

Laurencja Szala, Zygmunt Kaczmarek*, Elżbieta Adamska*, Teresa Cegielska-Taras
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Poznaniu
* Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Efekty transgresji w populacjach linii DH rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) uzyskanych z mieszańców F₁ z krzyżowania odwrotnego odm. Californium i DH W-15

**Effects of transgression in DH line populations of winter oilseed rape
(*Brassica napus* L.) obtained from F₁ hybrids of the reciprocal cross
cv. Californium and DH W-15**

Słowa kluczowe: rzepak ozimy, linia DH, populacja, efekt transgresji, analiza wariancji

W pracy podjęto próbę wyselekcjonowania linii transgresyjnych z populacji linii DH na podstawie wyników otrzymanych w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z dwoma wzorcami, którymi były obie formy rodzicielskie. Populacje podwojonych haploidów uzyskano z mieszańców pokolenia F₁ pochodzących z krzyżowania odwrotnego odmiany Californium i linii DH W-15. Linie DH badano pod względem liczby rozgałęzień, liczby łuszczyń na roślinie, liczby nasion w łuszczyńce, zawartości nienasyconych kwasów 18-węglowych i zawartości glukozynolanów. Spośród 210 badanych linii, 26 linii wykazało pozytywne efekty transgresji, co stanowi 12,4%. Dodatkowo przedstawiono charakterystyki badanych populacji linii DH i populacji rodzicielskich oraz dokonano ich podziału na grupy jednorodne pod względem każdej analizowanej cechy. Zastosowanie analizy zmiennych kanonicznych pozwoliło na graficzne rozmieszczenie tych populacji pod względem cech struktury plonu łącznie a także pod względem zawartości trzech kwasów tłuszczowych łącznie.

Key words: winter oilseed rape, DH line, population, transgression effect, variance analysis

This study was conducted to select transgressive lines from DH line populations on the basis of the results obtained from unreplicated trial with regularly distributed standards (two parental forms). Two populations of doubled haploid lines of winter oilseed rape were obtained from F₁ hybrids representing the reciprocal crosses between cv. Californium and DH W-15. Doubled haploids were studied with regard to the number of branches per plant, number of siliques per plant, number of seeds per silique, content of unsaturated 18 C acids and glucosinolates. 26 DH lines exhibited positive transgression effects, which is 12.4% out of 210 studied DH lines. Additionally, characteristics of analyzed DH populations, parental populations and their distribution for homogeneous groups with regard to the studied traits were presented. The canonical variety analysis was performed to create a graphic image of the arrangement of populations with regard to yield components jointly and also with regard to the content of three fatty acids jointly.

Wstęp

Metoda otrzymywania podwojonych haploidów rzepaku ozimego pozwala na uzyskanie licznych populacji linii DH w stosunkowo krótkim czasie. Jeśli mieszańce F_1 są wartościowe to można liczyć na korzystne segregacje i rekombinacje w gametach, a tym samym na otrzymanie linii DH o rolniczo użytecznych cechach. Przy kojarzeniu par rodzicielskich warto wziąć pod uwagę ich pochodzenie i fenotyp. W przypadku podobieństwa fenotypowego, a zarazem znaczącego zróżnicowania genetycznego komponentów rodzicielskich, można spodziewać się występowania u nich różnych genów warunkujących cechy ilościowe, a tym samym wystąpienia efektów transgresji w ich potomstwie. Dodatkowo krzyżowanie obukierunkowe pozwala na ocenę wpływu efektów matecznych na linie DH.

W przypadku dużej liczebności populacji linii DH i jednocześnie niewielkiej ilości materiału siewnego (nasiona jednej linii DH pochodzą tylko z jednej rośliny w pierwszym pokoleniu) wstępną ocenę linii DH przeprowadza się z reguły w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z systematycznie, ale także losowo, rozmieszczonymi wzorcami. Jest to najważniejsze doświadczenie w procesie hodowli, ponieważ każda badana linia może być w przyszłości odmianą, pod warunkiem, że zostanie na tym etapie wyodrębniona (Dobek i inni 2008). Niezwykle ważny jest więc wybór odpowiednich metod statystycznych, gwarantujących rzetelne testowanie badanych obiektów, a na podstawie otrzymanych wyników — przeprowadzenie właściwej selekcji.

Material i metody

Materiał do badań stanowiły 2 populacje podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego otrzymane z mieszańców pokolenia F_1 , powstałych z krzyżowań odwrotnych pomiędzy odmianami Californium i linii DH W-15. Stosując metodę izolowanych mikrospor uzyskano łącznie 210 linii, w tym:

- 116 linii DH oznaczonych symbolem CW z mieszańca F_1 odm. Californium \times DH W-15,
- 94 linie DH oznaczone symbolem WC z mieszańca F_1 DH W-15 \times odm. Californium.

