *Aesculus hippocastanum* L. anther culture. *In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant* 36: 464 — 469.
- Russel T., Cutler C., Walters M. 2008. *Ilustrowana encyklopedia drzew świata*. Universitas. Kraków: 417 ss.

- Sánchez M. C., Vieitez A. M. 1991. In vitro morphogenetic competence of basal sprouts and crown branches of mature chestnut. *Tree Physiol.* 8 (1): 59 — 70.
- Sánchez M. C., Ballester A., Vieitez A. M. 1997. Reinvigoration treatments for the micropropagation of mature chestnut trees. *Ann Sci. For.* 54: 359 — 370.
- Soylu A., Ertürk Ü. 1999. Researches on micropropagation of chestnut. *Acta Horticulturae* 494: 247 — 250.
- Troch V., Werbrouck S., Geelen D., Van Labeke M. C. 2009. Optimization of horse chestnut (*Aesculus hippocastanum* L.) somatic embryo conversion. *PCTOC*, 98 (1): 115 — 123.
- Vejsadová H., Šedivá J., Vlašínová H., Havel L., Mertlík J., Kloudová K. 2009. Organogenesis induction in horse chestnut (*Aesculus hippocastanum* L.). *Zprávy Lesnického Výzkumu*, 54 (4): 286 — 291.
- Vieitez A. M., Ballester A., Vieitez M. L., Vieitez E. 1983. In vitro plantlet regeneration of mature chestnut. *Journal of Horticultural Science* 58: 457 — 463.
- Vieitez A. M. 1986. Changes in auxin protectors and IA oxidases during the rooting of chestnut shoots in vitro. *Physiol. Plant*, 66: 491 — 494.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Jacek Waga Jerzy Zientarski Maciej Szaleniec Andrzej Skoczowski	Efektywność wykorzystania kolumn chromatograficznych typu „Poroshell” w badaniach białek gliadynowych metodą RP-HPLC Efficiency of Poroshell type chromatographic columns for wheat gliadin separation using RP-HPLC	5
Józef Pilch	Introgresje genów z gatunków spokrewnionych taksonomicznie w ulepszeniach pszenicy <i>Triticum aestivum</i> L. i innych roślin uprawnych Introgressions of genes from taxonomically related species in improvement of wheat <i>Triticum aestivum</i> L. and other cultivated plants	21
Tadeusz Oleksiak	Czynniki warunkujące poziom plonowania pszenicy ozimej w produkcji towarowej. Część I. Zmiany w latach 1986–2010 Factors determining yield level of winter wheat in commercial production. Part I. Changes in years 1986–2010	43
Tadeusz Oleksiak	Czynniki warunkujące poziom plonowania pszenicy ozimej w produkcji towarowej. Część II. Zróżnicowanie w zależności od rejonu i wielkości gospodarstw Factors determining yield level of winter wheat in commercial production. Part II. Differentiation depending on region and farm size	55
Henryk Bujak Gwidon Tratwal	Ocena stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej na podstawie doświadczeń porejestrowych w Polsce Estimation of winter wheat yielding stability according to post-registration variety trials in Poland	69
Wiesław Mądry Marzena Iwańska	Ilościowe miary szerokiej adaptacji odmian i ich zastosowanie w doświadczeniach wstępnych z pszenicą ozimą Quantitative measures of the cultivar wide adaptation degree and their using in preliminary yield trials for winter wheat	81
Tadeusz Adamski Zygmunt Kaczmarek Maria Surma Anetta Kuczyńska Karolina Krystkowiak Bolesław Salmanowicz Renata Trzeciak Zofia Banaszak Bogusława Ługowska Małgorzata Majcher Wiktor Obuchowski	Wielocechowa analiza wybranych cech jakości ziarna pszenicy ozimej Multivariate analysis of some quality traits of winter wheat grain	97
Karolina Krystkowiak Tadeusz Adamski Maria Surma Zygmunt Kaczmarek Anetta Kuczyńska Agata Burtina Renata Trzeciak	Zmienność wybranych cech technologicznych ziarna mieszańców pszenicy ozimej w zależności od składu podjednostek białek gluteninowych u form rodzicielskich Variability of chosen technological traits of winter wheat hybrids in relation to composition of HMW glutenin subunits in parental forms	105

