

Joanna Nowakowska, Iwona Bartkowiak-Broda, Maria Ogrodowczyk  
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Poznaniu

## Wstępne badania związku między efektem heterozji mieszańców $F_1$ rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) a dystansem genetycznym linii rodzicielskich

### Preliminary investigations of relationship between heterosis effect of $F_1$ winter rapeseed hybrids (*Brassica napus* L.) and genetic distance of parental lines

**Słowa kluczowe:** mieszańce  $F_1$ , efekt heterozji, dystans genetyczny, RAPD

Hodowla odmian mieszańcowych rzepaku w Polsce prowadzona jest w oparciu o system genowo-cytoplazmatycznej męskiej sterylności CMS *ogura*. Dobór odpowiednich komponentów rodzicielskich jest warunkiem uzyskania wysokoplonującego pokolenia mieszańcowego  $F_1$ . Celem pracy było zbadanie zależności między wartościami dystansu genetycznego linii rodzicielskich a efektem heterozji u mieszańców  $F_1$ . W doświadczeniach polowych założonych w dwóch miejscowościach w sezonie wegetacyjnym 2004/2005 przebadano 18 mieszańców i ich formy rodzicielskie. Dla plonu nasion, masy 1000 nasion, długości łuszczyń, liczby nasion w łuszczyń, zawartości chlorofilu oraz zawartości tłuszczu wykonano obliczenia średnich wartości cech, efektu heterozji i współczynników zmienności. Obliczone korelacje wykazały pozytywną zależność między wartościami dystansu genetycznego linii rodzicielskich, wyznaczonych na podstawie 150 polimorficznych markerów RAPD, a heterozją w plonie nasion mieszańców  $F_1$ . Kombinacje mieszańcowe, dla których otrzymano najwyższe wartości dystansu genetycznego charakteryzowały się wysokim efektem heterozji dla badanych cech.

**Key words:**  $F_1$  hybrids, heterosis effect, genetic distance, RAPD

The breeding of oilseed rape hybrid cultivars in Poland is based on the CMS *ogura* system. The proper selection of both parental components of hybrid cultivar is required in order to obtain  $F_1$  hybrid progeny characterized by high yield of seeds. The aim of this work was to investigate a correlation between genetic distance values of parental lines and heterosis effect revealed by  $F_1$  hybrids. In vegetative season 2004/2005 eighteen  $F_1$  hybrids and their parental lines were examined in the field trials conducted in two localities. For yield of seeds, 1000 seeds weight, length of pods, number of seeds per pod, chlorophyll content and oil content mean trait values, heterosis effect and coefficients of variability were estimated. Positive correlations were obtained between genetic distance values of parental lines, based on 150 polymorphic RAPD markers and  $F_1$  hybrid heterosis effect in seeds yield. Hybrid combinations with the highest values of genetic distance were characterized by a high heterosis effect of investigated traits.

## Wstęp

---

Wykorzystując efekt heterozji można uzyskać znacznie wyższy plon nasion rzepaku w porównaniu do plonowania najlepszych odmian populacyjnych (Bartkowiak-Broda 1998). Badania przeprowadzone na różnym materiale genetycznym, stwierdzające występowanie efektu heterozji w plonie nasion rzepaku (Bartkowiak-Broda 1977, 1998; Grabiec 1981; Lefort-Buson i Dattée 1982; Grant i Beversdorf 1985; Krzymański i in. 1983, 1992, 1993, 1994, 1998; Liersch i in. 2000) oraz odkrycie genetycznych systemów kontrolujących zapylenie krzyżowe u rzepaku umożliwiły rozwój hodowli odmian mieszańcowych.

W Polsce prace hodowlane nad odmianami mieszańcowymi rzepaku opierają się na systemie CMS *ogura*, który znaleziono u rzodkwi (Ogura 1968) i przeniesiono do genotypu rzepaku (Bannerot i in. 1974). Przy wykorzystaniu tego systemu hodowane są różnego typu odmiany mieszańcowe: mieszańce złożone, mieszańce mieszane, a po uzyskaniu linii restorerów o ulepszonej jakości i plenności, zrestorowane mieszańce pokolenia F<sub>1</sub> (Liersch i in. 2000, Popławska i in. 2001, Bartkowiak-Broda i in. 2003).

Najważniejszym etapem w hodowli odmian mieszańcowych jest identyfikacja kombinacji linii rodzicielskich dających duży efekt heterozji. Rodzice posiadający różne allele dla większości *loci* warunkujących daną cechę powinni produkować mieszańce z większym efektem heterozji (Liu i in. 1999). W tym celu w programach hodowlanych dokonuje się oceny dystansu genetycznego komponentów rodzicielskich na podstawie ich polimorfizmu na poziomie DNA.

Do badania pokrewieństwa materiałów roślinnych wykorzystuje się różnego typu markery DNA:

- RFLP (ang. *restriction fragment length polymorphism*) — polimorfizm długości restrykcyjnych fragmentów,
- RAPD (ang. *random amplified polymorphic DNA*) — losowo amplifikowany polimorficzny DNA,
- AFLP (ang. *amplified fragments length polymorphism*) — polimorfizm długości amplifikowanego fragmentu,
- SSR (ang. *single sequence repeat*) — powtórzenia pojedynczych sekwencji tzw. mikrosatelity.

