

Elżbieta Adamska, Teresa Cegielska-Taras*, Laurencja Szala*

Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

* Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Zakład Roślin Oleistych w Poznaniu

Parametry genetyczne dla cech struktury plonu oraz zawartości tłuszczu w nasionach rzepaku ozimego oszacowane na podstawie linii DH otrzymanych z mieszańca F₁ (DH O-120 × DH C-1041)

The genetic parameters for determining traits of yield elements
and the oil contents in oilseed rape estimated on the basis
of DH lines obtained from F₁ hybrid (DH O-120 × DH C-1041)

Słowa kluczowe: *Brassica napus* L., linie DH, parametry genetyczne, rzepak ozimy

Key words: *Brassica napus* L., DH line, genetic parameters, winter oilseed rape

Podwojone haploidy (DH) ze względu na swą całkowitą homozygotyczność są dobrym materiałem do badań nad genetycznym uwarunkowaniem cech ilościowych. Zaprezentowano wyniki trzyletnich doświadczeń w dwu miejscowościach. Badano 32 linie DH wyprowadzone metodą kultur izolowanych mikrospor rzepaku ozimego z roślin pokolenia F₁ mieszańca (DH O-120 × DH C-1041), mieszańce pokoleń F₁ i F₂ (w pierwszym roku badań) oraz mieszańce pokoleń F₂ i F₃ (w drugim i trzecim roku badań) i ich formy rodzicielskie. Materiał został oceniony pod względem następujących cech: długości łuszczyzny, liczby nasion w łuszczyźnie, masy 1000 nasion i procentowej zawartości tłuszczu w nasionach. Oszacowano parametry genetyczne określające efekty addytywnego działania genów [d], dominacji [h], nieallelicznej interakcji loci homozygotycznych [i] oraz heterozygotycznych [I]. Efekty addytywnego działania genów okazały się istotne dla wszystkich badanych cech. Współdziałanie homozygotycznych loci wpłynęło na zmniejszenie długości łuszczyzny, liczby nasion

Doubled haploid lines on the basis of their completely homozygosity constitute suitable material for the genetic study of quantitative traits. The results of three year experiments carried out at two places are shown. 32 DH lines obtained by the culture of isolated microspores from plants of winter oilseed rape of F₁ generation hybrid (DH O-120 × DH C-1041), hybrids generation F₁, F₂ generation (in the first year of experiment) and hybrids of F₂ and F₃ generation (in the second and third year of experiments) and their parental forms were studied. The length of siliqua, number seeds per siliqua, 1000 seeds weight and content of oil were estimated. Genetic parameters describing additive effects of genes [d], domination [h], and non allelic interaction of homozygous loci [i] and heterozygous [I] were calculated. Effects of additive genes action were significant for each studied traits. The dominance was significant only for the length of siliqua and the number of seed per siliqua (in the direction of growing value of the trait). The effect of heterozygous

w łuszczyńce oraz zawartości tłuszczu w nasionach. Dominowanie było istotne tylko dla długości łuszczyńcy i liczby nasion w łuszczyńcy (w kierunku zwiększania tej cechy). Nie zaobserwowano znaczących efektów związanych ze współdziałaniem heterozygotycznych loci.

genes action did not appear in the study.

Wstęp

Wytworzenie odmian gwarantujących ustabilizowane i wysokie plony jest głównym celem hodowli roślin uprawnych. O wielkości plonu nasion decydują między innymi komponenty strukturalne, takie jak liczba nasion w łuszczyńcy, wielkość łuszczyńcy czy masa tysiąca nasion. W pracach hodowlanych znajomość efektów działania genów kontrolujących cechy ilościowe ułatwia wybór odpowiedniej strategii postępowania, a tym samym może przyczynić się do wzrostu efektywności hodowli. Jedną z metod pozwalających na uzyskanie tych informacji jest wyznaczenie ocen parametrów genetycznych związanych z efektami addytywnego działania genów, dominacji i nieallelicznej interakcji na podstawie badań linii podwojonych haploidów oraz dwóch następujących po sobie pokoleń mieszańców (F_1 i F_2 lub F_2 i F_3).

Celem podjętych badań było oszacowanie parametrów genetycznych dla cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach rzepaku ozimego na podstawie trzyletnich doświadczeń polowych z liniami DH.