Ryszard Weber Henryk Bujak Jan Kaczmarek Edward Gacek	Plonowanie odmian pszenicy ozimej w Polsce południowo-zachodniej Analysis of yield variability in winter wheat cultivars in South-Western Poland	121
Tadeusz Drzazga Paweł Krajewski Tadeusz Śmiałowski Ewa Śmiałek	Ocena odmian pszenicy ozimej pod względem tolerancji na suszę Drought resistance assessment of winter wheat cultivars	135
Grzegorz Czajowski Anna Strzembicka Katarzyna Karska	Wirulencja populacji <i>Puccinia triticina</i> sprawcy rdzy brunatnej pszenicy i pszenżyta w Polsce w latach 2008–2010 Virulence in population of <i>Puccinia triticina</i> , the causal agent of wheat and triticale leaf rust in Poland in 2008–2010	145
Kinga Myszk Beata Kamińska Anna Fraś Magdalena Ploch Danuta Boros	Metoda Dumasa alternatywną metodą oznaczania białka w produktach roślinnych — badania porównawcze z metodą Kjeldahla Dumas method as an alternative approach for determining protein contents of plant products — comparative study with Kjeldahl method	155
Sylvia Kaczmarek Kinga Matysiak Przemysław Kardasz	Porównanie efektu stosowania mieszaniny tritosulfuronu z dikambą w pszenicy, jęczmieniu i owsie uprawianych w siewach czystych oraz mieszkankach dwugatunkowych Comparison of the tritosulfuron + dicamba application effect in wheat, barley and oat cultivated in monocrops and in two-species mixture	163
Bogusław Łapiński Jacek Matusiak	Ocena nowych materiałów do hodowli heterozyjnej heksaploidalnego pszenżyta ozimego z żytnią cytoplazmą typu Pampa Assessment of new materials for hybrid breeding of winter triticale with rye cytoplasm of the Pampa type	173
Aleksandra Ponitka Aurelia Ślusarkiewicz-Jarzina	Otrzymywanie spontanicznych i indukowanych linii podwojonych haploidów pszenżyta ozimego z wykorzystaniem kultur pylnikowych Production of spontaneous and induced doubled-haploid lines of winter triticale obtained through anther culture	183
Wiesław Mądry Marzena Iwańska	Przydatność metod oraz miar statystycznych do oceny stabilności i adaptacji odmian: przegląd literatury Usefulness of statistical methods and measures for evaluating cultivar stability and adaptation: an overview of research	193
Henryk J. Czembor Jerzy H. Czembor Aleksandra Pietrusińska Olga Domeradźka	Odporność na mączniaka prawdziwego (<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>hordei</i>) odmian jęczmienia włączonych do badań rejestrowych w Polsce w roku 2010 Resistance to powdery mildew (<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>hordei</i>) in barley cultivars included to registration trials in Poland in 2010	219
Irena Kolasińska Waldemar Brukwiński Jacek Jagodziński Michał Materka	Zdolność kombinacyjna wybranych form rodzicielskich żyta Combining ability of parental genotypes of winter rye	229
Irena Kolasińska	Identyfikacja genotypów przywracających płodność mieszańców z cytoplazmą Pampa wśród linii wsobnych żyta o różnym pochodzeniu Identification of male fertility restorers for the Pampa cytoplasm among inbred lines of rye with different origins	241

Krzysztof Ukalski Tadeusz Śmiałowski	Wielocechowa analiza wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym Multivariate analysis of data from preliminary trials with winter rye	251