Technika RAPD jest obecnie jedną z prostszych metod oceny zróżnicowania genetycznego, pozwalającą na szybką ocenę dużej liczby linii. Jako pierwsi zastosowali ją Hu i Quiros (1991) do fingerprintingu odmian brokuła oraz kalafiora i stwierdzili użyteczność markerów RAPD w ocenie odrębności genetycznej i wewnętrznej jednorodności odmian. Efektywność markerów RAPD w badaniach nad *Brassica* jest porównywalna do RFLP (Demeke i in. 1992, Thormann i in. 1994, dos Santos i in. 1994).

Celem pracy było zbadanie zależności między dystansem genetycznym komponentów rodzicielskich mieszańców wyznaczonym na podstawie markerów RAPD a efektem heterozji mieszańców F<sub>1</sub> rzepaku ozimego.

## Material i metodyka

Material badawczy stanowiło 18 zrestorowanych mieszańców F<sub>1</sub> rzepaku ozimego oraz ich formy rodzicielskie: 4 linie CMS *ogura* i 6 linii restorerów, pochodzące z materialów Zakładu Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu (tab. 1).

Tabela 1

Mieszańce F<sub>1</sub> rzepaku ozimego i ich formy rodzicielskie badane w doświadczeniach polowych w dwóch miejscowościach (Borowo i Zielęcin) w sezonie wegetacyjnym 2004/2005  
*F<sub>1</sub> winter rapeseed hybrids and their parental lines investigated in field trials in two localities in vegetative season 2004/2005*

Mieszańce F <sub>1</sub> <i>F<sub>1</sub> Hybrids</i>	Linia mateczna CMS <i>ogura</i> <i>Maternal line</i>	Linia ojcowska restorer <i>Parental line</i>
M4/03	142/02	1015/03
M6/03	142/02	1031/03
M7/03	142/02	1133/03
M8/03	142/02	1147/03
M9/03	142/02	1171/03
M10/03	142/02	1640/03
M15/03	152/02	1133/03
M16/03	152/02	1147/03
M17/03	152/02	1171/03
M18/03	152/02	1640/03
M24/03	170/02	1133/03
M25/03	170/02	1147/03
M26/03	170/02	1171/03
M27/03	170/02	1640/03
M33/03	1120/03	1133/03
M34/03	1120/03	1147/03
M35/03	1120/03	1171/03
M36/03	1120/03	1640/03

Mieszańce i ich linie rodzicielskie oceniano w sezonie wegetacyjnym 2004/2005 w doświadczeniach polowych w dwóch miejscowościach: w Borowie — Oddział HR Strzelce oraz w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym Wielichowo – Zielęcin.

Doświadczenia przeprowadzono w układzie kompletnych bloków zrandomizowanych, w czterech powtórzeniach, z trzema odmianami wzorcowymi: Lisek, Kronos F<sub>1</sub> i Californium. Powierzchnia poletek doświadczalnych wynosiła 10 m<sup>2</sup>.

Oceny plonu dokonano na podstawie zbioru nasion z całych poletek. Oceniano także składniki plonu: masę 1000 nasion, długość łuszczyń i liczbę nasion w łuszczyń. Z każdego poletka pobierano po 25 łuszczyń ze środkowej części rośliny (po 100 łuszczyń z każdego obiektu).

Zawartość chlorofilu mierzono chlorometrem N tester SPAD-502 (ang. *Soil Plant Analysis Development*) po wiosennym ruszeniu wegetacji. Procentową zawartość tłuszczu w nasionach oznaczono za pomocą analizatora NMR firmy Newport.

Wyniki opracowano statystycznie stosując program SERGEN (1998), Statistica oraz arkusz kalkulacyjny MS Excel. Efekt heterozji wyliczono w procentach w stosunku do średniej form rodzicielskich.

Materiały i metodyka oraz wyniki dotyczące oceny dystansu genetycznego linii rodzicielskich mieszańców F<sub>1</sub> za pomocą markerów RAPD zostały przedstawione w pracy Nowakowskiej i in. (2004).

## Wyniki

---

Średni plon nasion mieszańców wyniósł 44,81 dt/ha i był wyższy od średnich wartości dla linii rodzicielskich (42,50 i 33,44 dt/ha). Różnice pomiędzy średnim plonem linii matecznych, ojcowskich i mieszańców były istotne ( $F = 52,12^{**}$ ). Najwyższym plonem charakteryzował się mieszaniec M27/03 (49,56 dt/ha), który pod względem tej cechy przewyższył odmianę wzorcową Lisek (48,83 dt/ha). Najniżej plonował mieszaniec M25/03 (35,99 dt/ha) (tab. 2).

Średni efekt heterozji dla plonu nasion wyniósł 18,36%. Najwyższy efekt heterozji wystąpił u mieszańca M7/03 (31,12%), najniższy u mieszańca M33/03 (6,32%) (tab. 2).

Linie mateczne badanych mieszańców nie różniły się znacząco pod względem plonu nasion, podczas gdy linie ojcowskie były istotnie zróżnicowane i charakteryzowały się większą zmiennością (17,61) w porównaniu do mieszańców (6,87) i linii matecznych (3,41) (tab. 2). Średni plon nasion linii matecznych był istotnie wyższy od średniego plonu linii ojcowskich ( $F = 38,3^{**}$ ).