Odmiana Californium i linia DH W-15 charakteryzowały się wysokim plonem nasion i różnym pochodzeniem. Wartość dystansu genetycznego między formami rodzicielskimi, obliczona na podstawie polimorfizmu DNA uzyskanego za pomocą 20 starterów typu RAPD, wynosiła 0,5878 (Szala i in. 2008).

W sezonie 2006/2007 przeprowadzono doświadczenie polowe w celu wstępnej oceny otrzymanych linii DH. Podwojone haploidy wysiano w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z rozmieszczonymi co 6 obiektów wzorcami, którymi były

obie formy rodzicielskie. Doświadczenie obejmowało 5 pasów, na których znajdowało się po 58 poletek (42 poletek z liniami DH i po 8 poletek z każdym z obu wzorców). Z każdego poletka pobrano po pięć roślin do policzenia liczby rozgałęzień i liczby łuszczyń na roślinie. Pobrano też losowo 20 łuszczyń ze środkowej części pędów głównych, aby policzyć w nich nasiona. Po zbiorze nasion z izolowanych roślin wykonano analizy biochemiczne mające na celu określenie składu kwasów tłuszczowych oleju i zawartości glukozyolanów.

Analizę wariancji przeprowadzono zgodnie z ogólną teorią o blokach niekompletnych (pasy zostały potraktowane jako bloki niekompletne) dla 3 cech struktury plonu i 4 cech biochemicznych (Kaczmarek 2009). Umożliwiła ona zweryfikowanie hipotezy o braku różnic między poszczególnymi liniami DH a średnimi obu wzorców w bloku. Przeprowadzona ocena kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z wzorców pozwoliła na wyodrębnienie linii transgresyjnych.

Analiza wariancji umożliwiła również wyznaczenie charakterystyk statystycznych dla każdej z obu populacji linii DH (CW, WC) i form rodzicielskich (CAL, W-15) oraz zbadanie istotności różnic między nimi. Pozwoliło to na dokonanie podziału 4 badanych populacji na grupy jednorodne, istotnie różniące się między sobą, dla każdej omawianej cechy. Porównanie populacji linii CW, wywodzących się z mieszańca pokolenia F_1 powstałego z krzyżowania odm. Californium \times DH W-15 z populacją linii WC, uzyskanych z mieszańca F_1 z krzyżowania w odwrotnej kombinacji, dostarczyło informacji o wpływie efektów matecznych na linie DH.

Analiza zmiennych kanonicznych pozwoliła na graficzne rozmieszczenie badanych populacji, opisanych cechami struktury plonu łącznie i trzema kwasami tłuszczowymi łącznie, w układzie dwóch zmiennych kanonicznych. Zastosowanie wielozmiennej analizy wariancji umożliwiło przeprowadzenie testowania istotności wszystkich możliwych par populacji pod względem każdego zespołu cech. Wyliczone dodatkowo odległości Mahalanobisa między tymi populacjami umożliwiły wyznaczenie dla nich dendrytu najkrótszych połączeń.

Wyniki

Wykonana analiza wariancji doświadczenia jednopowtórzeniowego dla 7 badanych cech pozwoliła na dokonanie oceny kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z rodziców, będącej jednocześnie oceną efektów transgresji tej linii. Należy zaznaczyć, że oceny tej dokonano przez porównanie linii DH z danego bloku ze średnią lepszego wzorca wyliczoną z obserwacji przeprowadzonych na 8 poletkach tego samego bloku, natomiast procentowe wartości linii DH odnoszą się do średniej ogólnej lepszego wzorca wyliczonej z całego doświadczenia. Linie podwojonych haploidów wyprowadzone z mieszańców pokolenia F_1 zbadano pod względem występowania pozytywnych efektów transgresji, dodatnich dla cech