Joanna Ukalska Tadeusz Śmiałowski Krzysztof Ukalski	Porównanie parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności na podstawie wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym Comparison of parametric and non-parametric stability measures on the basis of data from preliminary trials with winter rye	263
Kinga Matysiak Tomasz Sekutowski Sylvia Kaczmarek	Aktywność etefonu, trinexapaku etylu i chlorku chloromekwatu w zależności od sposobu ich aplikacji w odmianach żyta ozimego Activity of etephon, trinexapac ethyl and chlorocholine chloride depending on application method in cultivars of winter rye	273
Hubert Waligóra Anna Weber Witold Skrzypczak Robert Idziak	Wartość gospodarcza nowych mieszańców kukurydzy cukrowej (<i>Zea mays</i> ssp. <i>Saccharata</i> Koern.) Economic value of new hybrids of the sweet maize (<i>Zea mays</i> ssp. <i>Saccharata</i> Koern.)	285
Hubert Waligóra Anna Weber Witold Skrzypczak Robert Idziak	Reakcja nowych odmian kukurydzy cukrowej na stosowanie mieszaniny substancji czynnych mezotrion + S-metolachlor zawartych w herbicydzie Camix Reaction of new varieties of sugar maize on the activity of the mixture mesotrione + S-metolachlor	293
Zygmunt Kaczmarek Elżbieta Adamska Laurencja Szała Teresa Cegielska-Taras	Stabilność zdolności kombinacyjnej nienasyconych kwasów tłuszczowych u linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego Stability of combining ability for unsaturated fatty acids content in DH lines of winter oilseed rape	301
Mirosława Chrzanowska Krystyna Michalak Helena Zagórska Katarzyna Szajko	Reakcja na wirusy odmian ziemniaka znajdujących się w Krajowym Rejestrze w 2010 roku The reaction to virus infection of potato cultivars from the Polish National List in 2010	309
Marcin Praczyk Jan Bocianowski Grażyna Silska	Analiza genetyczna mieszańców pokolenia F ₁ lnu włóknistego pod względem zawartości włókna Genetic analysis of fiber content in fibrous flax F ₁ hybrids	325
Grażyna Mańkowska Iwona Rutkowska-Krause Aleksandra Luwańska Karolina Wielgus	Wykorzystanie kultury pylnikowej w celu polepszenia odporności na fuzariozę lnu włóknistego (<i>Linum usitatissimum</i> L.) Use of anther culture to improve flax (<i>Linum usitatissimum</i> L.) resistance to <i>Fusarium</i> wilt	333
Lech Boros Anna Wawer	Zróżnicowanie odmianowe parametrów fizyko-chemicznych i czasu gotowania nasion grochu siewnego (<i>Pisum sativum</i> L.) Cultivar variation for field pea (<i>Pisum sativum</i> L.) seeds physico-chemical parameters and cooking time	341
Katarzyna Pankiewicz Wojciech Rybiński Zygmunt Kaczmarek	Ocena zmienności fenotypowej i molekularnej okrągłonasiennej formy lędźwianu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) Estimation of variability on phenotypic and molecular level of spherical-seeded form of grasspea (<i>Lathyrus sativus</i> L.)	351
Aleksandra Luwańska Karolina Wielgus Marlena Szalata Milena Szalata Ryszard Słomski	Wpływ wybranych cytokinin na mikropropagację <i>Salvia officinalis</i> The influence of selected cytokinins on micropropagation of <i>Salvia officinalis</i>	367

Danuta Martyniak Ewa Fabisiak Waldemar Zielewicz Józef Martyniak	Biologiczno-chemiczne właściwości perzu wydłużonego (<i>Agropyron elongatum</i> (Host, Beauv.) w aspekcie możliwości jego wykorzystania w fitoenergetyce The biological-chemical properties of tall wheat grass (<i>Agropyron elongatum</i> (Host., Beauv.) in terms of potential use as biomass for energy production	375
Aleksandra Luwańska Karolina Jarzyniak Joanna Makowiecka Karolina Wielgus	Namnażanie cennego genotypu <i>Aesculus hippocastanum</i> L. metodą mikropropagacji Propagation of valuable genotype of <i>Aesculus hippocastanum</i> L. by micropropagation	385