

JANINA PRZYBYLSKA
Zakład Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

PROBLEMY HODOWLI WYSOKOLIZYNOWYCH JĘCZMIENI W ŚWIETLE BADAŃ GENETYCZNYCH, BIOCHEMICZNYCH I ŻYWIENIOWYCH

Wstęp

W wielu wysoko rozwiniętych krajach Europy powierzchnia uprawy jęczmienia kilkakrotnie wzrosła w okresie po drugiej wojnie światowej i zajmuje obecnie czołową pozycję w ogólnym areale gruntów ornych (6, 7, 60). W ostatnich latach również w Polsce zaznaczyła się tendencja poszerzania uprawy jęczmienia. Jej wyrazem było powołanie w 1969 roku resortowego Zespołu Problemowego do Wyhodowania Nowych Odmian Jęczmienia (6).

Jęczmień jary — jak podkreślają Dwernicki (6) i Słaboński (60) — w warunkach Polski, podobnie jak w innych krajach europejskich, plonuje najwyżej i najwierniej spośród wszystkich zbóż. Dużą zaletą jęczmienia jest szeroka skala przystosowawcza do warunków klimatycznych i glebowych oraz zdolność wykorzystywania intensywnych warunków produkcji. Istotne znaczenie ma również fakt, że hodowla jęczmienia jest łatwiejsza niż innych zbóż i umożliwia uzyskanie pożądaných wyników w stosunkowo krótkim czasie (60, 61).

W aktualnym programie prac hodowlanych nad jęczmieniem szczególny nacisk kładzie się na otrzymanie odmian typowo pastewnych (6, 7, 23, 60—62). Odmiany te, z uwagi na swoje przeznaczenie, winny być pełne i produkować ziarno o dużej zawartości wysokowartościowego białka.

Jak wiadomo, wartość pokarmową białka jęczmienia, podobnie jak i innych zbóż, obniża deficyt niektórych egzogennych aminokwasów, a szczególnie lizyny. Hodowla jęczmienia pastewnego stawia więc sobie za cel podwyższenie udziału tego aminokwasu w białku ziarniaków.

Perspektywy uzyskania na drodze hodowli wysokolizynowych jęczmieni uzależnione są głównie od dwóch czynników. Po pierwsze, konieczne jest dysponowanie materiałem reprezentującym znaczną zmienność naturalną względnie indukowaną. Po drugie, niezbędna jest szybka metoda testowania na zawartość lizyny. Wyselekcjonowanie wysokolizynowych form to jednak dopiero pierwszy etap. W następnej kolejności konieczne

jest wszechstronne poznanie ich własności. Należy też odpowiedzieć na pytanie, czy wzrost udziału lizyny w białku znajduje odzwierciedlenie w efektach żywieniowych.

Przedmiotem niniejszego artykułu jest przedstawienie światowych osiągnięć w dziedzinie hodowli wysokolizynowych jęczmieni. Omawiając prace związane z selekcją, dużo uwagi poświęca się metodom testowania na zawartość lizyny. Szeroko uwzględnione są również badania zmierzające do poznania biochemicznych i genetycznych uwarunkowań zmienionego składu aminokwasowego białka wysokolizynowych form. Dyskutuje się ponadto zależności między składem aminokwasowym białka jęczmienia, a jego jakością ocenianą metodami biologicznymi.

W dążeniu do uzyskania wysokolizynowych jęczmieni nie można zapominać, że dla rolnictwa szczególne znaczenie ma plon białka z jednostki powierzchni. Omawiając zatem genetyczne uwarunkowania poziomu i jakości białka, szczególny nacisk kładzie się na związek tych cech z plonem.

W końcowej części artykułu próbuje się podsumować wyniki przedstawionych prac oraz wyciągnąć z nich wnioski.

Genetyczne uwarunkowania poziomu azotu w ziarniakach jęczmienia a możliwości zwiększenia plonu białka

Jak wynika z prac Barbackiego (1, 2), zawartość białka w ziarniakach jęczmienia jest cechą dziedziczną, jakkolwiek silnie modyfikowaną przez czynniki środowiska. Do takiego wniosku doprowadziły Barbackiego badania obejmujące krzyżówki między wielorzędowymi jęczmieniami pochodzącymi z gór Himalajskich, o ziarnie nagim i bogatym w białko (około 18%) i dwurzędowymi europejskimi formami oplewionymi o niskiej zawartości białka (około 12%). W wyniku analizy form rodzicielskich i mieszańcowych Barbacki stwierdził, że zdolność do gromadzenia białka w ziarniakach jęczmienia uwarunkowana jest kilkoma czynnikami genetycznymi, których liczbę ocenił na mniej więcej sześć. Czynniki te, działając kumulatywnie, powodują wystąpienie wśród mieszańców licznych form o zbliżonej do rodziców, pośredniej lub transgresywnej zawartości azotu.

Dalsze obserwacje Barbackiego wskazywały, że zawartość azotu w ziarnie nie mendluje całkowicie niezależnie, ale w pewnym stopniu związana jest z niektórymi cechami jęczmienia. I tak mieszańce dwurzędowe wykazywały wyższą przeciętnie zawartość azotu w porównaniu z mieszańcami wielorzędowymi. Podobną przewagę wykazywały mieszańce o ziarnie nagim w stosunku do mieszańców z ziarnem oplewionym. Wyższa na ogół zawartość azotu towarzyszyła również ciemniejszej barwie ziarna.

Szczególnie silnie podkreśla Barbacki ujemną zależność między zawar-

tością azotu w ziarnie a plonem ziarna. Interpretując zróżnicowanie form 2-rzędowych i 6-rzędowych pod względem poziomu białka w ziarnie, wysuwa przypuszczenie, że wyższa zawartość białka w ziarnie 2-rzędowych jęczmieni pozostaje w związku z niższym plonowaniem tych form.

Obserwacje Barbackiego znajdują potwierdzenie w spostrzeżeniach innych autorów. Hoffmann (17), omawiając problemy hodowli jęczmienia pastewnego stwierdza, że z reguły podwyższona zawartość białka w ziarniakach idzie w parze z obniżeniem plonu ziarna. Viuf (72) — w wyniku przeprowadzonych ostatnio rozległych badań nad naturalną, genetycznie uwarunkowaną, zmiennością w poziomie białka w ziarnie jęczmienia — dochodzi do podobnych wniosków. Jak wynika z jego danych, możliwe jest wyselekcjonowanie odmian o ziarnie bardzo bogatym w białko, jednakże na drodze prostej selekcji nie udaje się otrzymać form przewyższających odmiany kontrolne plonem białka z jednostki powierzchni. Do wyjątków należą doniesienia, w których nie stwierdza się zależności między plonem ziarna a zawartością w nim białka (56). Fischbeck (13) wyraża pogląd, że ujemne skorelowanie tych cech zaznacza się mniej wyraźnie przy dobrym zaopatrzeniu gleby w azot.

Występowanie ujemnej zależności między zawartością białka ($N \times 6,25$) w ziarniakach a plonem ziarna wskazuje, że wysoka względna zawartość białka może wynikać z upośledzonej syntezy węglowodanów. Potwierdzają to badania indukowanych mutantów jęczmienia przeprowadzone przez Dolla (3). Zmutowane linie dały przeważnie niższy plon ziarna z jednostki powierzchni niż linie kontrolne, ale plon białka obniżony był na ogół w mniejszym stopniu niż plon pozostałych składników suchej masy. W efekcie większość mutantów wykazała wyższą procentową zawartość azotu ogólnego w ziarnie.

Dane powyższe obrazują niebezpieczeństwo kierowania się w pracach selekcyjnych jedynie procentową zawartością białka i uzasadniają celowość określania również takich parametrów jak ciężar ziarniaków oraz zawartość białka w przeliczeniu na ziarniak. Favret i wsp. (11) silnie podkreślają znaczny wpływ środowiska na procentową zawartość białka w ziarnie i zdecydowanie zalecają hodowcom prowadzenie selekcji na podstawie absolutnych wartości. W ostatecznej ocenie materiałów hodowlanych konieczne jest określenie plonu białka z jednostki powierzchni.

Należy zaznaczyć, że hodowla jęczmienia pastewnego musi odrobić w pewnym sensie skutki prac hodowlanych nad jęczmieniem browarnym, które doprowadziły do bardzo poważnego obniżenia poziomu białka w ziarnie wartościowych odmian uprawnych. Jak podaje Hoffmann (17), w wyniku selekcji jęczmieni browarnych poziom białka w ziarnie obniżył się — na przestrzeni 40-letniego okresu — z 14 do 10%.

Cennym materiałem wyjściowym w hodowli krzyżówkowej są słabo

plonujące, ale wysokobiałkowe prymitywne formy z okręgów azjatyckich — szczególnie z gór Himalajskich, z Japonii i z Indii — a także z Etiopii (17). W następstwie krzyżowania ich z plennymi odmianami uprawnymi uzyskuje się formy wykazujące szeroką skalę zmienności w stosunku do plonu i zawartości białka w ziarnie. Pomimo zasadniczo ujemnego skorelowania tych cech, nie jest wykluczone wystąpienie korzystnej ich kombinacji, ponieważ obie cechy dziedziczą się poligenicznie. Możliwość taką potwierdziły już wyniki prac genetycznych i hodowlanych (1, 2, 54).