Analizując składniki plonu stwierdzono, że zmienność dla mieszańców i ich linii rodzicielskich nie była wysoka i występowała na podobnym poziomie. Średni efekt heterozji odnotowano zarówno dla długości łuszczyń, jak i liczby nasion w łuszczyń — odpowiednio 3,51 i 7,30%. Natomiast w masie 1000 nasion efekt heterozji nie wystąpił (tab. 3). Nasiona mieszańców były mniejsze niż nasiona linii rodzicielskich.

Tabela 2

Plony nasion mieszańców F<sub>1</sub> i ich linii rodzicielskich oraz efekt heterozji liczony w stosunku do średniej form rodzicielskich  
*Seed yields of F<sub>1</sub> hybrids and their parental lines and heterosis effect calculated in relation to mean of parental forms*

Mieszańce <i>Hybrids</i>	Plon nasion <i>Yield of seeds</i> [dt/ha]	Linia mateczna <i>Maternal line</i> [dt/ha]	Linia ojowska <i>Parental line</i> [dt/ha]	Średnia rodziców <i>Mean of parents</i> [dt/ha]	Efekt heterozji <i>Heterosis effect</i> [%]
M4/03	48,09	42,85	34,74	38,80	23,94
M6/03	42,91	42,34	30,94	36,64	17,11
M7/03	45,21	42,34	26,61	34,48	31,12
M8/03	44,37	42,34	27,60	34,97	26,88
M9/03	44,32	42,34	28,54	35,44	25,06
M10/03	44,53	42,85	40,74	41,80	6,53
M15/03	44,63	43,96	26,61	35,29	26,47
M16/03	43,12	43,96	27,60	35,78	20,51
M17/03	47,45	43,96	28,54	36,25	30,90
M18/03	47,06	39,53	40,74	40,14	17,24
M24/03	44,33	43,75	38,99	41,37	7,16
M25/03	35,99	38,85	27,60	33,23	8,31
M26/03	43,63	43,75	37,26	40,51	7,70
M27/03	49,56	43,75	40,74	42,25	17,30
M33/03	42,93	41,76	38,99	40,38	6,32
M34/03	42,50	43,23	27,60	35,42	19,99
M35/03	48,08	41,76	37,26	39,51	21,69
M36/03	47,93	41,76	40,74	41,25	16,19
Średnia — <i>Mean</i>	44,81	42,50	33,44	37,97	18,36
Zakres — <i>Range</i>	35,99 ÷ 49,56	38,85 ÷ 43,96	26,61 ÷ 40,74	33,23 ÷ 42,25	6,32 ÷ 31,12
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	6,87	3,41	17,61		45,53
F <sub>obl</sub> — <i>F<sub>cdl</sub></i>	0,96	0,13	2,61*		

Średnie wzorców — *Means of standards* [dt/ha]

Lisek — 48,83, Kronos F<sub>1</sub> — 54,65, Californium — 50,85

Tabela 3

Charakterystyka mieszańców F<sub>1</sub> i ich form rodzicielskich badanych w doświadczeniach polowych 2004/2005 — *Characteristics of F<sub>1</sub> hybrids and their parental lines investigated in field trials 2004/2005*

Cecha <i>Trait</i>	Mieszańce <i>Hybrids</i>	Linie mateczne <i>Maternal lines</i>	Linie ojcowskie <i>Parental lines</i>	Średni efekt heterozji <i>Mean heterosis effect</i> [%]
Plon nasion — <i>Yield of seeds</i> [dt/ha]				
Średnia — <i>Mean</i>	44,81	42,50	33,44	18,36
Zakres — <i>Range</i>	35,99 ÷ 49,56	38,85 ÷ 43,96	26,61 ÷ 40,74	6,32 ÷ 31,12
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	6,87	3,41	17,61	45,53
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	48,83			
Kronos F <sub>1</sub>	54,65			
Californium	50,85			
Masa 1000 nasion — <i>1000 seeds weight</i> [g]				
Średnia — <i>Mean</i>	4,42	5,14	4,80	-11,04
Zakres — <i>Range</i>	4,02 ÷ 4,75	4,81 ÷ 5,41	4,31 ÷ 5,45	-22,16 ÷ -2,78
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	4,30	4,09	7,92	-51,99
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	4,07			
Kronos F <sub>1</sub>	4,07			
Californium	4,53			
Długość łuszczyń — <i>Length of pods</i> [mm]				
Średnia — <i>Mean</i>	75,13	76,13	68,84	3,51
Zakres — <i>Range</i>	79,67 ÷ 70,18	80,13 ÷ 72,43	71,68 ÷ 60,29	8,81 ÷ -3,09
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	3,10	3,51	5,03	86,04
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	76,95			
Kronos F <sub>1</sub>	80,16			
Californium	73,27			
Liczba nasion w łuszczyń — <i>Number of seeds per pod</i> [szt.]				
Średnia — <i>Mean</i>	23,27	22,15	21,41	7,3
Zakres — <i>Range</i>	21,64 ÷ 26,02	19,62 ÷ 26,74	14,02 ÷ 23,94	-2,18 ÷ 25,16
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	5,63	7,13	14,34	103,29
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	27,64			
Kronos F <sub>1</sub>	29,08			
Californium	27,91			