Praca pokazuje równocześnie możliwości zastosowania przybliżonej estymacji parametrów i testowania średnich ocen parametrów genetycznych na podstawie doświadczeń trzyletnich obejmujących linie DH oraz mieszańce pokolenia F_1 i F_2 (w pierwszym roku badań) a także F_2 i F_3 (w drugim i trzecim roku badań)

Material i metody

Doświadczenia przeprowadzono na poletkach doświadczalnych IHAR w Poznaniu w roku 1998/99 oraz IGR PAN w Cerekwicy w latach 1999/2000 i 2000/2001. Materiał stanowiły 32 linie podwojonych haploidów (DH) otrzymane metodą izolowanych mikrospor (Cegielska-Taras, Szala 1997) z roślin mieszańca F_1 (DH O-120 \times DH C-1041). W pierwszym doświadczeniu brały także udział mieszańce pokolenia F_1 i F_2 natomiast w drugim i trzecim doświadczeniu F_2 i F_3 . Sposób przeprowadzenia doświadczeń podano w pracy Adamskiej i in. (2001). Materiał został oceniony pod względem następujących cech: długości łuszczyńcy, liczby nasion z łuszczyńcy, masy 1000 nasion oraz procentowej zawartości tłuszczu w nasionach. Dane uzyskane z doświadczeń posłużyły do przeprowadzenia

obliczeń statystycznych dotyczących efektów addytywnego działania genów [d], dominacji [h] i nieallelicznej interakcji loci homozygotycznych [i] oraz heterozygotycznych [l]. Z uwagi na to, że doświadczenie w pierwszym roku obejmowało 32 linie DH oraz mieszańce F_1 i F_2 , oceny parametrów genetycznych wyznaczono za pomocą wzorów podanych w pracy Surma i in. (1984). Ponieważ w drugim roku badań uczestniczyły te same linie DH oraz mieszańce pokoleń F_2 i F_3 , dla oceny parametrów wykorzystano metodę opracowaną przez Surmę i in. (1997). W celu przeprowadzenia pewnego rodzaju syntezy, czyli wyznaczenia parametrów genetycznych na podstawie trzech doświadczeń (różniących się jednym obiektem) konieczne było zastosowanie transformacji umożliwiającej uzupełnienie brakującej obserwacji. W obliczeniach dokonano uzupełnienia obserwacji mieszańców pokolenia F_3 w pierwszym roku badań według wzoru:

$$F_3 = \frac{6F_2 + 3L - F_1}{8}$$

F_1, F_2, F_3 — średnie wartości cech

L — średnie wartości linii DH

Zastosowane przekształcenie umożliwiło wykonanie analizy wariancji dla wszystkich lat łącznie oraz znalezienie ocen wspomnianych wyżej parametrów genetycznych i przeprowadzenia testowania ich istotności.

Wyniki i dyskusja

Średnie zawartości badanych cech struktury plonu dla mieszańców pokoleń F_1, F_2, F_3 linii DH oraz linii o wartościach ekstremalnych przedstawiono w tabelach 1–4. W tabelach tych zamieszczono także oszacowane na podstawie linii DH oraz odpowiednich pokoleń segregujących wartości parametrów genetycznych określające efekty addytywnego działania genów, dominacji oraz współdziałania loci homozygotycznych i heterozygotycznych.

Efekty addytywnego działania genów obliczone dla każdego roku oddzielnie, jak i średnie efekty wyznaczone dla trzech lat badań okazały się istotne dla wszystkich analizowanych cech struktury plonu oraz zawartości tłuszczu w nasionach (tab. 1–4). Dominowanie miało wpływ na ekspresję długości łuszczyzny i liczby nasion w łuszczyźnie, o czym świadczy średnia ocena parametru [h] z trzech lat badań. Należy zaznaczyć, iż dominowanie działało w kierunku zwiększenia długości łuszczyzny przede wszystkim w roku 2001 oraz na wzrost liczby nasion w łuszczyźnie w latach 1999 i 2001 (tab. 2 i 3). W roku 2000 uzyskane oceny parametru [h] nie różniły się istotnie od zera.