W uzyskiwaniu odmian jęczmienia pastewnego poważną rolę przypisuje się hodowli mutacyjnej. Już wyniki badań Scholtza (57) wykazały duże możliwości tej drogi w hodowli plennych jęczmieni o wysokim poziomie wartościowego białka. Ostatnio grupa badaczy argentyńskich (11, 12, 32) stwierdziła, że na drodze indukowania mutacji może być przywrócona dodatnia korelacja między ciężarem ziarniaka a bezwzględną zawartością białka, która została zatraczona w rezultacie selekcji nastawionej na wymagania przemysłu browarniczego.

Hodowla jęczmienia pastewnego wiąże również nadzieje z wykorzystaniem form tetraploidalnych. Jak wykazali Gaul i wsp. (14), jęczmienie tetraploidalne zawierają, w porównaniu z odpowiednimi formami diploidalnymi, około 30% więcej białka w ziarnie. Jakkolwiek zdolność plonowania tetraploidalnych jęczmieni jest w stosunku do form diploidalnych znacznie niższa, wymienieni wyżej autorzy uzyskali na drodze hodowli znaczny wzrost plonów tetraploidów i jak dotąd nie stwierdzili ujemnej zależności między plonowaniem a poziomem białka w ziarnie. W podsumowaniu swych badań wyrażają pogląd, że hodowla jęczmieni tetraploidalnych, szczególnie nagich, stwarza możliwości podwyższenia plonu białka z jednostki powierzchni.

W dążeniu do zwiększenia plonu białka jęczmienia istotne znaczenie ma uwzględnienie genetycznie uwarunkowanych różnic w reakcji roślin na nawożenie, zwłaszcza azotowe. Jak wynika z danych różnych autorów (1, 2, 36, 72, 74, 75), fizjologiczna reakcja jęczmienia na nawożenie azotowe, wyrażająca się wyższym plonem ziarna i zwiększonym gromadzeniem białka w ziarniakach — w znacznym stopniu uzależniona jest od genotypu. Możliwe jest więc wyselekcjonowanie form szczególnie dobrze wykorzystujących zwiększone dawki azotu.

Ramy niniejszego artykułu nie pozwalają na szersze przedyskutowanie czynników określających kształtowanie się plonu białka jęczmienia. Stwierdzono zatem nakreślić jedynie najistotniejsze zależności i wspomnieć o zasadniczych drogach, na jakich osiągnąć można wzrost produkcji białka.

W zakończeniu tego krótkiego opracowania, stanowiącego tło dla dalszych rozważań, należy podkreślić pionierski i wyprzedzający charakter badań Barbackiego nad dziedziczeniem i zmiennością zawartości azotu

w ziarnie jęczmienia. Prace Barbackiego, prowadzone w latach trzydziestych i czterdziestych, do dziś nie straciły swej aktualności, są szeroko cytowane w piśmiennictwie zagranicznym i stanowią źródło cennych informacji o znaczeniu zarówno teoretycznym jak i praktycznym.

*Zależność między ogólną zawartością białka w ziarnie
jęczmienia a jego składem aminokwasowym*

Skład aminokwasowy białka jęczmienia jest do pewnego stopnia wypadkową udziału głównych frakcji białkowych w ogólnym białku ziarniaków. Podstawowe frakcje wyodrębnione przez Osborne'a (47) w oparciu o kryteria rozpuszczalności są to: albuminy, globuliny, prolaminy (hordeina) i gluteliny. Poniższe zestawienie podaje ich przybliżony udział w ogólnym azocie ziarniaków, wg Osborne'a:

Frakcja	Środek rozpuszczający	Udział w N-ogólnym
Albuminy	woda	15 ⁰ / ₀
Globuliny	rozc. roztwór soli	10 ⁰ / ₀
Prolaminy (hordeina)	70 ⁰ / ₀ alkohol	35 ⁰ / ₀
Gluteliny	0,5 m roztwór ługu (NaOH)	30 ⁰ / ₀
N-niebiałkowy		10 ⁰ / ₀

Z punktu widzenia wartości pokarmowej najkorzystniejszy skład aminokwasowy wykazują albuminy i globuliny, charakteryzowane często łącznie jako „białka rozpuszczalne w roztworze soli”. Odznaczają się one nie tylko wysoką zawartością lizyny, ale zawierają również wszystkie inne aminokwasy w dobrze zrównoważonych ilościach. Najniższą wartość pokarmową reprezentuje hordeina zawierająca bardzo dużo proliny i kwasu glutaminowego a uboga w lizynę, metioninę, treoninę, histydynę, walinę i argininę. Gluteliny, w stosunku do wyżej wymienionych frakcji, wykazują pośrednią zawartość egzogennych aminokwasów (36, 55, 58). Według danych Ingversena i Köie (20), otrzymanych dla odmiany Emir, udział lizyny w ogólnym białku i jego poszczególnych frakcjach kształtuje się następująco: białko ogólne — 3,03⁰/₀; białka rozpuszczalne w roztworze soli (albuminy + globuliny) — 4,82⁰/₀; hordeina — 0,67⁰/₀; gluteliny — 3,01⁰/₀; białka nierozpuszczalne — 4,84⁰/₀. Przytoczone liczby ilustrują szczególnie niski poziom lizyny we frakcji prolamin.

Ogólnie stwierdza się wyraźną tendencję, że wyższej zawartości białka ($N \times 6,25$) w ziarniakach jęczmienia towarzyszy stosunkowo niski względny poziom szeregu egzogennych aminokwasów, a przede wszystkim lizyny. Wysoki poziom białka wynika głównie ze znacznej zawartości kwasu glu-

taminowego i proliny. Tendencja ujemnej zależności między poziomem białka ogólnego a jego jakością, określaną na podstawie składu aminokwasowego, stwierdzana była przez licznych autorów (8, 15, 24, 29, 48—50, 52, 55, 65, 72). Zależność tę obserwowano zarówno wówczas, gdy zróżnicowanie zawartości białka uwarunkowane było genetycznie, jak i wtedy, gdy wywołane było czynnikami środowiska. Pomeranz i wsp. (48) — interpretując swoje wyniki dotyczące dziedziczności zawartości białka oraz składu aminokwasowego 2- i 6-rzędowych jęczmieni uprawianych w USA — dochodzą do wniosku, że wyższy poziom aminokwasów egzogennych w białku form 6-rzędowych nie jest związany z typem jęczmienia, ale wynika z niższej zawartości białka ogólnego.

Nakreślona wyżej zależność, w powiązaniu z danymi dotyczącymi składu aminokwasowego poszczególnych frakcji białkowych, wskazuje, że z reguły wysoki poziom białka w ziarniakach idzie w parze z dużym udziałem hordeiny w białku. Potwierdzają to wyniki badań nad zmianami w składzie frakcji białkowych pod wpływem nawożenia azotowego (33, 36, 53, 55, 75). Jak wykazano, wzrost poziomu białka ogólnego, uzyskany w wyniku nawożenia azotowego, jest rezultatem przede wszystkim wzmożonej syntezy hordeiny.

Badania Postela (50) — obejmujące analizę składu białka w różnych strefach ziarniaka jęczmienia — dostarczyły uzupełniające informacje o zależności między poziomem białka ogólnego a jego składem aminokwasowym. Postel wyodrębnił warstwę zewnętrzną, zawierającą komórki aleuronowe, zarodek i tarczkę (*scutellum*), oraz strefę wewnętrzną, to jest centralną część bielma („Mehlkörper”); białka strefy wewnętrznej określał jako „białka bielma” („Endospermeiweisses”). W porównaniu do białek warstwy zewnętrznej, „białka bielma“ uboższe były w lizynę, argininę, treoninę i histydynę. Dane te zgodne są z przedstawioną wyżej charakterystyką składu aminokwasowego poszczególnych frakcji białkowych oraz ich lokalizacją w ziarniakach. Białka obecne w zewnętrznej warstwie ziarniaków to przede wszystkim albuminy i globuliny, częściowo białka enzymatyczne, o dobrze zrównoważonym składzie aminokwasów. W białku centralnej części bielma dominuje hordeina wykazująca niedobór lizyny i kilku innych egzogennych aminokwasów. Jak stwierdził Postel, przy wzrastającym — pod wpływem czynników ekologicznych — poziomie białka w ziarniakach obserwuje się głównie silny wzrost zawartości zapasowych „białek bielma”, zwłaszcza hordeiny.

Selekcja wysokolizynowych form jęczmienia

Jak wspomniano już na wstępie, pomyślnie rezultaty hodowli, w zakresie otrzymywania wysokolizynowych form jęczmienia, zależą w dużym

stopniu od dwóch zasadniczych czynników. Jednym z nich jest dostateczna zmienność genetyczna wyjściowych materiałów hodowlanych w odniesieniu do składu białka ziarniaków. Drugim — odpowiednia metoda testowania na zawartość lizyny.

Badania nad składem frakcji białkowych w różnych genotypach jęczmienia wskazują, że istnieje dość znaczne zróżnicowanie odnośnie udziału czterech zasadniczych frakcji w białku ogólnym ziarniaków, a także wyraźna zmienność w składzie podfrakcji (14, 27, 28, 51, 53, 63, 75). Wynika stąd występowanie zmienności w odniesieniu do składu aminokwasowego białka ogólnego. Eksploatacja zmienności naturalnej, reprezentowanej przez kolekcje form prymitywnych, ekotypów, odmian lokalnych itp., daje hodowli szanse wyselekcjonowania form o wyższej zawartości lizyny. Ponadto duże możliwości widzi się w tworzeniu, a następnie wykorzystywaniu zmienności sztucznej, indukowanej za pomocą środków mutagennych.