ciąg dalszy tabeli 3

Zawartość chlorofilu — <i>Chlorophyll content</i> [jedn. SPAD]				
Średnia — <i>Mean</i>	833,07	819,64	828,99	1,05
Zakres — <i>Range</i>	759,50 ÷ 878,50	789,75 ÷ 853,25	785,50 ÷ 886,00	-5,24 ÷ 6,42
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	3,32	2,56	2,82	255,24
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	769,00			
Kronos F <sub>1</sub>	791,50			
Californium	772,75			
Zawartość tłuszczu — <i>Oil content</i> [%]				
Średnia — <i>Mean</i>	44,50	45,19	41,43	2,75
Zakres — <i>Range</i>	43,25 ÷ 46,50	44,13 ÷ 47,38	40,28 ÷ 42,54	0,23 ÷ 4,15
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>	1,82	2,50	2,32	40,36
Średnie wzorców — <i>Means of standards</i>				
Lisek	43,24			
Kronos F <sub>1</sub>	42,15			
Californium	44,23			

Mieszańce F<sub>1</sub> i linie rodzicielskie odznaczały się nieco większą zawartością chlorofilu w porównaniu z odmianami wzorcowymi. Dla tej cechy zaobserwowano średni efekt heterozji wielkości 1,05% (tab. 3).

Zmienność zawartości tłuszczu była bardzo niska zarówno dla mieszańców (1,82), jak i ich form rodzicielskich (2,50 i 2,32). Średnia zawartość tłuszczu dla mieszańców (44,50%) i ich linii matecznych (45,19%) była wyższa w stosunku do odmian wzorcowych. Efekt heterozji dla tej cechy wyniósł 2,75% (tab. 3).

W tabeli 4 porównano wartości dystansu genetycznego linii rodzicielskich mieszańców z efektami heterozji dla plonu i jego składników. Dla mieszańców M9/03 i M17/03 otrzymano największe wartości dystansu genetycznego (0,8315 i 0,8160). Mieszańce te charakteryzowały się także wysokimi efektami heterozji w plonie nasion (25,06 i 30,90%) oraz w długości łuszczyń (8,36 i 8,81%) i liczbie nasion w łuszczyń (25,16 i 21,36%). Linia ojcowską tych kombinacji była linia restorera 1171/03, wyselekcjonowana z linii francuskiej BO 20 (rys. 1). Pozostałe linie restorery pochodziły z segregującej populacji rekombinantów innej linii restorera BO 09, wyprowadzonej w hodowli francuskiej, z polską linią podwójnie ulepszoną („00”) oraz z męskosterylną linią „00” CMS *ogura* (rys. 1).

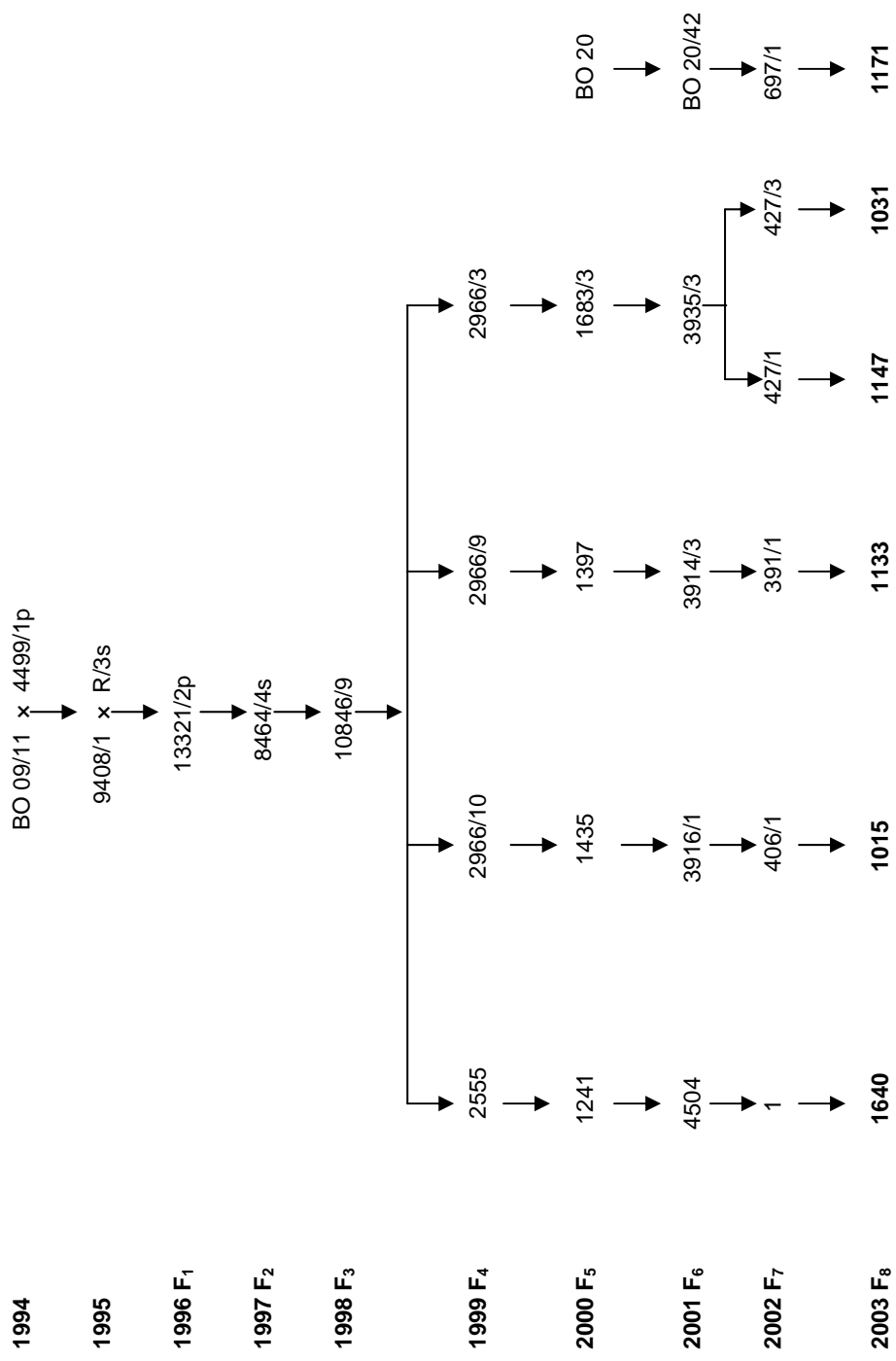
Obliczone korelacje wykazały dodatnią zależność między wartością dystansu genetycznego a efektem heterozji w plonie nasion i efektem heterozji w liczbie nasion w łuszczyń (tab. 5). Także wykres regresji (rys. 2) wskazuje na zależność heterozji w plonie nasion mieszańców F<sub>1</sub> od wartości dystansu genetycznego uzyskanego dla linii rodzicielskich mieszańców.