Tabela 1

Średnie pokoleń mieszańcowych, rodziców i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla masy 1000 nasion (g) — *Mean values of hybrids and of DH lines and estimates of the genetic parameters and results of their testing for 1000 seeds weight*

Pokolenia mieszańcowe i linie DH <i>Hybrid generations and DH lines</i>	Średnia <i>Mean</i>	Lata — <i>Years</i>		
		1999	2000	2001
F ₁	—	4,31	—	—
F ₂	4,26	4,22	4,33	4,24
F ₃	4,32	(4,26)	4,25	4,45
L _{max}	4,99	5,03	5,00	4,94
L _{min}	3,76	3,80	3,81	3,69
L _{śr.}	4,24	4,37	4,16	4,20
Parametry genetyczne — <i>Genetic parameters</i>				
[d]	0,58**	0,62**	0,59**	0,53**
[h]	0,44	−0,56	−0,80	1,80
[i]	0,04	0,05	0,05	0,03
[l]	−0,58	0,49	1,70	−3,75

* — istotne na poziomie $p = 0,05$ — *significance at $p = 0.05$*

** — istotne na poziomie $p = 0,01$ — *significance at $p = 0.01$*

L_{max} — średnia wartość linii maksymalnych — *mean value of the maximum lines*

L_{min} — średnia wartość linii minimalnych — *mean value of the minimum lines*

L_{śr.} — średnia wartość wszystkich linii — *mean value of the lines*

(4,26) — wartość uzyskana ze wzoru (1) — *value obtained from formula (1)*

Wyraźny wpływ na kształtowanie się wartości fenotypowych dla długości łuszczyzny, liczby nasion w łuszczyźnie oraz zawartości tłuszczu w nasionach miało współdziałanie loci w stanie homozygotycznym. Wskazują na to oszacowane dla każdego roku oddzielnie, jak i na podstawie średnich z trzech lat badań oceny parametru [i]. Efekty związane z interakcją loci homozygotycznych wpływały na zmniejszenie długości łuszczyzny, liczby nasion w łuszczyźnie oraz zawartości tłuszczu w nasionach. Dla masy 1000 nasion współdziałanie genów homozygotycznych (we wszystkich latach badań) było nieistotne.

Dla wszystkich badanych cech uwagę zwraca brak efektów związanych z niealleliczną interakcją loci w stanie heterozygotycznym.

Uzyskane wyniki wskazują, iż na podstawie oszacowanych dla każdego roku oddzielnie parametrów genetycznych nie zawsze jest możliwe jednoznaczne wyciągnięcie wniosków dotyczących efektów działania genów. Zastosowana w pracy metodyka obejmująca testowanie istotności średniej oceny parametrów genetycznych dla trzech lat badań prowadzona w połączeniu z transformacją brakujących obserwacji w znacznym stopniu ułatwiła przeprowadzenie poprawnej interpretacji wyników.

Tabela 2

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla długości łuszczyzny (cm) — *Mean values of hybrids and of DH lines and estimates of the genetic parameters and results of their testing for the length of siliqua (cm)*

Pokolenia mieszańcowe i linie DH <i>Hybrid generations and DH lines</i>	Średnia <i>Mean</i>	Lata — <i>Years</i>		
		1999	2000	2001
F ₁	–	8,8	–	–
F ₂	9,0	8,5	9,2	9,4
F ₃	8,8	(8,2)	9,0	9,2
L _{max}	9,3	8,8	9,7	9,6
L _{min}	6,9	6,5	7,1	7,1
L _{śr.}	8,2	7,8	8,5	8,5
Parametry genetyczne — <i>Genetic parameters</i>				
[d]	1,24**	1,15**	1,30**	1,27**
[h]	2,85*	1,94	2,63	3,98**
[i]	–0,14	–0,12*	–0,15*	–0,15**
[l]	1,92	–0,91	2,44	4,24

Objaśnienia jak w tabeli 1 — *Explanation as in Table 1*

Tabela 3

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla liczby nasion w łuszczyźnie — *Mean values of hybrids and of DH lines and estimates of the genetic parameters and results of their testing for the numbers of seeds per siliqua*

Pokolenia mieszańcowe i linie DH <i>Hybrid generations and DH lines</i>	Średnia <i>Mean</i>	Lata — <i>Years</i>		
		1999	2000	2001
F ₁	–	28,7	–	–
F ₂	29,8	31,8	29,9	27,7
F ₃	28,8	(29,5)	27,4	27,9
L _{max}	28,5	29,0	28,5	28,1
L _{min}	17,0	16,4	17,7	17,1
L _{śr.}	24,9	24,7	25,1	25,1
Parametry genetyczne — <i>Genetic parameters</i>				
[d]	5,73**	6,29**	5,53**	5,38**
[h]	16,63*	24,51*	8,52	16,88*
[i]	–2,16**	–2,00**	–2,47**	–2,01**
[l]	–13,8	–20,42	1,97	–23,22