W hodowli wysokolizynowych jęczmieni istotną trudność stwarza metoda testowania. Jak dotąd nie jest znana specyficzna metoda oznaczania lizyny nadająca się do oznaczeń seryjnych. W większości stosowanych metod punktem wyjściowym jest hydroliza białka przy użyciu kwasu solnego. Proces hydrolizy oraz usuwanie kwasu z hydrolizatu przedłuża i komplikuje tok postępowania, niezależnie od rodzaju przyjętej techniki analitycznej. A zatem metody chromatograficzne, elektroforetyczne, mikrobiologiczne oraz metoda enzymatycznej dekarboksylacji nie spełniają warunków stawianych technice seryjnych oznaczeń zawartości lizyny. Z konieczności więc poszukuje się metod mniej specyficznych, nawet mniej dokładnych, ale szybkich, prostych i tanich (59, 66, 70).

Obecnie w testowaniu materiałów hodowlanych jęczmienia na wysoką zawartość lizyny bardzo dużą rolę odgrywa metoda DBC (dye binding capacity — zdolność wiązania barwnika). Metoda ta została już omówiona w interesującym artykule Maćkowiaka (30). Niemniej, w kontekście przedstawianych badań, należy również poświęcić nieco uwagi jej zasadzie i zastosowaniom.

Udy (67—69) opracował metodę DBC jako seryjną metodę oznaczania surowego białka. Zasada jej polega na zdolności wiązania barwnika azo-sulfonowego przez zasadowe grupy białek: imidazolową, guanidynową i aminową. Grupy te mogą pochodzić z zasadowych aminokwasów — histydyny, argininy i lizyny — oraz z końcowych grup aminowych łańcuchów białkowych. Technika oznaczeń jest szybka, gdyż sprowadza się do pomiaru stopnia odbarwienia roztworu barwnika przez mączkę ziarna. Możliwość zautomatyzowania oznaczeń — wykorzystana między innymi w konstrukcji Prometera — zapewnia tej metodzie znaczną przydatność w seryjnej analizie.

— Stwierdzenie, że metoda DBC może być z powodzeniem wykorzystana

do orientacyjnego określenia poziomu lizyny w białku jest rezultatem współpracy szwedzkich naukowców — Muncka i Mossberga. W 1962 roku Munck zaobserwował, że uszkodzone termicznie ziarno jęczmienia daje wyraźnie gorsze efekty w doświadczeniach żywieniowych z myszami i że dodanie lizyny do diety niweluje tę różnicę. W warunkach laboratoryjnych odtworzono uszkodzenie ziarna, a następnie Mossberg analizował je stosując technikę DBC. Jak stwierdził, uszkodzone ziarno miało wyraźnie niższą zdolność wiązania barwnika. Wartości uzyskane metodą DBC były zdecydowanie niższe niż wyniki otrzymane metodą Kjeldahla (KP — Kjeldahl protein), odpowiadały natomiast wynikom doświadczeń żywieniowych. Ilościowe oznaczenia lizyny w uszkodzonym ziarnie wykazywały obniżenie zawartości tego aminokwasu. Zestawienie przedstawionych obserwacji nasunęło Mossbergowi myśl wykorzystania stosunku DBC:KP do oznaczania poziomu lizyny. Droga do tego istotnie ważnego dla hodowli „odkrycia” opisana została przez Muncka (40).

W celu zbadania zależności między zdolnością wiązania barwnika (DBC) a zawartością zasadowych aminokwasów, Mossberg (35) analizował ziarno jęczmienia, pszenicy, owsa, żyta, pszenżyta i kukurydzy. W wyniku tych prac stwierdził, że wartości DBC są silniej skorelowane z poziomem zasadowych aminokwasów niż z zawartością białka ogólnego ($N \times 6,25$). Wykazał również, że istnieje silna dodatnia korelacja między oznaczeniami DBC a zawartością lizyny.

Hodowcy stosujący metodę DBC do oznaczania poziomu białka nie uświadamiają sobie niekiedy faktu, że porównywalne wyniki uzyskuje się jedynie wówczas, gdy w analizowanych materiałach występuje silna korelacja między poziomem azotu a zawartością zasadowych aminokwasów w białku ogólnym. Przy spełnieniu tego warunku obserwuje się również zgodność między wynikami uzyskanymi za pomocą metody Kjeldahla i DBC. Jeżeli w białku ogólnym zwiększona jest zawartość frakcji ubogich w zasadowe aminokwasy, metoda DBC daje wyniki „zaniżone” w stosunku do metody Kjeldahla. Odwrotna sytuacja ma miejsce przy zmniejszeniu udziału tych frakcji. Jak wykazał Mossberg (34), stosunek frakcji białkowych o różnej zdolności wiązania barwnika zmienia się w trakcie dojrzewania ziarna, co pociąga za sobą zmiany stosunku DBC:KP.

Powyższe zależności między wynikami metod DBC i Kjeldahla zostały szeroko wykorzystane w pracach hodowlanych zmierzających do wyselekcjonowania wysokolizynowych jęczmieni.

Hagberg i Karlsson (15) przebadali tysiąc odmian Światowej Kolekcji Jęczmienia stosując równocześnie metodę DBC i metodę Kjeldahla. U badanych odmian stwierdzono znaczną zmienność tak w odniesieniu do poziomu białka Kjeldahla jak i zdolności wiązania barwnika przez białko. Wartości otrzymane dla białka metodą Kjeldahla wahały się w granicach

od 8,77 do 16,88%. Wyniki uzyskane metodą DBC kształtowały się w zakresie od 0,702 do 1,129 mmol związanego barwnika w przeliczeniu na gram białka. Korelacja między zawartością białka ogólnego a jego zdolnością wiązania barwnika była ujemna. Istotne jest jednak, że wśród analizowanego materiału wykryto kilka łamaczy korelacji, które wykazały dodatnie odchylenie od ogólnej zależności. Formy o wysokim poziomie białka ogólnego i wysokiej wartości DBC poddano analizie na zawartość lizyny. Przeprowadzone oznaczenia potwierdziły silną korelację między DBC i zawartością lizyny w białku. Wykryte łamacze korelacji okazały się istotnie formami wysokolizynowymi, które definiuje się jako formy wykazujące dodatnie odchylenie od ogólnie obserwowanej ujemnej zależności między poziomem białka i udziałem lizyny w białku, lub jako formy wykazujące wyższy poziom lizyny w białku w porównaniu z odmianami o tej samej zawartości białka. Szczególnie interesująca okazała się linia CI 3947, znana obecnie jako odmiana Hiproly*).

Odmiana Hiproly jest nagim, 2-rzędowym jęczmieniem o krótkiej słomie i pomarszczonych ziarniakach. Forma ta, pochodząca z Etiopii, zawiera około 17% białka i ponad 4% lizyny w białku. Poziomem białka przewyższa odmiany handlowe o mniej więcej 50%, a w stosunku do form o tej samej zawartości białka zawiera około 30% więcej lizyny. W warunkach Szwecji daje jednak bardzo niski plon, rzędu 30% plonu wartościowych odmian. Interesujące jest, że z tej samej próby wyjściowej, z której wyselekcjonowana została Hiproly, wyizolowano jej linię siostrzaną, oznaczoną numerem CI 4362. Linia ta wykazuje podobny poziom białka w ziarnie, ale wyraźnie niższy udział lizyny w białku (3,2%). W przeciwieństwie do Hiproly, linia CI 4362 nie wykazuje cechy pomarszczenia nasion. Odnośnie innych cech morfologicznych podobieństwo obu linii, uważanych za niemal izogeniczne, jest bardzo duże (16, 40, 42). Porównanie obu linii sugerowało, że cecha wysokiej zawartości lizyny dziedziczy się w prosty sposób (16).

W Danii zmienność odmianową u jęczmienia, w odniesieniu do poziomu i jakości białka, analizował Viuf (71, 72). W testowaniu ziarna zastosował — oprócz metody Kjeldahla i DBC — analizę na zawartość azotu amidowego. Wychodził z założenia, że wyższej jakości białka powinna towarzyszyć obniżona zawartość azotu amidowego, będącego wskaźnikiem glutaminy i asparaginy — związków charakterystycznych dla białek zapasowych. Wyniki ilościowych oznaczeń lizyny, przeprowadzonych dla form wykazujących wysoką wartość DBC i niską wartość azotu amidowego, potwierdziły następnie słuszność przyjętych założeń.

*) Nazwa „Hiproly” oznacza wysoką (**high**) zawartość białka (**protein**) i równocześnie wysoką zawartość lizyny (**lysine**).

Ciekawą formą wyselekcjonowaną przez Viufa (72) jest 6-rzędowa odmiana pochodzenia amerykańskiego określana jako KVL-468 (CI 7115). Forma ta, oplewiona i o sztywnej słomie, wykazuje podobną zawartość białka ogólnego (około 18%) jak odmiana Hiproly i tylko nieco niższą zawartość lizyny w białku (około 4%). W stosunku do odmian kontrolnych — Emir, Seta i Vada — plonuje jednak wyraźnie gorzej; jej plon z jednostki powierzchni wynosi zaledwie 60% plonu tych odmian.