struktury plonu oraz zawartości kwasu oleinowego i linolowego, a ujemnych dla zawartości kwasu linolenowego i glukozynolanów. Uzyskane wyniki przedstawiono w tabeli 1. Spośród 116 linii DH populacji CW 16 linii wykazało pozytywne efekty transgresji (13,8%), a w przypadku populacji WC, liczącej 94 linie DH, takie efekty zaobserwowano u 10 linii (10,6%). Najwięcej przypadków transgresji dodatniej zanotowano w odniesieniu do liczby łuszczyń na roślinie — 8 (6,9%) w populacji CW i 5 (5,3%) w populacji WC. Pod względem liczby rozgałęzień na roślinie 6 linii CW (5,2%) i 2 linie WC (2,1%) charakteryzowały się pozytywnymi efektami transgresji. Odnosnie pozostałych cech liczba podwojonych haploidów wykazujących pozytywne efekty transgresji była niewielka i wynosiła 1 lub 2 linie w każdej populacji, z wyjątkiem zawartości kwasu oleinowego, gdzie obie linie transgresyjne pochodziły z populacji CW i zawartości glukozynolanów, gdzie obie linie wykazujące pozytywne (w tym przypadku ujemne) efekty transgresji pochodziły z populacji WC.

Tabela 1

Linie DH o pozytywnych efektach transgresji w populacjach CW i WC
DH lines with positive transgression effects in the populations CW and WC

Linia DH <i>DH line</i>	Średnia <i>Mean</i>	Efekt transgresji <i>Effect of transgression</i>		% wzorca <i>% of standard</i>
		ocena <i>estimate</i>	test F <i>F-test</i>	
<i>Liczba rozgałęzień — Number of branches</i>				
CW-16	11,7	3,78	6,74*	147,8
CW-32	10,0	3,22	4,89*	147,3
CW-36	14,0	7,22	24,53**	206,0
CW-37	10,0	3,22	4,58*	147,4
CW-41	9,7	2,92	4,02*	143,0
CW-87	10,3	3,30	5,12*	147,1
WC-35	11,3	4,52	9,62**	166,5
WC-64	10,7	3,45	5,59*	147,9
<i>Liczba łuszczyń na roślinie — Number of siliques per plant</i>				
CW-16	484,3	229,0	10,41*	189,7
CW-32	448,4	282,5	15,86**	223,6
CW-36	739,0	510,0	51,78**	323,2
CW-41	475,3	246,8	12,10**	208,0
CW-46	379,7	163,4	5,30*	175,5
CW-60	449,0	232,7	10,76**	207,5
CW-102	367,7	172,6	5,92*	188,2
CW-115	453,3	258,6	13,29**	232,6
WC-35	478,7	250,2	12,44**	209,5
WC-42	644,7	416,2	34,42**	282,1
WC-45	391,3	175,4	6,11*	181,1
WC-55	421,0	204,7	8,32**	194,6
WC-85	408,3	213,2	9,03**	209,3

ciąg dalszy tabeli 1

Linia DH <i>DH line</i>	Średnia <i>Mean</i>	Efekt transgresji <i>Effect of transgression</i>		% wzorca <i>% of standard</i>
		ocena <i>estimate</i>	test F <i>F-test</i>	
Liczba nasion w łuszczyźnie — <i>Number of seeds per silique</i>				
CW-11	33,0	8,49	10,00**	137,4
CW-24	32,4	7,67	8,18**	131,0
WC-36	30,1	5,37	4,01*	121,7
Zawartość kwasu oleinowego — <i>Oleic acid content</i>				
CW-55	71,1	4,2	5,07*	106,3
CW-59	72,4	5,5	8,70**	108,2
Zawartość kwasu linolowego — <i>Linoleic acid content</i>				
CW-15	23,7	3,4	7,61**	114,8
WC-59	24,8	4,6	14,03**	121,7
Zawartość kwasu linolenowego — <i>Linolenic acid content</i>				
CW-21	6,0	-1,7	5,45**	77,9
CW-59	5,2	-2,0	7,50**	72,3
WC-15	5,7	-2,0	7,50**	72,8
Zawartość sumy glukozynolanów — <i>Total glucosinolates content</i>				
WC-36	4,3	-3,2	5,16*	57,3
WC-89	4,8	-2,5	4,03*	64,0

Charakterystyki statystyczne populacji linii DH i populacji rodzicielskich przedstawiono w tabeli 2. Wstępna ocena linii populacji CW i WC wykazała duże zróżnicowanie w wartościach badanych cech, zarówno morfologicznych, jak i biochemicznych. Obserwowany zakres zmienności w tych populacjach przekraczał zakres zmienności populacji rodzicielskich w liczbie rozgałęzień, liczbie łuszczyzn na roślinie, zawartości kwasu linolenowego, całkowitej zawartości glukozynolanów. W pozostałych cechach, tj. w liczbie nasion w łuszczyźnie, zawartości kwasu oleinowego oraz linolowego, zakres zmienności linii DH przekraczał zakres zmienności jednego z rodziców. Na duże zróżnicowanie linii w obrębie populacji CW i WC wskazują przede wszystkim wyższe wartości odchylenia standardowego dla poszczególnych cech niż te obliczone dla populacji rodzicielskich. Taką samą tendencję zaobserwowano porównując współczynniki zmienności. Największą zmienność stwierdzono dla liczby łuszczyzn na roślinie. Współczynnik zmienności dla tej cechy wynosił 40,6% dla populacji CW i 34,9% dla populacji WC. Spośród ocenianych w doświadczeniu cech morfologicznych najmniej zmienna była liczba nasion w łuszczyźnie. Współczynniki zmienności dla tej cechy wynosiły 13,0 i 13,2%, odpowiednio dla populacji CW i WC. Najniższe współczynniki zmienności zanotowano dla zawartości kwasu oleinowego (2,27–3,47%). Znacznie większą zmien-