Tabela 4

Wartości dystansu genetycznego linii rodzicielskich i efektów heterozji mieszańców F<sub>1</sub> dla plonu nasion i składników plonu  
 Values of *genetic distance of parental lines and heterosis effects of F<sub>1</sub> hybrids for yield of seeds and yield components*

Mieszańce <i>Hybrids</i>	Dystans genetyczny <i>Genetic distance</i>	Efekt heterozji — <i>Heterosis effect [%]</i>		
		w plonie nasion <i>in yield of seeds</i>	w długości tuszczyn <i>in the length of pods</i>	w liczbie nasion w tuszczynie <i>in the number of seeds per pod</i>
M4/03	0,6539	23,94	5,01	12,11
M6/03	0,6799	17,11	7,49	13,25
M7/03	0,6931	31,12	1,70	7,70
M8/03	0,6668	26,88	3,50	0,68
M9/03	0,8362	25,06	8,36	25,16
M10/03	0,6539	6,53	1,47	2,16
M15/03	0,7621	26,47	0,48	0,83
M16/03	0,7340	20,51	4,16	0,00
M17/03	0,8210	30,90	8,81	21,36
M18/03	0,6931	17,24	1,39	11,00
M24/03	0,5680	7,16	1,96	8,63
M25/03	0,5447	8,31	6,28	3,52
M26/03	0,7202	7,70	3,01	6,22
M27/03	0,5563	17,30	3,57	9,38
M33/03	0,6286	6,32	-3,09	0,65
M34/03	0,6039	19,99	0,89	0,52
M35/03	0,7621	21,69	5,26	10,48
M36/03	0,6668	16,19	2,85	-2,18
Średnia — <i>Mean</i>	0,6803	18,38	3,51	7,3
Zakres — <i>Range</i>	0,5447 ÷ 0,8362	6,32 ÷ 31,12	-3,09 ÷ 8,81	-2,18 ÷ 25,16
Współczynnik zmienności <i>Coefficient of variability</i>		45,53	86,04	103,29





Rys. 1. Pochodzenie linii restorerów komponentów do hodowli mieszańców F<sub>1</sub> — Parentage of restorer lines components for breeding of F<sub>1</sub> hybrids