Metodę DBC w połączeniu z metodą Kjeldahla zastosowano z powodzeniem do testowania indukowanych mutantów jęczmienia w duńskim ośrodku naukowym Risö (Danish Atomic Energy Commission, Risö). W wyniku testowania 92 losowo wybranych linii mutacyjnych, uzyskanych na drodze traktowania odmiany Carlsberg II estrem etylowym kwasu metanosulfonowego (EMS), wykryto dwa wysokolizynowe mutanty, oznaczone numerami 29 i 86 (3). Również z odmiany Carlsberg II, poddanej działaniu promieni gamma, otrzymano wysokolizynowego mutanta 56 (5). Traktowanie odmiany Bomi etylenoiminą doprowadziło do otrzymania mutanta 1508 (4, 5, 22), a w rezultacie działania promieniami gamma otrzymano z tej samej odmiany mutanty 440 i 527 (5). Należy zaznaczyć, że sześć wymienionych wyżej wysokolizynowych mutantów wykryto w wyniku przetestowania 6 000 zmutowanych linii (18). Jak podkreślają Doll i wsp. (5), metoda testowania oparta na równoczesnym oznaczaniu białka Kjeldahla i DBC umożliwia analizę szerokiego materiału roślinnego i jest dostatecznie dokładna, aby wykryć pożądane zmiany w składzie białka. Istotne jest przy tym, że stosunek DBC:KP w niewielkim tylko stopniu modyfikowany jest przez czynniki środowiska.

Omawiając selekcję wysokolizynowych form jęczmienia spośród indukowanych mutantów, należy również wspomnieć o pracach prowadzonych w Szwecji. W wyniku testowania metodą Kjeldahla i DBC około 1000 roślin z linii M₃, otrzymanych w rezultacie traktowania odmiany Kristina różnymi chemicznymi mutagenami, wyselekcjonowano 6 mutantów o wyższej zawartości lizyny w białku. Wzrost zawartości lizyny, w stosunku do „normalnych” linii o podobnym poziomie białka, wynosił 10—25%. Ziarniaki wysokolizynowych mutantów nie były pomarszczone, ale były mniejsze niż ziarniaki odmiany wyjściowej (26).

Spośród uzyskanych dotąd wysokolizynowych mutantów jęczmienia szczególnie obiecujący okazał się wspomniany wyżej mutant 1508. W porównaniu do wysokoplonej odmiany wyjściowej Bomi daje plon zaledwie o 10% niższy, a przy tym samym poziomie białka w ziarnie (ok. 11%) wykazuje znacznie wyższy o 45%, poziom lizyny w białku. Udział lizyny w białku mutanta 1508 wynosi ponad 5%.

*Badania podstawowe wysokolizynowch jęczmieni:
analiza składu białka i badania ultrastruktury bielma*

Wysokolizynowe jęczmienie, w stosunku do form normalnych, wykazują nie tylko wyższy udział lizyny w białku, ale również zmiany względnej zawartości szeregu innych aminokwasów. Badania podstawowe mają na celu poznanie podłoża tych zmian, co jest niezbędne w pracach zmierzających do poprawienia jakości białka.

Zmiany w składzie aminokwasowym białka zbóż mogą mieć różne przyczyny, co szczegółowo omawia Nelson (44—46) w swych ciekawych artykułach przeglądowych. Podstawą ich może być zmiana wzajemnego stosunku różnych tkanek; na przykład, podwyższenie udziału zarodka w ziarniaku, albo warstw aleuronowych w bielmie, prowadzi do lepiej zbalansowanego składu aminokwasowego białka ogólnego. Alternatywna droga do zasadniczej zmiany w zawartości niektórych aminokwasów w białku to, zdaniem Nelsona, zmiana udziału metabolicznie biernych białek zapasowych o odmiennym składzie aminokwasowym.

W świetle dotychczasowych badań, zmiany w składzie aminokwasowym wysokolizynowch jęczmieni wiążą się ze zmianą wzajemnego stosunku głównych frakcji białkowych, względnie podfrakcji, w obrębie bielma. Towarzyszą im zmiany w ultrastrukturze komórek. Poniżej przedstawia się wyniki badań nad składem białka oraz ultrastrukturą bielma dwóch wysokolizynowch jęczmieni, Hiproly i mutanta 1508, dla których uzyskano już stosunkowo dużo danych. Jęczmienie te charakteryzuje się na drodze porównania z odpowiadającymi im formami o normalnej zawartości lizyny w białku. Dla Hiproly odpowiednikiem takim jest linia siostrzana CI 4362, a dla mutanta 1508 — odmiana wyjściowa Bomi.

Białko odmiany Hiproly, w stosunku do białka linii CI 4362, charakteryzuje się wyższą zawartością następujących aminokwasów: lizyny (35%), histydyny (8%), argininy (13%), kwasu asparaginowego (30%), treoniny (11%), glicyny (10%), alaniny (19%), waliny (13%), metioniny (14%) i izoleucyny (8%). Nadwyżki te kompensowane są niższym względnym poziomem kwasu glutaminowego (14%), proliny (16%), cysteiny (14%) i NH_3 (13%) (40). Przedstawiając powyższe dane warto podkreślić, że korzystna zmiana w białku Hiproly wyraża się nie tylko wyższym poziomem lizyny, ale także większą zawartością innych egzogennych aminokwasów, z których najważniejsze to metionina i treonina, występujące w znacznym niedoborze w białku jęczmienia (31). Spośród egzogennych aminokwasów jedynie cysteina wykazuje wyraźnie niższy udział w białku Hiproly.

Jak wykazały badania Muncka (38, 40), przedstawione wyżej zmiany w składzie aminokwasowym białka Hiproly wynikają z zasadniczych zmian w białkach bielma, a zwłaszcza jego wewnętrznej części. Szczególnie

charakterystyczną cechą Hiproly jest bardzo silny wzrost względnego udziału frakcji białek rozpuszczalnych w wodzie. W świetle szczegółowej analizy składu białek, występujących w solnych ekstraktach (albuminy + globuliny) ziarniaków różnych form jęczmienia (19—21), wydaje się bardzo prawdopodobne, że wysoka zawartość lizyny u Hiproly jest także konsekwencją zmienionego stosunku podfrakcji w tej grupie białek.

Porównując mutant 1508 z odmianą wyjściową Bomi obserwuje się również drastyczne zmiany względnego udziału poszczególnych aminokwasów w białku ogólnym. Oprócz znacznego wzrostu zawartości lizyny (45%) szczególnie istotne jest poważne podwyższenie poziomu treoniny (36%). Ponadto obserwuje się zdecydowany wzrost zawartości histydyny, argininy, kwasu asparaginowego, glicyny i alaniny. Równocześnie zaznacza się wyraźny spadek udziału kwasu glutaminowego i proliny oraz niewielkie obniżenie względnego poziomu cysteiny i fenyloalaniny (4, 22).

Powyższe zmiany w poziomie poszczególnych aminokwasów w białku mutant 1508 wynikają z istotnych zmian we wzajemnym stosunku głównych frakcji białkowych oraz ich podfrakcji (4, 22). Na specjalne podkreślenie zasługuje spadek względnej zawartości prolamin z 29 do 9% oraz wzrost udziału białek rozpuszczalnych w roztworze soli z 27 do 46%. Zasadnicze zmiany obserwowano również w składzie aminokwasowym prolamin i glutelin; u mutant 1508 zawierały one więcej lizyny, histydyny, argininy, kwasu asparaginowego, treoniny i glicyny. Należy przypuszczać, że różnice te wynikają z odmiennego stosunku podfrakcji.

Jakkolwiek u obydwu rozpatrywanych wysokolizynowych jęczmieni zmiany składu aminokwasowego białka są zbliżone, wydaje się jednak, że podłoże ich jest odrębne. W przypadku Hiproly głównie białka rozpuszczalne w wodzie zdają się rzutować na ogólny skład aminokwasów. Zmiany obserwowane u mutant 1508 w dużym stopniu związane są z frakcją prolamin.

Dane dotyczące ultrastruktury bielma wysokolizynowych form jęczmienia stanowią cenne uzupełnienie badań biochemicznych. Badania mikroskopowe centralnej części bielma jęczmienia uwidoczniają duże ziarna skrobi otoczone przez matriks białkową, w której osadzone są mniejsze granulki dwojakiego rodzaju: ciała białkowe (protein bodies), czyli organelle zawierające prolaminę oraz drobne ziarenka skrobi. Na uwagę zasługuje fakt, że Hiproly nie różni się od swej linii siostrzanej mikroskopowym obrazem ciałek białkowych. Zdaniem Muncka (40) jest to zgodne z wynikami badań biochemicznych, które wykazały stosunkowo niewielkie obniżenie względnego poziomu frakcji prolamin w bielmie Hiproly. Inaczej przedstawiają się dane dotyczące porównania ultrastruktury bielma wysokolizynowego mutant 1508 i jego odmiany wyjściowej Bomi. Jak sugerują badania Tallberga (64), mutant charakteryzuje się redukcją liczby

i wymiarów ciałek białkowych. Obserwacja ta również jest zbliżona z informacjami o składzie białka, według których udział prolamin w białku mutanta 1508 jest szczególnie niski. Tallberg (64) przypuszcza, że wysokolizynowy mutant jęczmienia 1508 jest analogiczny do wysokolizynowego mutanta kukurydzy opaque-2 (mutant spontaniczny), w którym obniżona zawartość prolamin odpowiada zredukowanemu rozmiarowi ciałek białkowych (73).

