

GENETYCZNA STRUKTURA MATERIAŁÓW WYJŚCIOWYCH
DO HODOWLI JĘCZMIENIA JAREGO O PODWYŻSZONEJ ZAWARTOŚCI
BIAŁKA W ZIARNIE

Henryk J. Czembor, Marek Kudła, Marie M. Kudła

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
Zakład Doświadczalny Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Bąkowie

Zwiększenie zawartości białka w ziarnie jęczmienia jest równie ważnym zagadnieniem jak wysokość plonu [2]. Według Natteveica [11] wzrost wartości pokarmowej ziarna jęczmienia możliwy jest tylko na drodze hodowlanej. Brunori i in. [3] wykazali, że wysokobiałkowe genotypy przekazują odmianie biorcy swój potencjał genetyczny dotyczący ilości białka w pojedynczym ziarnie. Występuje pod tym względem duże zróżnicowanie międzyodmianowe. Savickaaja i in. oraz Vega i Frey [14, 17] stwierdzili, że dobór materiału wyjściowego do hodowli ma duży wpływ na działanie genów. Wynika stąd konieczność poszukiwania form jęczmienia o wysokiej zawartości białka w ziarnie i selekcja najbardziej obiecujących w hodowli genotypów [4].

Celem podjętej pracy była ocena wybranych z kolekcji form jęczmienia pod względem ich przydatności do hodowli plennych odmian o wysokiej zawartości białka w ziarnie. Poznanie odziedziczalności cech i zależności między tymi cechami będzie natomiast umożliwiało efektywniejsze wykorzystanie kolekcji.

MATERIAŁ I METODY

W latach 1983-1985 badano 25 genotypów jęczmienia jarego, w tym 5 rodów hodowlanych, które uzyskano ze skrzyżowania odmian plennych z wysokobiałkowymi formami nieuprawnymi oraz 19 dzikich form etiopskich. Do porównania badanych genotypów zastosowano od-

mianę wzorcową Aramir. Doświadczenia polowe zakładano na poletkach 10 m² w 4 powtórzeniach metodą losowanych bloków i prowadzono według ogólnie przyjętych zasad agrotechnicznych dla jęczmienia jarego. Badano wysokość roślin, liczbę kłosów na 1 m², liczbę ziarn w kłosie głównym, plon ziarna, masę 1000 ziarn /MTZ/, zawartość białka ogólnego w ziarnie i plon białka. Wyniki dla wszystkich cech opracowano statystycznie za pomocą analizy wariancji doświadczeń wielokrotnych. Przyjęto model mieszany, w którym czynnikiem stałym były genotypy, natomiast jako losowe traktowano środowiskowe źródła zmienności. Zastosowano dwie metody obliczania współczynnika odziedziczalności oznaczając je jako z_1 i z_2 :

$$z_1 = \hat{h}^2 = x/y_1; \quad z_2 = \hat{h}^2 = x/y_2,$$

$$x = \sigma_G^2; \quad y_1 = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_L^2 + \hat{\sigma}_{GL}^2 + \hat{\sigma}_R^2 + \hat{\sigma}_e^2; \quad y_2 = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_{GL}^2 + \hat{\sigma}_e^2,$$

gdzie: $\hat{\sigma}_G^2$, $\hat{\sigma}_L^2$, $\hat{\sigma}_{GL}^2$, $\hat{\sigma}_R^2$, $\hat{\sigma}_e^2$ są kolejno ocenami wariancji genotypowej, ogólnego efektu środowiskowego /lat/, interakcji genotypowo-środowiskowej, bloków i błędu. Współczynniki zmienności dla odziedziczalności cech uzyskano ze stosunku $\hat{\sigma}_z^2/z$ posługując się metodą zaproponowaną przez Gordona i in. [7]. Korelacje genotypowe i fenotypowe między badanymi cechami liczone za pomocą wzorów podanych przez Johnsona i in. [9], natomiast analizę przyczynowo-skutkową przeprowadzono na podstawie współczynników korelacji genotypowej [6].

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji wykazała istotne różnice między latami badań oraz istotne zróżnicowanie genotypów pod względem wszystkich badanych cech. Interakcja genotypowa ze środowiskami była istotna dla plonu ziarna, zawartości białka w ziarnie, liczby ziarn w kłosie, MTZ i wysokości roślin. Pod względem liczby kłosów na jednostce powierzchni genotypy reagowały jednakowo na zmieniające się warunki środowiska, ale wykazywały istotną zmienność międzyblokową.