Objaśnienia jak w tabeli 1 — *Explanation as in Table 1*

Tabela 4

Średnie pokoleń mieszańcowych i linii DH oraz oceny i wyniki testowania parametrów genetycznych dla zawartości tłuszczu w nasionach (%) — *Mean values of hybrids and of DH lines and estimates of the genetic parameters and results of their testing for the oil contents (%)*

Pokolenia mieszańcowe i linie DH <i>Hybrid generations and DH lines</i>	Średnia <i>Mean</i>	Lata — <i>Years</i>		
		1999	2000	2001
F ₁	–	48,8	–	–
F ₂	47,9	48,0	48,4	47,4
F ₃	47,4	(48,0)	46,9	47,4
L _{max}	48,4	48,9	48,1	48,4
L _{min}	46,4	47,4	46,1	45,8
L _{śr.}	47,5	48,0	47,3	47,4
Parametry genetyczne — <i>Genetic parameters</i>				
[d]	1,01**	0,73**	0,97**	1,31**
[h]	–2,58	–2,19	–5,57	0,02
[i]	–0,10*	–0,22*	0,20	–0,31**
[l]	5,90	2,61	15,24	0,14

Objaśnienia jak w tabeli 1 — *Explanation as in Table 1*

W literaturze spotyka się niewiele prac dotyczących genetycznego uwarunkowania cech ilościowych rzepaku ozimego. Wykorzystanie linii podwojonych haploidów oraz dobranie odpowiednich metod statystyczno-genetycznych może być pomocne w takich badaniach (Surma 1996).

Mimo że efekty addytywnego działania genów okazały się dla wszystkich badanych cech istotne, to wyniki badań wskazują jednak na trudności, jakie może napotkać hodowca w pracach nad uzyskaniem form rzepaku o długiej łuszczyźnie, z dużą liczbą zawiązanych nasion i charakteryzujących się wysoką zawartością tłuszczu w nasionach. Współdziałanie loci w stanie homozygotycznym działa bowiem w kierunku zmniejszenia wartości tych cech. Ze względu na addytywny charakter działania genów łatwiejszym wydaje się natomiast otrzymanie form rzepaku o poprawionej masie 1000 nasion. W hodowli odmian mieszańcowych rzepaku fakt występowania dodatnich efektów związanych z dominowaniem dla długości łuszczyzny i liczby nasion w łuszczyźnie zwiększa prawdopodobieństwo uzyskania form rzepaku o polepszonych wartościach użytkowych tych cech.

Wnioski

- Efekty addytywnego działania genów obliczone dla każdego roku oddzielnie oraz trzech lat łącznie były istotne dla wszystkich badanych cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach.
- U żadnej z badanych cech nie wystąpiły efekty związane z niealleliczną interakcją loci w stanie heterozygotycznym.
- Efekty dominacji okazały się istotne tylko dla długości łuszczyzny i liczby nasion w łuszczyźnie.

Conclusions

- The effects of additive genes action calculated separately for each year and for three years for the studied traits of yield components and oil contents were significant.
- Effects concerning non allelic interaction of heterozygous loci were not observed.
- The dominance was significant for the length of silique and the number of seeds per silique.

Literatura

- Adamska E., Szała L., Kołodziej K., Cegielska T. 2001 Ocena linii DH rzepaku ozimego pod względem wybranych cech na podstawie doświadczeń polowych przeprowadzonych w dwóch środowiskach. *Rośliny Oleiste XXII*: 13-25.
- Adamski T., Kaczmarek Z., Surma M. 1987. Ocena czynników efektywnych na podstawie linii autopoloidalnych. *Siedemnaste Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii*, Lublin, PAN: 247-256.
- Cegielska-Taras T., Szała L. 1997. Regeneracja roślin z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste XVIII*: 21-30.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 1984. The use of doubled haploids lines for estimation of genetic parameters. *Genet. Pol.* 25: 27-32.
- Surma M. 1996. Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego. *Rozprawy i Monografie nr 3, IGR PAN, Poznań*
- Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T. 1997. Estimation of genetic parameters based on doubled haploids and early generations. In: *Advances in Biometrical Genetics* (Edited by P. Krajewski and Z. Kaczmarek): 281-285.