Przedstawione wyżej badania dwóch wysokolizynowych form jęczmienia sugerują różne genetyczne uwarunkowania zmienionego składu aminokwasowego Hiproly i mutanta 1508. Do takiego wniosku, wysuwanego przez Tallberga (64), prowadzą zarówno badania biochemiczne dotyczące składu białka, jak również badania ultrastruktury bielma. A zatem eksploatacja omawianych form w pracach hodowlanych wymagać będzie indywidualnego podejścia.

Genetyczna kontrola wysokiej zawartości lizyny w białku ziarniaków jęczmienia

Jak wykazały badania Muncka oraz współpracującego z nim zespołu, jeden recesywny gen odpowiedzialny jest za wzrost zawartości lizyny oraz zmiany poziomu innych aminokwasów w białku odmiany Hiproly. Należy jednak podkreślić, że obok działania tego głównego („major”) genu, obserwuje się również wpływ czynników modyfikujących, silnie zaznaczający się w niektórych kombinacjach krzyżówkowych. Cecha wysokiego udziału lizyny w białku Hiproly określona została nazwą „hily” (high lysine), ponieważ nie musi być związana z wysokim poziomem białka (high protein); jak stwierdzono, sugeruje niezależnie od zawartości białka (16, 38—43).

Munck i wsp. (43) wysuwają przypuszczenie, że gen określający u Hiproly cechę hily wpływa na białka matriks, które w preparatach mąki charakterystycznie przylegają do ziaren skrobi. Adhezja białko—skrobia w komórkach bielma uważana jest za charakterystyczną cechę morfologiczną szczególnie silnie związaną z wysoką zawartością lizyny w białku Hiproly. Związek tych cech wykorzystany został w opracowaniu szybkiej techniki mikroskopowego testowania na zawartość lizyny (43). Duża przydatność techniki mikroskopowej w pracach genetyczno-hodowlanych wynika z faktu, że nie prowadzi ona do zniszczenia analizowanych ziarniaków; testowaniu poddaje się jedynie wycinki bielma. Jak dotąd nie zostało wyjaśnione, czy omawiana cecha struktury bielma oraz zmieniony skład aminokwasowy białka są wynikiem plejotropowego działania genu hily, czy rezultatem silnego sprzężenia tego genu z innym genem (38, 39).

W celu zlokalizowania genu określającego cechę hily, odmiana Hiproly

krzyżowana była z różnymi liniami posiadającymi geny markerowe na wszystkich chromosomach z wyjątkiem chromosomu 3 (25). Segreganty F_2 klasyfikowano na podstawie cech morfologicznych i analizowano na zawartość lizyny. Badania powyższe pozwoliły zlokalizować gen wysokiej zawartości lizyny na 7 chromosomie. Dla genu tego zaproponowano tymczasowo symbol *lys*, który winien być zweryfikowany, gdy lepiej pozna się istotę działania genu (25, 40).

Hagberg i wsp. (16) opisali wyniki wstępnych prac nad wykorzystaniem odmiany Hiproly w hodowli jęczmienia. Istotne było uzyskanie informacji, czy pomarszczenie oraz mały rozmiar ziarniaków Hiproly są ściśle powiązane z genem warunkującym cechę hily. Analiza osobników F_2 , uzyskanych z krzyżówki między Hiproly i typowym 2-rzędowym jęczmieniem, ujawniła niezależne dziedziczenie się cechy pomarszczenia i wysokiej zawartości lizyny. W obrębie genotypów hily obserwowano znaczną zmienność odnośnie zdolności plonowania, co daje nadzieję wyselekcjonowania form dobrze plonujących. Zdaniem autorów, dobre wyniki w hodowli może dać wykorzystanie Hiproly w programie krzyżowań wstecznych z wartościowymi plennymi odmianami adaptowanymi do warunków rejonu.

Jak stwierdził Doll (4), cecha wysokiej zawartości lizyny u mutanta 1508 determinowana jest jednym recesywnym genem, podobnie jak u odmiany Hiproly. Wysokiej zawartości lizyny u mutanta towarzyszy wyraźne obniżenie poziomu amoniaku, która to obserwacja wykorzystana została w badaniach nad dziedziczeniem zmienionego składu aminokwasowego. W pojedynczych ziarniakach, reprezentujących segreganty F_2 otrzymane ze skrzyżowania mutanta 1508 i odmiany o normalnej zawartości lizyny, oznaczano stosunek lizyny do amoniaku (4).

Wyniki dotychczasowych badań nie upoważniają do wyciągania daleko idących wniosków odnośnie genetycznej kontroli poziomu lizyny w białku jęczmienia. Wydaje się prawdopodobne, że mutacje genu odpowiedzialnego za regulację syntezy prolamin odgrywają tu poważną rolę. Taki właśnie mechanizm został zaproponowany dla wyjaśnienia korzystnych zmian w składzie aminokwasowym dwóch spontanicznych mutantów kukurydzy: *opaque-2* i *floury-2* (44—46). Jak sugeruje Nelson, w obu przypadkach pierwotnym efektem działania zmutowanego genu jest częściowa represja syntezy zeiny, a wtórnym — wzmożenie syntezy pozostałych frakcji o lepiej zrównoważonym składzie aminokwasowym. Zdaniem Nelsona, podobnego typu zmiany występować mogą również u innych zbóż, takich, u których frakcja prolamin wykazuje znaczny udział w białku ogólnym ziarniaków.

Jakkolwiek słuszna może być opinia Nelsona, że przedstawiony wyżej model jest najważniejszym mechanizmem, poprzez który zachodzą pożądane zmiany w białku zbóż, należy jednak sądzić, że również inne czyn-

niki genetyczne mogą mieć istotne znaczenie w regulacji syntezy zapasowych białek ziarniaków. Za bardziej kompleksowym działaniem czynników genetycznych przemawiają między innymi badania przeprowadzone dla Hiproly, u której stosunkowo niewielkie obniżenie poziomu prolamin nie ma przypuszczalnie zasadniczego wpływu na zmianę składu aminokwasowego białka. Wykrycie szeregu form jęczmienia o podwyższonej zawartości lizyny w białku stanowi ważny etap na drodze poznania genetycznych uwarunkowań syntezy białek nasion. Wszechstronna analiza tych form, przy udziale specjalistów reprezentujących różne dziedziny nauki, nie tylko przyczyni się do poznania mechanizmów syntezy białka, ale da również podstawę do opracowania właściwych metod testowania na jakość białka.

*Możliwości podwyższenia plonu białka wysokolizynowych
jęczmieni przez nawożenie azotowe*

Uzyskane dotąd wysokolizynowe jęczmienie nie odpowiadają pod względem plonowania wymogom współczesnego rolnictwa i pozostają wyraźnie w tyle w stosunku do odmian handlowych. Zwiększenie plonów wysokowartościowego białka jęczmienia uzyskać można na różnych drogach. Jedną z nich, wspomniana już w poprzednich rozdziałach, to przenoszenie genów określających wysoką zawartość białka oraz lizyny w białku do cennych odmian uprawnych. Druga możliwość uzyskania podobnych efektów wiąże się z reakcją wysokolizynowych jęczmieni na nawożenie azotowe.

Ingversen i wsp. (18) badali w doświadczeniu wazonowym reakcję na nawożenie azotowe trzech wysokolizynowych jęczmieni: Hiproly, KVL-468 (CI 7115) i Risö-mutanta 56. W doświadczeniu tym, obejmującym trzy poziomy nawożenia, uwzględniono również odmianę handlową Carlsberg II. Reakcja badanych odmian była różna, co wyraziło się w wysokości plonu białka jak również w jego jakości określanej udziałem lizyny. Odmiana KVL-468 zareagowała dodatnio plonem białka na wszystkie dawki nawożenia, przy czym nie obserwowano obniżenia jakości białka. Hiproly i Carlsberg II wykazały podobną reakcję jedynie na dwie niższe dawki nawozu; przy najwyższym poziomie jakości białka tych odmian wykazała już pogorszenie. Na szczególną uwagę zasługuje mutant 56, który na dwie niższe dawki nawożenia odpowiedział nie tylko wyraźnym wzrostem plonu białka, ale również podwyższeniem jego jakości.

Wyniki powyższe wskazują, że wzrost zawartości białka w ziarnie, wywołany nawożeniem azotowym, nie zawsze związany jest z niekorzystnymi zmianami składu aminokwasowego. Do podobnego wniosku dochodzi Viuf (72); w wyniku 3-letnich doświadczeń stwierdza on możliwość wyselekcjonowania odmian jęczmienia, u których udział lizyny w białku jest

stosunkowo niezależny od nawożenia azotowego, a tym samym od poziomu białka w ziarnie.