Tabela 5

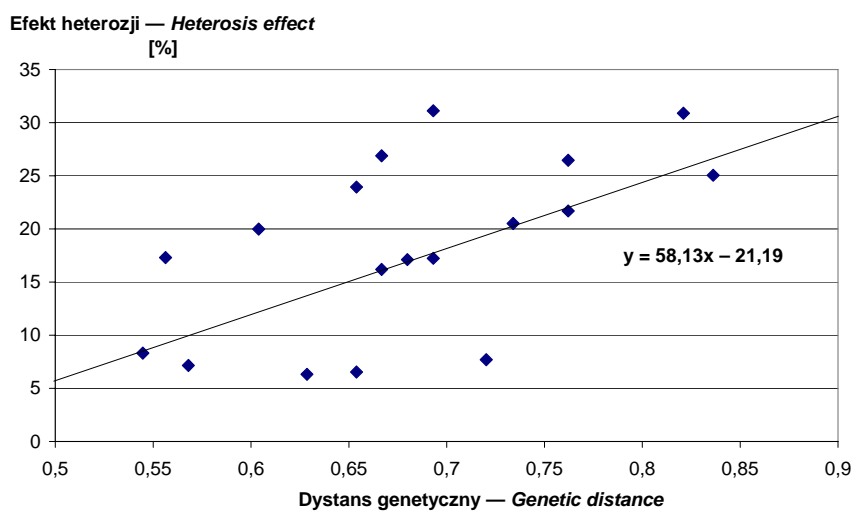
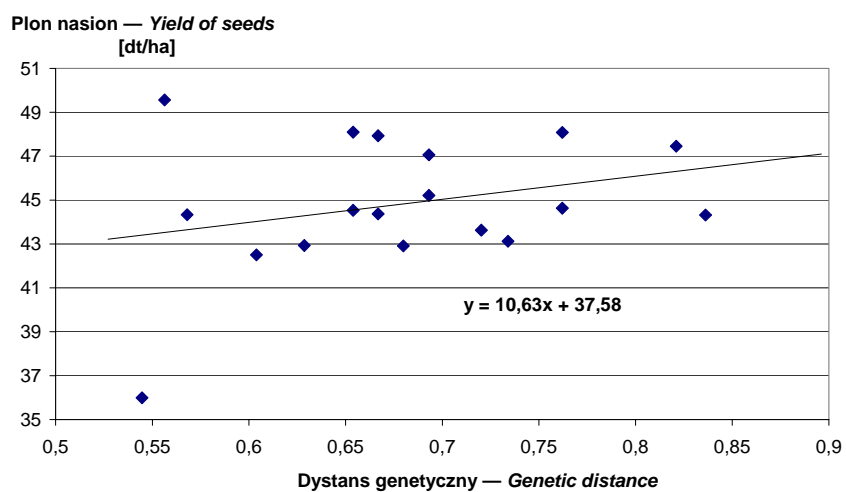
Współczynniki korelacji dystansu genetycznego z plonem nasion i składnikami plonu mieszańców oraz z efektami heterozji dla tych cech — *Correlation coefficients between genetic distance and yield of seeds and yield components of hybrids and heterosis effects for this trait*

Cecha — Trait	1	2	3
1. Dystans genetyczny <i>Genetic distance</i>	1		
2. Plon nasion mieszańca F <sub>1</sub> <i>Yield of seeds</i>	0,27	1	
3. Efekt heterozji w plonie nasion <i>Heterosis effect in yield of seeds</i>	0,58*	0,39	1
1. Dystans genetyczny <i>Genetic distance</i>	1		
2. Długość łuszczyń <i>Length of pods</i>	-0,50*	1	
3. Efekt heterozji w długości łuszczyń <i>Heterosis effect in the length of pods</i>	0,40	0,40	1
1. Dystans genetyczny <i>Genetic distance</i>	1		
2. Liczba nasion w łuszczyńce <i>Number of seeds per pod</i>	-0,74**	1	
3. Efekt heterozji w liczbie nasion w łuszczyńce <i>Heterosis effect in the number of seeds per pod</i>	0,50*	-0,08	1

## Dyskusja

Polimorfizm wykrywany na poziomie DNA umożliwia analizę dużej liczby *loci* rozmieszczonych w różnych regionach chromosomów. Pozwala on na uzyskanie wielopiętrowych obrazów świadczących o genetycznej różnorodności genotypów, a użyty do analizy materiałów wyjściowych w hodowli, dostarcza informacji niezbędnych dla podjęcia decyzji o optymalnym schemacie krzyżowania (Milczarski i in. 2001).

W prezentowanej pracy uzyskano dodatnią korelację między dystansem genetycznym linii rodzicielskich, ocenionym na podstawie markerów RAPD, a heterozją w plonie nasion mieszańców F<sub>1</sub> ( $r = 0,58$ ). Także Lanza i in. (1997), stosując markery RAPD, wykazali u kukurydzy dodatnią korelację dystansu genetycznego z heterozją, natomiast brak takiej korelacji odnotowano u pszenicy (Liu i in. 1999) i *Brassica juncea* (Jain i in. 1994). Zróżnicowanie powyższych wyników ma prawdopodobnie związek z tym, że dystans genetyczny mierzony na podstawie



Analiza wariancji — Analysis of variance

Źródło zmienności Source of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	F <sub>obl.</sub> F <sub>cal.</sub>
Plon nasion — Yield of seeds [dt/ha]			
Regresja — Regression	1	13,431	1,45*
Błąd — Error	16	9,239	
Efekt heterozji — Heterosis effect [%]			
Regresja — Regression	1	401,887	8,19**
Błąd — Error	16	49,036	

Rys. 2. Zależność plonu nasion i heterozji w plonie nasion mieszańców F<sub>1</sub> od dystansu genetycznego linii rodzicielskich — Dependence of yield of seeds and heterosis in F<sub>1</sub> seed yield on genetic distance of parental lines of hybrids

markerów RAPD ukazuje podobieństwo przeważnie niekodujących regionów w genomie (Helms i in. 1997), gdy tymczasem według Diers i in. (1996) i Zhang i in. (1996) heterozję można łatwiej przewidzieć stosując markery związane z *loci* cech ilościowych (ang. QTL – *quantitative trait loci*). Pejje i in. (1998) stwierdzili, że błędy w szacowaniu dystansu genetycznego metodą RAPD mogą być także wynikiem zastosowania zbyt małej liczby polimorficznych starterów. W przedstawionej pracy heterozję w plonie nasion porównywano z dystansem genetycznym wyznaczonym na podstawie 150 różnicujących prążków, wygenerowanych przez 44 startery (Nowakowska i in. 2004). Według Halldéna i in. (1994) wraz ze wzrostem starterów lub prążków użytych do analizy rzepaku następuje obniżenie wariancji w ocenie genetycznej różnorodności materiału roślinnego, a prawdopodobieństwo błędu w technice RAPD zależy od liczby polimorficznych starterów (dla 10–12 starterów wynosi poniżej 1/100, a dla 20–22 starterów poniżej 1/1000).