ność wykazywała zawartość kwasu linolowego (5,55–8,81%) i linolenowego (7,86–12,98%). Najbardziej zmienną cechą biochemiczną była zawartość glukozyolanów (10,7–26,5%).

Tabela 2
Charakterystyki statystyczne populacji linii DH i populacji rodzicielskich rzepaku ozimego dla badanych cech — *Statistical characteristics of DH line populations and parental populations of oilseed rape for studied traits*

Populacja <i>Population</i>	Liczebność <i>Number</i>	Średnia <i>Mean</i>	Odchylenie stand. <i>Standard deviation</i>	Współ. zmien. <i>Coefficient of variation [%]</i>	Minimum <i>Minimum</i>	Maksimum <i>Maximum</i>
<i>Liczba rozgałęzień — Number of branches</i>						
CW	116	6,6	1,65	25,0	2,7	14,0
WC	94	6,9	1,51	22,0	4,0	11,3
CAL	40	7,4	1,50	20,4	4,0	11,0
W-15	40	6,4	1,14	17,9	4,3	8,7
<i>Liczba łuszczyń na roślinie — Number of siliques per plant</i>						
CW	116	238,8	97,1	40,6	90,0	739,0
WC	94	240,2	83,9	34,9	91,3	644,7
CAL	40	208,2	63,7	30,6	113,3	376,7
W-15	40	221,8	62,2	28,0	121,0	388,3
<i>Liczba nasion w łuszczyźnie — Number of seeds per silique</i>						
CW	116	23,5	3,06	13,0	16,5	33,0
WC	94	23,7	3,14	13,2	15,4	30,1
CAL	40	23,2	2,18	9,4	18,6	28,8
W-15	40	23,9	2,80	11,7	19,5	31,1
<i>Zawartość kwasu oleinowego — Oleic acid content</i>						
CW	116	66,3	2,30	3,47	59,5	72,4
WC	94	65,7	2,27	3,45	58,4	69,9
CAL	40	64,0	1,80	2,81	59,3	67,1
W-15	40	67,1	1,52	2,27	62,8	69,6
<i>Zawartość kwasu linolowego — Linoleic acid content</i>						
CW	116	18,6	1,64	8,81	14,6	23,7
WC	94	19,1	1,61	8,42	15,7	24,8
CAL	40	20,5	1,22	5,95	17,6	23,9
W-15	40	18,3	1,02	5,55	16,6	21,6
<i>Zawartość kwasu linolenowego — Linolenic acid content</i>						
CW	116	7,8	0,99	12,82	5,2	10,8
WC	94	7,7	1,00	12,98	5,8	10,4
CAL	40	8,2	0,76	9,29	6,8	10,3
W-15	40	7,3	0,57	7,86	6,1	8,6

ciąg dalszy tabeli 2

Populacja <i>Population</i>	Liczebność <i>Number</i>	Średnia <i>Mean</i>	Odchylenie stand. <i>Standard deviation</i>	Współ. zmien. <i>Coefficient of variation [%]</i>	Minimum <i>Minimum</i>	Maksimum <i>Maximum</i>
Suma glukozynolanów [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion] — <i>Total glucosinolates content</i>						
CW	116	11,8	2,30	26,5	5,6	19,7
WC	94	11,1	2,20	25,2	4,3	21,6
CAL	40	15,3	2,40	15,5	10,4	19,6
W-15	40	7,4	1,30	10,7	5,8	9,6

CW — populacja linii DH z mieszańca odm. Californium \times linia DH W-15
DH lines population from hybrid cultivar Californium x DH line W-15

WC — populacja linii DH z mieszańca linii DH W-15 \times odm. Californium
DH lines population from hybrid DH line W-15 x cultivar Californium