W pracach omawiających aktualne problemy w hodowli jęczmienia pastewnego (36, 72) bardzo silnie podkreśla się konieczność poszukiwania genotypów, które nawet przy wysokim nawożeniu azotowym zachowują korzystny skład aminokwasowy. Prowadzenie selekcji przy różnych poziomach nawożenia azotowego pozwoli znaleźć formy, u których reakcja fizjologiczna jest szczególnie korzystna z punktu widzenia wysokości i jakości plonu białka.

Skład aminokwasowy białka jęczmienia a jego wartość pokarmowa

Przystępując do omówienia zależności między składem aminokwasowym białka jęczmienia a jego wartością pokarmową trzeba zaznaczyć, że w dyskusji tej uwzględnia się jedynie zapotrzebowania pokarmowe zwierząt nieprzeżuwających.

Oznaczenie składu aminokwasowego jest podstawą chemicznych metod oceny wartości pokarmowej białka. Szczególny nacisk kładzie się przy tym na zawartość aminokwasów egzogennych, to znaczy aminokwasów nie syntetyzowanych przez organizmy ludzi i zwierząt. Ten sposób oceny wartości odżywczej białka nie uwzględnia jednak faktu, że w zależności od stopnia przyswajalności aminokwasów, wykorzystanie białka pokarmu czy paszy może być bardzo różne. Munck (37) uważa, że praktyczne efekty w żywieniu mogą być silniej determinowane czynnikami strawności niż składem aminokwasowym. Również Eggum (9, 10) podkreśla ograniczoną przyswajalność aminokwasów występujących w pokarmach i paszach i stwierdza konieczność przeprowadzania testów biologicznych w następstwie charakterystyki składu aminokwasowego białka.

Badania Muncka dostarczyły wielu cennych informacji o strawności białek jęczmienia (36). W ocenie strawności zastosowana została metoda trawienia *in vitro* za pomocą pepsyny. Analizy objęły 5 odmian z uwzględnieniem czterech poziomów nawożenia azotowego. Oznaczenia przeprowadzono dla nie rozfrakcjonowanej mąki oraz dla dwóch frakcji mąki rozdzielonych na drodze przesiewania: gruboziarnistej zawierającej głównie składniki warstwy aleuronowej i zarodka oraz drobnoziarnistej składającej się przede wszystkim z wewnętrznych części bielma. Dane uzyskane dla nie rozfrakcjonowanej mąki wykazały, że wyższa zawartość białka w ziarniakach idzie w parze z lepszą jego strawnością. Zależność taką obserwowano zarówno w przypadku międzyodmianowych różnic w zawartości białka, jak i wtedy, gdy wzrost poziomu białka wywołany był nawożeniem azotowym. Dalsze interesujące spostrzeżenia dotyczyły po-

równania strawności białek zlokalizowanych w różnych tkankach. Białka wewnętrznej części bielma okazały się bardziej strawne niż białka warstwy aleuronowej i zarodka. A zatem ubogie w lizynę białka zapasowe lepiej są trawione niż białka zewnętrznej części ziarniaka charakteryzujące się dobrze zrównoważonym składem aminokwasowym. Interpretując uzyskane wyniki Munck sugeruje, że strawność białka ogólnego określona *in vitro* jest dodatnio skorelowana z udziałem frakcji prolaminowej.

Przytoczone wyżej wyniki badań *in vitro* zgodne są z danymi doświadczeń *in vivo*. Jak donosi Eggum (8) na podstawie testów żywieniowych, wyższemu poziomowi białka ogólnego w ziarnie jęczmienia towarzyszy lepsza jego strawność, w konsekwencji czego wzrasta stopień wykorzystania białka netto (NPU — nett protein utilization) pomimo wyraźnego obniżenia udziału lizyny w białku. Efekty te wiąże Eggum z dobrą strawnością prolamin, których względny udział rośnie wraz ze wzrostem zawartości białka ogólnego. Do podobnych wniosków prowadzą rezultaty badań Schiller (55).

Interesujące są wyniki testów żywieniowych, przeprowadzonych przez Dolla i wsp. (5), dla wysokolizynowych mutantów jęczmienia. Wartość NPU otrzymana dla mutantu 1508 nie wykazała wzrostu odpowiadającego zwiększonej zawartości lizyny. Wynikało to z obniżenia strawności białek mutantu związanego, zdaniem autorów, ze wzrostem udziału bogatych w lizynę ale niskostrawnych białek albuminowych i globulinowych.

Ingversen i wsp. (18) — interpretując wyniki Muncka i wsp. (43) dotyczące porównania odmiany Hiproly z odmianą kontrolną o podobnej zawartości białka — również podkreślają brak równoległości między chemiczną i biologiczną oceną wartości pokarmowej białka. Autorzy zwracają uwagę na stosunkowo niewielki efekt żywieniowy podwyższonego udziału lizyny w białku. Białko Hiproly wykazało o 30% wyższą zawartość lizyny, ale wskaźniki wykorzystania białka (NPU) oraz rzeczywistej strawności lizyny (TDL — true digestibility of lysine) podwyższone były tylko o 10% (NPU) i 13% (TDL). Zdaniem autorów, przyczyną nieproporcjonalnie małych efektów żywieniowych jest obniżenie strawności białka.

Jak wynika z powyższego, teoretycznie korzystna zmiana składu aminokwasowego białka nie musi znaleźć pełnego odzwierciedlenia w praktycznych efektach żywieniowych z uwagi na ograniczaną przyswajalność niektórych egzogennych aminokwasów, szczególnie lizyny. Z drugiej strony, niepożądane zmiany w składzie aminokwasowym białka, towarzyszące wzrostowi ogólnej jego zawartości, są częściowo kompensowane wzrostem strawności. Bardzo słuszna jest zatem opinia, że prowadzenie selekcji pod kątem zawartości jednego aminokwasu może być ryzykowne (37).

Podsumowanie i uwagi końcowe

1. Poziom białka w ziarniakach jęczmienia jest zasadniczo skorelowany ujemnie z plonem ziarna, jakkolwiek poligeniczne uwarunkowanie tych cech daje możliwość uzyskania korzystnej ich kombinacji. W obecnie uprawianych odmianach możliwość ta nie została wykorzystana, co jest rezultatem wieloletniej hodowli nastawionej na potrzeby przemysłu browarniczego, a nie na zwiększenie produkcji białka. Podwyższenie produkcji białka z jednostki powierzchni osiągnąć można przez wykorzystanie w hodowli zmienności naturalnej i indukowanej.

2. Wzrost względnej zawartości białka w ziarniakach wynika często z upośledzonej syntezy węglowodanów. Procentowa zawartość białka nie stanowi zatem dostatecznego kryterium w selekcji zmierzającej do podwyższenia produkcji białka z jednostki powierzchni. Istotne jest oznaczanie takich parametrów jak ciężar ziarniaków oraz zawartość białka w przeliczeniu na ziarniak. W ostatecznej ocenie materiałów hodowlanych konieczne jest określenie plonu białka.

3. Jakość białka jęczmienia, określana na podstawie składu aminokwasowego, skorelowana jest ujemnie z ogólną zawartością białka w ziarniakach. Wzrostowi białka ogólnego towarzyszy z reguły obniżenie względnej zawartości deficytowej lizyny i innych egzogennych aminokwasów. Istnieje jednak możliwość wyselekcjonowania łamaczy tej korelacji. Formy wykazujące dodatnie odchylenie od powyższej zależności określane są jako wysokolizynowe jęczmienie.

4. W selekcji wysokolizynowych jęczmieni wykorzystywana jest zmienność naturalna oraz indukowana. Szczególnie duże usługi w testowaniu na wysoką zawartość lizyny w białku oddaje równoczesne oznaczanie białka Kjeldahla (KP) oraz zdolności wiązania barwnika przez białko (DBC) — dodatnio skorelowanej z zawartością lizyny w białku. Stosunek DBC:KP umożliwia wykrycie pożądanych zmian w składzie białka, gdyż tylko w niewielkim stopniu podlega wpływom czynników środowiska.

5. Spośród uzyskanych dotąd wysokolizynowych jęczmieni szczególnie analizowane były odmiana Hiproly pochodząca z Etiopii oraz mutant 1508 otrzymany w wyniku traktowania odmiany Bomi etylenoiminą. Hiproly, zawierająca ca 17% białka w ziarniakach i ponad 4% lizyny w białku, daje plony rzędu 30% plonu odmian handlowych. Mutant 1508, zawierający ca 11% białka w ziarnie i ponad 5% lizyny w białku, daje plon zaledwie o 10% niższy od plonu wartościowej odmiany wyjściowej.

6. Jak wykazały badania biochemiczne, zmiany w składzie aminokwasowym białka odmiany Hiproly i mutantu 1508 nie ograniczają się do wzrostu udziału lizyny. U obu form obserwuje się zwiększenie względnej zawartości znacznej liczby aminokwasów — między innymi deficytowych

aminokwasów egzogennych — kompensowane obniżeniem udziału kwasu glutaminowego i proliny. Zmiany powyższe są wynikiem zmienionego stosunku frakcji białkowych w bielmie. Analizy biochemiczne oraz badania ultrastruktury bielma sugerują, że podłoże zmian w składzie aminokwasowym białka Hiproly i mutanta 1508 jest odmienne. Wynika stąd, że eksploatacja wyżej wymienionych form w hodowli roślin wymaga indywidualnego podejścia.