Analizując pochodzenie linii restorerów (rys. 1) stwierdzono, że linia 1171/03 wywodząca się z francuskiej linii BO 20 w kombinacjach z liniami matecznymi charakteryzowała się najwyższymi wartościami dystansu genetycznego i dawała mieszańce o wysokim efekcie heterozji w porównaniu do pozostałych linii restorerów wykorzystanych do krzyżowań, które posiadały wspólne tło genetyczne z liniami CMS *ogura*. Obserwacje te są zgodne z wynikami uzyskanymi przez Riaz i in. (2001), którzy badając markery SRAP (ang. *sequence related amplified polymorphism*) u rzepaku odnotowali najwyższą heterozję w plonie nasion u mieszańców uzyskanych przez krzyżowanie rodziców genetycznie bardziej zróżnicowanych. Także Liu i in. (1999) stwierdzili, że linie rodzicielskie o dużym dystansie genetycznym mogą produkować mieszańce charakteryzujące się lepszym plonowaniem. Jednak należy zwrócić uwagę, że w badanym materiale wysoki efekt heterozji powiązany z dużym dystansem genetycznym linii rodzicielskich nie zawsze decyduje o najwyższym plonie. Jest to spowodowane istotnie niższą plennością linii ojcowskich.

U mieszańców  $F_1$  zaobserwowano efekt heterozji w liczbie nasion w łuszczyźnie i długości łuszczyzn, natomiast nie stwierdzono go w masie 1000 nasion. Podobne wyniki uzyskali również Kudła (1996) badając efekty heterozji u mieszańców  $F_1$  linii wsobnych rzepaku ozimego oraz Liersch i in. (2004), którzy badając mieszańce  $F_1$  CMS *ogura* stwierdzili, że średni efekt heterozji dla składników plonu był najniższy dla masy 1000 nasion.

W przedstawionych badaniach najbardziej istotna wydaje się być możliwość powiązania wyników laboratoryjnych oceny dystansu genetycznego linii rodzicielskich z obserwowanym w warunkach polowych efektem heterozji u mieszańców  $F_1$ .

## Wnioski

---

1. Średni efekt heterozji w pokoleniu F<sub>1</sub> był najwyższy dla plonu nasion.
2. Spośród składników plonu stwierdzono efekt heterozji dla liczby nasion w łuszczyźnie i długości łuszczyzn, natomiast nie wystąpił on dla masy 1000 nasion.
3. Dystans genetyczny linii rodzicielskich uzyskany na podstawie markerów RAPD był dodatnio skorelowany z wielkością efektu heterozji w plonie nasion mieszańców F<sub>1</sub>.
4. Uzyskane wyniki wskazują na możliwość przewidywania efektu heterozji na podstawie dystansu genetycznego, ocenionego za pomocą markerów molekularnych typu RAPD, jakkolwiek wniosku tego nie można uogólniać dla wszystkich kombinacji mieszańcowych ze względu na niewielką liczbę badanych mieszańców oraz ocenę plonu tylko w dwóch środowiskach. Badania te wymagają kontynuacji.

## Literatura

---

- Bannerot H., Bouldard L., Cauderon Y., Tempe J. 1974. Cytoplasmic male sterility transfer from *Raphanus* to *Brassica*. Cruciferae, European Association for Research in Plant Breeding, Vegetable Crops Section. Eucarpia Meeting, September 1974, Dundee, Scotland, 25: 52-54.
- Bartkowiak-Broda I. 1977. Ocena heterozji i zdolności kombinacyjnej kilku linii wsobnych rzepaku. Biuletyn IHAR, 146: 109-111.
- Bartkowiak-Broda I. 1998. Odmiany mieszańcowe rzepaku – osiągnięcia i perspektywy. Rośliny Oleiste – Oilseed Crops, XIX (2): 359-370.
- Bartkowiak-Broda I., Popławska W., Fürguth A., Mikołajczyk K. 2003. Double low restorer lines of winter rapeseed for CMS *ogura* system. Rośliny Oleiste – Oilseed Crops, XXIV (2): 343-352.
- Demeke T., Adams R.P., Chibbar R. 1992. Potential taxonomic use of random amplified polymorphic DNA (RAPD): a case study in *Brassica*. Theor. Appl. Genet., 84: 990-994.
- Diers B.W., McVetty P.B.E., Osborn T.C. 1996. Relationship between heterosis and genetic distance based on Restriction Fragment Length Polymorphism markers in oilseed rape (*Brassica napus* L.). Crop Sci., 36: 79-83.
- Grabiec B. 1981. Badanie efektów heterozji u rzepaku ozimego. Biul. IHAR, 146: 121-128.
- Grant I., Beversdorf W.D. 1985. Heterosis and combining ability estimates in spring – planted oilseed rape (*Brassica napus* L.). Can. J. Genet. Cytol., 27: 472-478.
- Halldén C., Nilsson N.O., Rding I.M., Säll T. 1994. Evaluation of RFLP and RAPD markers in a comparison of *Brassica napus* breeding lines. Theor. Appl. Genet., 88: 123-128.
- Helms T., Orf J., Vallad G., McClean P. 1997. Genetic variance coefficient of parentage, and genetic distance of six soybean populations. Theor. Appl. Genet., 94: 20-26.