CAL, W-15 — populacje rodzicielskie — *parental populations*

Przeprowadzony podział 4 omawianych populacji na grupy jednorodne wykazał niewielkie zróżnicowanie tych populacji dla cech struktury plonu, a wysokie dla zawartości badanych kwasów tłuszczowych i glukozynolanów (tab. 3). Kierunek krzyżowania nie miał wpływu na średnie wartości cech struktury plonu, zawartości glukozynolanów i kwasu linolenowego populacji CW i WC, natomiast wpływał

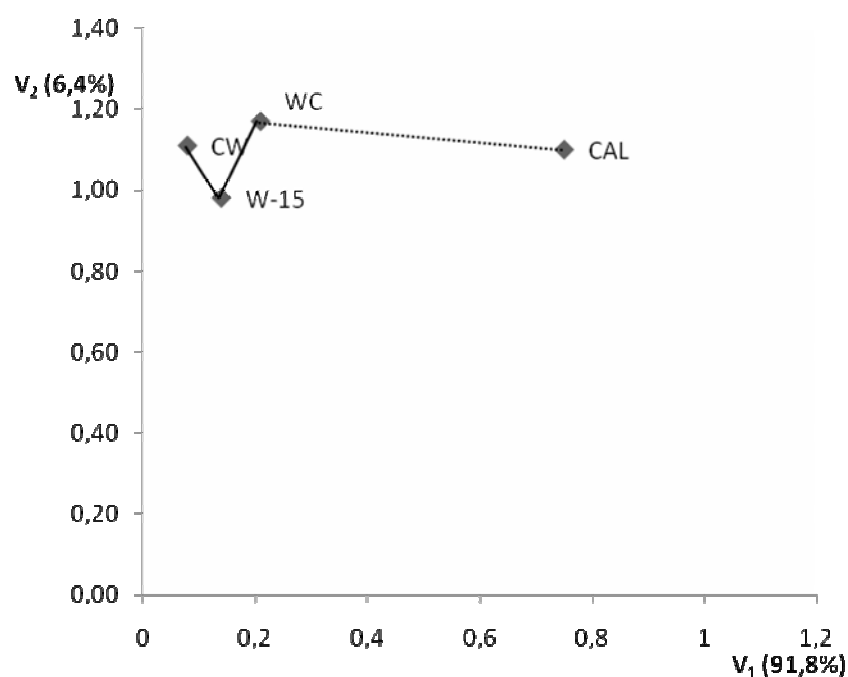
Tabela 3

Podział populacji na grupy jednorodne — *Partition of populations on homogenous groups*

Cecha <i>Trait</i>	Grupa <i>Group</i>	Populacje <i>Populations</i>	Średnia <i>Mean</i>
Liczba rozgałęzień <i>Number of branches</i>	1	CAL	7,4
	2	CW, WC, W-15	6,7
Liczba łuszczyń na roślinie <i>Number of siliques per plant</i>	1	W-15, CW, WC, CAL	272,2
Liczba nasion w łuszczyńce <i>Number of seeds per silique</i>	1	W-15, CW, WC, CAL	23,6
Zawartość kwasu oleinowego <i>Oleic acid content [%]</i>	1	CW, W-15	66,5
	2	WC	65,7
	3	CAL	64,0
Zawartość kwasu linolowego <i>Linoleic acid content [%]</i>	1	CAL	20,5
	2	WC	19,1
	3	CW, W-15	18,5
Zawartość kwasu linolenowego <i>Linolenic acid content [%]</i>	1	CW, WC, CAL	7,82
	2	W-15	7,29
Zawartość sumy glukozynolanów <i>Total glucosinolates content</i> [$\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion — <i>seeds</i>]	1	CAL	15,3
	2	CW, WC	11,5
	3	W-15	7,5