7. Badania nad dziedziczeniem wysokiej zawartości lizyny w białku, obejmujące krzyżowanie odmiany Hiproly i mutanta 1508 z odmianami o normalnej zawartości lizyny w białku, wykazały, że w przypadku obu wysokolizynowych form omawiana cecha przekazywana jest jako jeden recesywny gen. Należy jednak zaznaczyć, że w niektórych kombinacjach krzyżówkowych z udziałem Hiproly stwierdzono odchylenia od stosunku segregacji 3:1, świadczące o występowaniu czynników modyfikujących. Jak obecnie postuluje się, jednym z głównych mechanizmów genetycznych, poprzez który zachodzą pożądane zmiany w składzie aminokwasowym białka zbóż, są mutacje genu odpowiedzialnego za regulację syntezy prolamin.

8. Genotypy jęczmienia znacznie różnią się reakcją na nawożenie azotowe, co przejawia się zarówno w odniesieniu do ilości gromadzonego w ziarniakach białka, jak również i jego składu aminokwasowego. Z uwagi na powyższe, celowe jest prowadzenie prac selekcyjnych przy zróżnicowanych poziomach nawożenia azotowego.

9. Skład aminokwasowy białka nie jest wystarczającym kryterium jego wartości odżywczej z uwagi na ograniczoną przyswajalność niektórych egzogennych aminokwasów, szczególnie lizyny. Brak pełnej zgodności między chemiczną i biologiczną oceną wartości pokarmowej białka wynika z faktu, że białka o dobrze zrównoważonym składzie aminokwasowym (albuminy + globuliny) charakteryzują się gorszą strawnością niż ubogie w egzogenne aminokwasy prolaminy. Należy stąd wyciągnąć wniosek, że selekcja pod kątem zawartości jednego aminokwasu może być ryzykowna i że wyniki analizy chemicznej muszą być sprawdzane w doświadczeniach żywieniowych.

Prace genetyczno-hodowlane nad wysokolizynowymi jęczmieniami prowadzone są zaledwie od kilku lat, a zatem przedwczesna byłaby ocena ich znaczenia dla praktycznego rolnictwa. Dotychczasowe wyniki stanowią jednak bardzo bogaty materiał informacyjny, który winien być jak najpełniej wykorzystany w ukierunkowywaniu badań i programowaniu prac hodowlanych zmierzających do uzyskania wartościowych odmian jęczmienia pastewnego.

Dążąc do podwyższenia zawartości lizyny w białku jęczmienia nie należy zapominać o ostatecznym celu hodowli, jakim jest zwiększenie plonu białka oraz poprawienie jego jakości z punktu widzenia praktycznych efek-

tów żywieniowych. Dotychczasowe prace nie dostarczyły jeszcze przekonujących dowodów, że wysoka zawartość lizyny w białku może iść w parze z wysokim plonem ziarna. Ewentualny związek poziomu lizyny w białku i plonu ziarna winien więc nadal być przedmiotem prac genetyczno-hodowlanych. Wskazane jest również pogłębianie badań nad jakością białka, co stanowi bardzo złożony problem. Jak okazało się, wzrostowi poziomu lizyny w białku towarzyszy obniżenie jego strawności, w konsekwencji czego testy żywieniowe częściowo tylko odzwierciedlają korzystną zmianę w składzie aminokwasowym białka. Istotne zatem byłoby zanalizowanie możliwości zwiększenia przyswajalności aminokwasów w białku wysokolizynowych jęczmieni. Ponadto celowe jest wprowadzanie innych jeszcze, oprócz zawartości lizyny, kryteriów oceny wartości pokarmowej białka jęczmienia.

Jak z powyższego wynika, planowanie i realizacja prac hodowlanych nad jęczmieniem pastewnym wymagają kompleksowych badań, w których istotna rola winna przypaść również specjalistom z zakresu fizjologii i żywienia zwierząt.

LITERATURA

1. Barbacki S.: Z badań nad jęczmieniem. Cz. III. Zmienność i dziedziczenie zawartości azotu w ziarnie czystych linii i mieszańców. Pam. puł., 14, 106—157, 1933.
2. Barbacki S.: Dalsze badania nad dziedziczeniem i zmiennością zawartości azotu w ziarnie jęczmienia. Roczn. Nauk rol., 49, 267—315, 1947.
3. Doll H.: Variation in protein quantity and quality induced in barley by EMS treatment. In „Induced Mutations and Plant Improvement” (Proc. Symp. Vienna, 1972), IAEA, Vienna, 331—342, 1972.
4. Doll H.: Inheritance of the high lysine character of a barley mutant. Hereditas, 74, 293—294, 1973.
5. Doll H., Köie B., Eggum B.O.: Induced high lysine mutants in barley. Radiat. Bot., 14 (preprint), 1974.
6. Dwernicki W.: Problemy hodowli jęczmienia. Biul. Inst. Hod. Rośl., Nr 5—6, 77—86. 1972.
7. Dwernicki W., Czembor H.J.: Osiągnięcia i perspektywy w hodowli jęczmienia. Nowe Rol., Nr 24, 11—13, 1973.
8. Eggum B.O.: Über die Abhängigkeit der Proteinqualität vom Stickstoffgehalt der Gerste. Z. Tierphysiol., Tierernährg. u. Futtermittelkde, 26, 65—71, 1970.
9. Eggum B.O.: Current methods of nutritional protein evaluation. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 289—302, 1970.
10. Eggum B.O.: A study of certain factors influencing protein utilization in rats and pigs. 406. Beretn. Forsogslab., Kobenhavn., 1—173, 1973.
11. Favret E.A., Manghers L., Solari R., Avila A., Monesiglio J.C.:

- Gene control of protein production in cereal seeds. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 87—97, 1970.
12. Favret E.A., Solari R., Manghers L., Avila A.: Genetic control of the qualitative and quantitative production of endosperm proteins in wheat and barley. In „New Approaches to Breeding for Improved Plant Protein” (Proc. Panel, Rostanga, 1968), IAEA, Vienna, 87—107, 1969.
 13. Fischbeck G.: Ertrags- und Qualitätsprobleme im Getreidebau in der Bundesrepublik Deutschland. *Z. Acker- Pflanzenbau*, 127, 180—206, 1968.
 14. Gaul H., Frimmel G., Fritz A., Ulonska E.: Combination of yield and protein content in tetraploid barley. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 133—147, 1970.
 15. Hagberg A., Karlsson K.-E.: Breeding for high protein content and quality in barley. In „New Approaches to Breeding for Improved Plant Protein” (Proc. Panel, Rostanga, 1968), IAEA, Vienna, 17—21, 1969.
 16. Hagberg A., Karlsson K.-E., Munck L.: Use of Hiproly in barley breeding. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 121—132, 1970.
 17. Hoffmann W.: Futtergerstenzüchtung. In: *Handbuch der Pflanzenzüchtung*. Bd. 2, Parey, Berlin u. Hamburg, 209—217, 1950.
 18. Ingversen J., Andersen A.J., Doll H., Köie B.: Selection and properties of high lysine barley. In „Nuclear Techniques for Seed Protein Improvement” (Proc. Symp. Vienna, 1973), IAEA, Vienna, 193—198, 1973.
 19. Ingversen J., Köie B.: Protein patterns of some high lysine barley lines. *Hereditas*, 69, 319—323, 1971.
 20. Ingversen J., Köie B.: Lysine rich proteins in the saltsoluble protein fraction of barley. *Phytochemistry*, 12, 73—78, 1973.
 21. Ingversen J., Köie B.: Lysine rich proteins in high-lysine *Hordeum vulgare* grain. *Phytochemistry*, 12, 1107—1111, 1973.
 22. Ingversen J., Köie B., Doll H.: Induced seed protein mutant of barley. *Experientia*, 29, 1151—1152, 1973.
 23. Jęczmień. — Praca zbiorowa. Koordynator: Ruśniak L., PWRiL, Warszawa 1973.
 24. Jones A.S., Cadenhead A., Livingstone R.M.: Variation in the composition of barley and its effect on the performance of pigs. *J. Sci. Food Agric.*, 19, 446—448, 1968.
 25. Karlsson K.-E.: Linkage studies on a gene for high lysine content in Hiproly barley. *Barley Genetics Newsletter*, 2, 34—36, 1972.
 26. Karlsson K.-E., Seko H.: Selection for high lysine content in barley which was treated with mutagens. *Barley Newsletter*, 16, 46—47, 1972.
 27. Klemme-Berger B., Scheibe A., Schön W.J., Zoschke M.: Untersuchungen über die Eiweissfraktionen bei Futtergersten. II. Präparation und elektrophoretische Trennung der salzlöslichen Proteine (Globuline). *Z. Acker- Pflanzenbau*, 130, 86—94, 1969.
 28. Klemme-Berger B., Scheibe A., Zoschke M.: Untersuchungen über die Eiweissfraktionen bei Futtergersten. III. Präparation der alkohollöslichen Proteine (Prolamine) und ihre Auftrennung durch die Polyacrylamid-Elektrophorese. *Z. Acker- Pflanzenbau*, 130, 239—248, 1969.
 29. Lekeš J., Rozkošná A.: Variabilita bílkovin a aminokyselin v zrnu jarního jecmene. *Rostlinna výroba*, 17, 419—426, 1971.
 30. Maćkowiak J.: Niektóre problemy w hodowli zbóż, zmierzającej do polepszenia wartości odżywczej białka. *Biuletyn Oceny Odmian*, Z. 4, 157—183, 1973.