- Hu J., Quiros C.F. 1991. Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers. *Plant Cell Rep.*, 10: 505-511.
- Jain A., Bhatia S., Banga S.S., Prakash S., Lakshmikumaran M. 1994. Potential use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique to study the genetic diversity in Indian mustard (*Brassica juncea*) and its relationship to heterosis. *Theor. Appl. Genet.*, 88: 116-122.
- Krzymański J., Bulińska M., Korytowska W., Piętka T. 1983. Odziedziczalność i heterozja niektórych cech u rzepaku ozimego dwuzerowego. *Zeszyty Prob. Postępów Nauk Rolniczych*, 290: 141-158.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1992. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców między czołowymi poznańskimi rodami rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. *Zeszyty Problemowe Rośliny Oleiste IHAR Radzików*, XIV (1): 37-46.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1993. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. I. Pokolenie F<sub>1</sub>. *Postępy Nauk Rolniczych*, 5: 41-52.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1994. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. II. Pokolenia F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub>. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XV (1): 21-32.
- Krzymański J., Piętka T., Krótka K., Michalski K. 1998. Relationship between seed yield and glucosinolate content in F<sub>1</sub> hybrid generation of double low winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XIX (2): 389-398.
- Kudła M. 1996. Ogólna wartość kombinacyjna linii wsobnych i efekty heterozji mieszańców F<sub>1</sub> i F<sub>2</sub> rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XVII (1): 61-71.
- Lanza L.B., de Souza Jr C.L., Ottoboni M.M., Vieira M.L.C., de Souza P. 1997. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single – cross performance using RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.*, 94: 1023-1030.
- Lefort-Buson M., Dattée Y. 1982. Genetic study of some agronomic characters in winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). I. Heterosis. *Agronomie*, 2 (4): 315-322.
- Liersch A., Bartkowiak-Broda I., Ogrodowczyk M. 2000. Ocena plonowania i cech jakościowych różnego typu odmian mieszańcowych rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXI (2): 341-358.
- Liersch A., Bartkowiak-Broda I., Ogrodowczyk M. 2004. Analiza zmienności składników plonu oraz wielkości efektu heterozji mieszańców CMS *ogura* rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXV (2): 371-382.
- Liu Z-Q., Pei Y., Pu Z-J. 1999. Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on RAPD markers in wheat *Triticum aestivum* L. *Plant Breeding*, 118: 119-123.
- Milczarski P., Banek-Tabor A., Masojć P. 2001. Wykorzystanie markerów RAPD do identyfikacji odmian pszenżyta. *Biuletyn IHAR*, 218/219: 261-267.
- Nowakowska J., Mikołajczyk K., Krótka K., Bartkowiak-Broda I. 2004. Ocena dystansu genetycznego linii rodzicielskich mieszańców F<sub>1</sub> rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) za pomocą metody RAPD. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXV (2): 353-370.
- Ogura H. 1968. Studies on the new male-sterility in Japanese radish with specific reference to the utilization of this sterility towards the practical raising of hybrid seeds. *Mem. Fac. Agric. Kagoshima Univ.*, 6: 39-78.
- Pejje I., Ajmone-Marsan P., Morgante M., Kozumplick V., Castiglioni P., Taramino G., Motto M. 1998. Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs. *Theor. Appl. Genet.*, 97: 1248-1255.
- Popławska W., Bartkowiak-Broda I., Liersch A., Fürguth A. 2001. Ocena cech jakościowych linii restorerów dla CMS *ogura* i ich przydatności do tworzenia zrestorowanych mieszańców

- pokolenia F<sub>1</sub> rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Rośliny Oleiste – Oilseed Crops, XXII (2): 335-348.
- Riaz A., Li G., Quresh Z., Swati M.S., Quiros C.F. 2001. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance. *Plant Breeding*, 120: 411-415.
- dos Santos J.B., Nienhuis J., Skroch P., Tivang J., Slocum M.K. 1994. Comparison of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among *Brassica oleracea* L. genotypes. *Theor. Appl. Genet.*, 87: 909-915.
- SERGEN 1998. Program Analiza serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych. Caliński T., Czajka S., Kaczmarek S., Krajewski P., Siatkowski I. IGR PAN w Poznaniu.
- Thormann C.E., Ferreira M.E., Camargo L.E.A., Tivang J.G., Osborn T.C. 1994. Comparison of RAPD and RFLP markers for estimating genetic relationships within and among cruciferous species. *Theor. Appl. Genet.*, 88: 973-980.
- Zhang Q., Zhou Z.Q., Yang G.P., Xu C.G., Liu K.D., Saghai Maroof M.A. 1996. Molecular marker heterozygosity and hybrid performance in indica and japonica rice. *Theor. Appl. Genet.*, 93: 1218-1224.