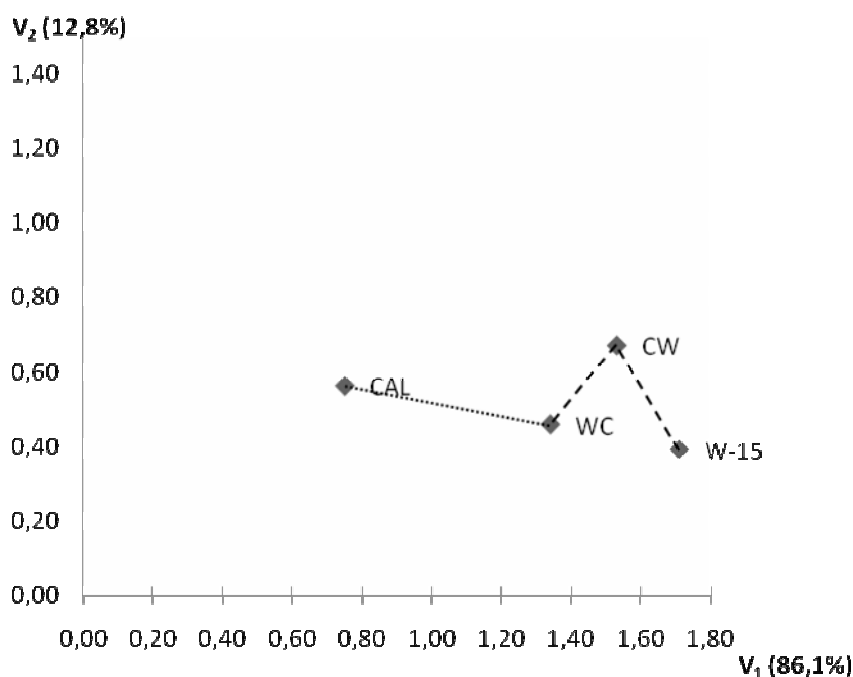
istotnie na średnie zawartości pozostałych dwóch nienasyconych kwasów 18-węglowych. W populacji CW forma ojcowska (DH W-15) miała wyraźny wpływ na wyższą zawartość kwasu oleinowego i niższą kwasu linolowego (tab. 3).

Analiza zmiennych kanonicznych umożliwiła stworzenie graficznego obrazu wzajemnego rozmieszczenia populacji linii DH i populacji rodzicielskich pod względem cech struktury plonu i zawartości trzech badanych kwasów tłuszczowych. Dendryty wykreślone na punktach reprezentujących analizowane populacje pozwoliły połączyć populacje najbardziej podobne do siebie pod względem zespołu cech plonotwórczych (rys. 1) i zawartości kwasów nienasyconych (rys. 2). W wyniku testowania wielocechowych hipotez dotyczących porównań między populacjami okazało się, że w pierwszym przypadku tylko populacja CAL różniła się istotnie od pozostałych, w drugim — wszystkie populacje różniły się istotnie między sobą (na poziomie istotności 0,05).



..... linie różnią się na poziomie $\alpha = 0,01$ — lines are different at the level of $\alpha = 0.01$

Rys. 1. Rozmieszczenie populacji, opisanych cechami struktury plonu, w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych — *Representation of populations characterized by seed field components in the system of two first canonical variates*



Rys. 2. Rozmieszczenie populacji, opisanych trzema kwasami tłuszczowymi, w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych — Representation of populations characterized by three fatty acids in the system of two first canonical variates

Dyskusja

Metoda otrzymywania podwojonych haploidów rzepaku ozimego w kulturze izolowanych mikrospor znalazła szerokie zastosowanie w badaniach genetycznych i praktyce hodowlanej. Dzięki niej można w krótkim czasie uzyskać liczne populacje całkowicie homozygotycznych linii o „utrwalonej” segregacji na poziomie gametycznym, spośród których wszystkie linie wykraczające poza zakres zmienności form rodzicielskich są liniami transgresyjnymi. Częstość występowania linii transgresyjnych w odniesieniu do tej samej cechy ilościowej jest różna w różnych kombinacjach krzyżowań (Surma 1996) i zależy od zróżnicowania genetycznego komponentów rodzicielskich, przy ich jednoczesnym podobieństwie fenotypowym.

Największą liczbę linii DH o pozytywnych efektach transgresji zaobserwowano dla cech struktury plonu. Linie te są szczególnie interesujące, gdyż według Tunçtürka (2007) liczba rozgałęzień, liczba nasion w łuszczyńce, a przede wszystkim liczba łuszczyń na roślinie są cechami pozytywnie skorelowanymi z plonem nasion i mogą stanowić kryteria skutecznej selekcji w procesie hodowli. Dla tych samych cech wyliczono również najwyższe współczynniki zmienności. Biorąc pod uwagę niewielkie zróżnicowanie morfologiczne form rodzicielskich można przypuszczać, że w wytypowanych liniach DH nastąpiła kumulacja genów kontrolujących badane cechy poligeniczne. Jak podają Kuczyńska i in. (2007), istnieje związek między dyspersją genów u form rodzicielskich a powstawaniem efektów transgresji genetycznej w populacjach linii DH. W przypadku, gdy u form rodzicielskich allele zwiększające i zmniejszające wartość danej cechy są rozproszone, ich asocjacja w liniach homozygotycznych może powodować, iż będziemy obserwować linie, których średnie wartości analizowanej cechy będą istotnie większe lub mniejsze od wartości obserwowanych dla form rodzicielskich.