31. Madsen A., Eggum B.O., Mortensen H.P., Larsen A.E., Viuf B.T.: The relationship between dietary levels of protein, lysine, methionine, threonine, tryptophan and the performance of rats and bacon pigs fed two barley varieties grown at different levels of nitrogen. *Kgl. Vet. -og Landbohojsk. Arsskr.*, 55—77, 1974. (Preprint 1973).
32. Manghers L.E., Favret E.A.: Relation of grain weight and its nitrogen content in some barley mutants. Scientific paper No 409 of the Instituto de Fito-tecnia, C.N.I.A., I.N.T.A., Castelar, *Bol. Genet, Inst. Fitotec., Castelar*, No 6, 1—10, 1969.
33. Michael G.: Einfluss der Düngung auf Eiweissqualität und Eiweissfraktionen der Nahrungspflanzen. *Qual. Plant. Mater. Veg.*, 10, 248—265, 1963.
34. Mossberg R.: Some problems concerning the determination of crude protein content in cereals by dye binding. *Agri. Hort. Genet.*, 23, 206—218, 1965.
35. Mossberg R.: Evaluation of protein quality and quantity by dye-binding capacity: a tool in plant breeding. In „New Approaches to Breeding for Improved Plant Protein” (Proc. Panel, Rostanga, 1968), IAEA, Vienna, 151—160, 1969.
36. Munck L.: The variation of nutritional value in barley. I. Variety and nitrogen fertilizer effects on chemical composition and laboratory feeding experiments. *Hereditas*, 52, 1—35, 1964.
37. Munck L.: Plant breeding and nutritional value in cereals. *Hereditas*, 52, 151—165, 1964.
38. Munck L.: Increasing the nutritional value in cereal proteins. Basic research on the hily character. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 319—330, 1970.
39. Munck L.: High-lysine barley — a summary of the present research development in Sweden. *Barley Genetics Newsletter*, 2, 54—59, 1972.
40. Munck L.: Improvement of nutritional value in cereals. *Hereditas*, 72, 1—128, 1972.
41. Munck L.: Barley seed proteins. In „Symposium Seed Proteins” Ed. Inglett G.E., Westport, Connecticut, The Avi Publ. Comp., 144—164, 1972.
42. Munck L., Karlsson K.-E., Hagberg A.: Selection and characterization of a high-protein, high-lysine variety from the world barley collection. In „Barley Genetics II” (Proc. of Second Int. Barley Genetics Symp. 1969), Pullman, Wash., 544—558, 1971.
43. Munck L., Karlsson K.-E., Hagberg A., Eggum B.O.: Gene for improved nutritional value in barley seed protein. *Science*, 168, 985—987, 1970.
44. Nelson O.E.: Genetic modification of protein quality in plants. *Adv. Agron.*, 21, 171—194, 1969.
45. Nelson O.E.: Improvement of plant protein quality. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 43—51, 1970.
46. Nelson O.E.: Breeding for specific amino acids. In „Genes, Enzymes and Populations”. Ed. Srb A.M., vol. 2 in „Basic Life Sciences”, Plenum Press, New York — London, 303—311, 1973.
47. Osborne T.B.: The proteins of barley. *J. Amer. Chem. Soc.*, 17, 539—545, 1895. *Cyt. za: Munck (36)*.
48. Pomeranz Y., Robbins G.S., Wesenberg D.M., Hockett E. A., Gilbertson J.T.: Amino acid composition of two-rowed and six-rowed barleys. *J. Agric. Food Chem.*, 21, 218—221, 1973.
49. Postel W.: Der Einfluss genetischer und ökologischer Faktoren auf den

- Eiweißhaushalt von Sommergerstencaryopsen, unter besonderer Berücksichtigung von exogenen Aminosäuren. *Züchter*, 26, 211—239, 1956.
50. Postel W.: Studien über exogenen Aminosäuren in differenzierten Zonen von Gerstencaryopsen ökologisch verschiedener Standorte. *Z. Pflanzenzücht.*, 37, 113—126, 1957.
51. Przybylska J., Kapała A.: Variability of disc electrophoretic patterns of salt-soluble seed proteins in barley (*Hordeum vulgare* L.s.l.). *Genetica Polonica*, 15, 231—244, 1974.
52. Rozkošná A.: Vztahy mezi aminokyselinami v zrne odrud jarniho ječmene. Vedecke prace vyzkumneho ustavu obilnarskeho w Kromerizi, 127—135, 1972.
53. Scheibe A., Schön W.J., Zoschke M., Bauer R.: Untersuchungen über die Eiweißfraktionen bei Futtergersten. I. Studien über die Gesamtproteine, insbesondere die Albuminkomponenten. *Z. Acker- Pflanzenbau*, 128, 139—150, 1968.
54. Scheibe A., Sünter I., Zoschke M.: Die Anwendung der Rüsckkreuzungsmethode zur Verbesserung von Eiweißgehalt und Eiweißqualität bei winterannuellen Futtergersten. *Z. Pflanzenzücht.*, 61, 301—338, 1969.
55. Schiller K.: Untersuchungen über die Variabilität von Futtergerstenprotein. 2. Mitteilung: Über den Einfluss ökologischer Faktoren auf die Verteilung der Eiweißarten im Protein von Gerstencaryopsen, *Landwirtsch. Forsch.*, 24, 15—33, 1971.
56. Schmidt H.: Beiträge zur Züchtung eiweißreicher Futtergersten. *Z. Pflanzenzücht.*, 40, 189—214, 1958.
57. Scholtz F.: Versuche zur züchterischen Steigerung des Eiweißgehaltes der Gerste mit Hilfe der experimentellen Mutationsauslösung. *Qual. Plant Mater. Veg.*, 6, 276—292, 1960.
58. Schön W.J.: Analyses of proteins and amino acids in protein-rich barley strains. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 265—273, 1970.
59. Schön W.J.: Analysis of proteins and amino acids in cereal breeding material. In „The Way Ahead in Plant Breeding” (Proc. Sixth Congr. of Eucarpia, Cambridge 1971), Cambridge, 215—219, 1972.
60. Słaboński A.: Stan, metody i perspektywy hodowli jęczmienia jarego i ozimego. *Zeszyty Problemowe Post. Nauk Roln.*, Nr 125, 155—178, 1972.
61. Słaboński A.: Osiągnięcia w hodowli jęczmienia jarego — podstawą zwiększenia produkcji pasz. *Wyższa Szkoła Rolnicza. Zakład Upowszechniania Postępu w Rolnictwie*, Szczecin 1972, 1—16, 1972.
62. Słaboński A.: Kierunki hodowli i możliwości zwiększenia powierzchni i plonów jęczmienia jarego. *Materiały z konferencji nauk.-technicznej SITR*, Malbork 6—7 lipca 1973, 78—124, 1973.
63. Solari R., Favert E.A.: Polymorphism in endosperm proteins of barley and its genetic control. In „Barley Genetics II” (Proc. of Second Int. Barley Genetics Symp., 1969), Pullman, Wash., 23—31, 1971).
64. Tallberg A.: Ultrastructure and protein composition in high-lysine barley mutants. *Hereditas*, 75, 195—200, 1973.
65. Thomke S.: Über die Veränderung des Aminosäuregehaltes der Gerste mit steigendem Stickstoffgehalt. *Z. Tierphysiol., Tierernährg u. Futtermittelkde*, 27, 23—31, 1970.
66. Tsai C.-Y., Hansel L.W., Nelson O.E.: A colorimetric method of screening maize seeds for lysine content. *Cereal Chem.*, 49, 572—579, 1972.

67. U d y D.C.: Dye-binding capacities of wheat flour protein fractions. *Cereal Chem.*, 31, 389—395, 1954.
68. U d y D.C.: Estimation of protein in wheat and flour by ion-binding. *Cereal Chem.* 33, 190—197, 1956.
69. U d y D.C.: Improved dye method for estimating protein. *J. Am. Oil Chemists' Soc.*, 48, 29A—33A, 1971.
70. Villegas E., Mertz E.T.: Chemical screening methods for maize protein quality at CIMMYT. *Research Bull. No. 20, CIMMYT*, 1—14, 1971.
71. Viuf B.T.: Breeding of barley varieties with high protein content with respect to quality. In „New Approaches to Breeding for Improved Plant Protein” (Proc. Panel, Rostanga, 1968), IAEA, Vienna, 23—28, 1969.
72. Viuf B.T.: Varietal differences in nitrogen content and protein quality in barley. *Kgl. Vet.-og. Landbohojsk. Arsskr.*, 37—61, 1972. (preprint 1971).
73. Wolf M.J., Khoo U., Seckinger H.L.: Subcellular structure of endosperm protein in high-lysine and normal corn. *Science*, 157, 556—557, 1967.
74. Zoschke M.: Die Stickstoffernährung bei Futtergersten. I. Gefäßversuche mit verschiedenen Sommergerstengenotypen. *Z. Acker- Pflanzenbau*, 125, 22—39, 1967.
75. Zoschke M.: Effect of additional nitrogen nutrition at later growth stages on protein content and quality in barley. In „Improving Plant Protein by Nuclear Techniques” (Proc. Symp. Vienna, 1970), IAEA, Vienna, 345—356, 1970.