Najmniej linii o pozytywnych efektach transgresji stwierdzono dla analizowanych cech biochemicznych. Powodem niskiej frekwencji linii transgresyjnych pod względem tych cech może być stosunkowo mała zmienność w obrębie badanych populacji i istotne zróżnicowanie między komponentami rodzicielskimi. Przeprowadzony podział na grupy jednorodne uplasował bowiem populacje rodzicielskie w odrębnych grupach, zarówno pod względem zawartości wybranych kwasów tłuszczowych, jak i glukozyolanów.

Z cech plonotwórczych największą zmiennością odznaczała się liczba łuszczyń na roślinie. Spośród wszystkich elementów struktury plonu właśnie ta cecha w największym stopniu decyduje o plonie nasion (Diepenbrock 2000), ale jednocześnie najbardziej podlega modyfikującym wpływom warunków środowiska (Thurling 1974; Muśnicki i in. 1983, 1986, 1991; Jasińska i in. 1997; Wójtowicz i Muśnicki 2001; Wójtowicz 2005). Z kolei według wyżej wymienionych autorów najmniejszą podatnością na zmienność środowiska charakteryzuje się liczba nasion w łuszczyńce. W prezentowanych badaniach uzyskana zmienność dla tej cechy była najniższa.

Zmienność zawartości nienasyconych kwasów 18-węglowych w analizowanych populacjach podwojonych haploidów była niewielka i wahała się od kilku do kilkunastu procent. Niemniej jednak, jak podają Piętka i inni (2003), wskazuje to na pewne, choć ograniczone, możliwości selekcji w kierunku zmiany składu kwasów tłuszczowych oleju nasion w obrębie badanych populacji. Z drugiej strony, zawartość poszczególnych kwasów tłuszczowych zależna jest w dużej mierze od warunków środowiska, a szczególnie od przebiegu pogody. Warunki te najsilniej wpływają na zmiany w zawartości kwasu linolenowego, natomiast w mniejszym stopniu na zawartość kwasu oleinowego i linolowego (Rakow i McGregor 1973; Trémolières i in. 1982; Bartkowiak-Broda i Krzymański 1983; Brunklaus-Jung i Röbbelen 1987; Pleines i Friedt 1988; Spasibonek i in. 1998). Wysoką odziedziczalność i stabil-

ność zawartości kwasu oleinowego wykazali w swych badaniach nad liniami DH rzepaku ozimego Schierholt i Becker (2001).

Analizę wariancji przeprowadzono według metodyki zaproponowanej przez Kaczmarek i in. (2009), opartej na ogólnej teorii układów o blokach niekompletnych. Oceny efektów transgresji dokonano w obrębie każdego pasa (bloku) oddzielnie i odnosiła się ona do średniej lepszego wzorca w danym bloku. Ze względu na charakter doświadczenia uzyskane wyniki należy traktować jako wstępne. Jak podają Adamski i in. (1992) wiarygodność ocen obiektów porównywanych w doświadczeniach jednopowtórzeniowych z wzorcem może być znacznie zwiększona poprzez możliwość analizy statystycznej serii takich doświadczeń, przeprowadzonych w różnych środowiskach.

Podsumowanie

Przedstawiona metoda pokazuje możliwość wyceny dużej ilości obiektów w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z równomiernie rozłożonym wzorcem. Jednak główną ideą tego doświadczenia było wyselekcjonowanie linii o pozytywnych efektach transgresji. Dla 7 cech znaleziono łącznie 26 linii transgresyjnych, co stanowi 12,4% badanych linii DH, przy czym w 7 liniach wystąpiły efekty transgresji dla dwóch cech jednocześnie. Jest oczywiste, że w celu zminimalizowania wpływu czynników niedziedzicznych i zweryfikowania otrzymanych wyników wyselekcjonowane linie należałoby zbadać w doświadczeniach wielopowtórzeniowych, najlepiej w kilku środowiskach.

Literatura

- Adamski T., Kaczmarek Z., Madajewski R., Surma M. 1992. Struktura interakcji linii autopoloidalnych i rodów jęczmienia ze środowiskiem na podstawie serii doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem. W: Dwudzieste drugie Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii, PAN, 250-261.
- Bartkowiak-Broda I., Krzymański J. 1983. Inheritance of C-18 fatty acid composition in seed oil zeroerucic winter rape (*Brassica napus* L.). 6th International Rapeseed Conference, Paris, 1: 477-479.
- Brunklaus-Jung E., Röbbelen G. 1987. Genetical and physiological investigation on mutants for polyenoic fatty acid in rapeseed (*Brassica napus* L.). Plant Breeding, 98: 9-16.
- Diepenbrock W. 2000. Yield analysis of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Field Crops Research, 67 (1): 35-49.
- Dobek A., Bakinowska E., Pilarczyk W., Mikulski W., Kaczmarek J. 2008. Testowanie linii zbóż na wczesnych etapach hodowli i problemy z tym związane. VIII Międzynarodowe Sympozjum Genetyka Ilościowa Roślin Uprawnych, Szklarska Poreba, 32-33.

- Jasińska Z., Kotecki A., Kozak M. 1997. Wpływ następczy roślin strączkowych i nawożenia azotem na rozwój i plon rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XVIII (1): 187-198.
- Kaczmarek Z., Szała L., Adamska E., Cegielska-Taras T. 2009. Statystyczna i genetyczna ocena linii DH rzepaku ozimego na podstawie wyników doświadczenia jednopowtórzeniowego z wzorcami. *Biuletyn IHAR* (w druku).
- Kuczyńska A. 2007. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the frequency of transgression effects in barley (*Hordeum vulgare* L.) *Plant Breeding*, 126: 361-368.
- Muśnicki Cz., Horodyski A., Muśnicka B. 1983. Kształtowanie się cech morfologicznych i właściwości fizjologicznych u nowych odmian rzepaku ozimego oraz ich wpływ na ilość i jakość plonów. *Mat. Kraj. Semin. „Wyniki badań nad rzepakiem ozimym”*: 133-140.
- Muśnicki Cz., Jasińska Z., Muśnicka B., Horodyski A. 1991. Reakcja podwójnie ulepszonych odmian rzepaku ozimego na zagęszczenie roślin w łanie. *Zesz. Probl. IHAR Rośliny Oleiste*, II: 5-16.
- Muśnicki Cz., Muśnicka B. 1986. Struktura plonowania różnych typów jakościowych rzepaku ozimego. *Zesz. Probl. IHAR Rzepak ozimy*: 107-122.
- Piętka T., Krótka K., Krzymański J. 2003. Możliwości modyfikowania składu kwasów tłuszczowych w nasionach rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego poprzez selekcję w populacji linii wsobnych. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXIV (2): 327-341.
- Pleines S., Friedt W. 1988. Breeding for improved C₁₈-fatty acid composition in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Fat Sci. Technol.*, 90. Jahrgang, 5: 167-171.
- Rakow G., McGregor D.I. 1973. Opportunities and problems in modification of levels of rapeseed C₁₈ unsaturated fatty acids. *JAOCS*, 50: 400-403.
- Schierholt A., Becker C. 2001. Environmental variability and heritability of high oleic acid content in winter oilseed rape. *Plant Breeding*, 120: 63-66.
- Spasibonek S., Byczyńska B., Krzymański J. 1998. Wpływ środowiska na zmiany składu kwasów tłuszczowych w oleju mutanta 1207 rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XIX (2): 627-632.
- Surma M. 1996. Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań. *Rozprawy i monografie nr 3*.
- Szała L., Cegielska-Taras T., Adamska E., Kaczmarek Z. 2008. Zmienność fenotypowa dwóch populacji podwojonych haploidów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *XXIX Konferencja Naukowa Rośliny Oleiste*, Poznań: 50-51.
- Tunçtürk M., Çiftçi V. 2007. Relationship between yield and some yield components in rapeseed (*Brassica napus* ssp. *oleifera* L.) cultivars using correlation and path analysis. *Pak. J. Bot.*, 39 (1): 81-84.
- Thurling N. 1974. Morphophysiological Determinates of Yield in Rapeseed (*Brassica campestris* and *Brassica napus*). II Yield Components. *Aust. J. Agric. Res.*, 25: 711-721.
- Trémolières A., Dubacq J.P., Drapier D. 1982. Unsaturated fatty acid in maturing seeds of sunflower and rape: regulation by temperature and light intensity. *Phytochem.*, 2: 41-45.
- Wójtowicz M. 2005. Wpływ warunków środowiskowych na zmienność i współzależność pomiędzy plonem nasion rzepaku ozimego oraz komponentami jego struktury. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, XXVI (1): 99-110.
- Wójtowicz M., Muśnicki Cz. 2001. Zmienność i współzależność pomiędzy plonem nasion podwójnie ulepszonych odmian rzepaku ozimego a komponentami jego struktury. *Roczniki Akademii Rolniczej w Poznaniu*, CCCXXXV: 125-139.