Plony ziarna badanego zestawu genotypów wahały się w granicach 1,657-4,494 t/ha /tab. 1/, przy czym najlepiej plonował Aramir. Spośród form wysokobiałkowych jedynie ród BKH-29N/80 osiągał

T a b e l a 1

Średnie wartości cech dla 25 odmian jęczmienia jarego
badanych w latach 1983-1985

Obiekt	Rzędo- wość kłosa	Plon ziarna t z ha/	Zawar- tość białka / % /	Plon białka t z ha/	Liczba ziarn w kło- sie	Liczba kłosów na 1 m ²	Masa 1000 ziarn / g /	Wys- kość roślin / cm /
Aramir [®]	2	4,494	12,2	0,545	22,6	735	38,7	75
BKH-29N/80	2	4,024	13,7	0,544	21,6	728	40,2	77
Hor-3024	2	3,375	14,2	0,420	21,6	739	35,7	75
BKH-426N/81	2	3,340	15,3	0,506	21,5	703	38,7	72
Hor-6075	4	3,314	14,6	0,481	39,8	603	41,6	88
BKH-408N/81	2	3,309	15,7	0,515	19,6	715	40,7	69
BKH-407N/81	2	3,304	15,0	0,479	20,8	709	39,1	68
Hor-5309	2	3,150	14,6	0,455	20,8	733	40,2	87
BKH-390N/81	2	3,093	15,1	0,456	23,2	710	42,0	79
Hor-5867	2	2,999	15,8	0,476	21,7	647	42,9	86
Hor-6904	2	2,771	15,7	0,430	20,2	678	44,3	87
Hor-5828	2	2,626	16,0	0,414	20,1	704	39,1	76
Hor-4256	2	2,481	17,0	0,420	20,9	630	34,9	85
Hor-961	4	2,396	16,7	0,402	34,3	603	34,8	76
Hor-6899	2	2,373	16,0	0,378	19,7	599	39,3	79
Hor-6900	2	2,352	15,8	0,372	19,7	598	41,2	75
Hor-2895	2	2,201	16,5	0,359	15,1	681	42,4	57
Hor-1502	2	2,157	15,6	0,332	19,1	669	40,6	74
Hor-3045	2	2,111	19,3	0,398	16,9	699	37,3	78
Hor-2675	2	2,082	17,7	0,369	19,1	627	37,6	84
Hor-1541	4	1,943	15,4	0,295	48,6	521	36,2	86
Hor-5809	2	1,853	16,8	0,308	20,6	739	30,5	75
Hor-3882	2	1,788	17,4	0,278	21,9	582	41,1	83
Hor-5910	2	1,729	16,4	0,278	18,6	716	32,4	75
Hor-1574	4	1,657	15,1	0,246	47,3	472	35,7	82
NIR/0,05/		0,895	1,9	0,113	2,8	107	3,6	10

[®]Odmiana wzorcowa.

nał plon ziarna na poziomie wzorca. Jednakże, również jako jedyny obiekt w doświadczeniu, ród ten nie różnił się statystycznie od Aramira pod względem zawartości białka w ziarnie. Wszystkie pozostałe obiekty charakteryzowały się istotnie wyższymi wartościami dla tej cechy w porównaniu z odmianą wzorcową. Pod względem plonu białka odmiany BKH-29N/80, BKH-426N/81, Hor-6075, BKH-408N/81, BKH-407N/81, Hor-5309, BKH-390N/81 i Hor-5867 nie różniły się statystycznie od Aramira. Odmiany te z wyjątkiem BKH-29N/80, pomimo wyraźnie niższego plonowania w stosunku do wzorca, miały wysoką masę białka z jednostki powierzchni poprzez większą zawartość białka ogólnego w ziarnie.

T a b e l a 2

Współczynniki odziedziczalności z_1 i z_2 / ich błędy standardowe $\hat{\sigma}_z$ / oraz współczynniki zmienności /CV/ dla badanych cech jęczmienia jarego

Wyszczególnienie	Plon ziarna	Zawartość białka	Liczba ziarn w kłosie	Liczba kłosów ₂ na 1 m ²	Masa 1000 ziarn	Wysokość roślin
Współczynnik z_1						
\hat{h}^2	0,373	0,340	0,905	0,048	0,529	0,149
$\hat{\sigma}_z$	0,1856	0,1478	0,0156	0,0171	0,0639	0,0133
CV	0,499	0,435	0,017	0,356	0,121	0,089
Współczynnik z_2						
\hat{h}^2	0,522	0,491	0,919	0,201	0,560	0,447
$\hat{\sigma}_z$	0,1364	0,1214	0,0106	0,0164	0,0595	0,0114
CV	0,262	0,247	0,011	0,082	0,106	0,025

Odziedziczalność cech w serii doświadczeń z genotypami jest miarą udziału ich genotypowej zmienności w ogólnej zmienności fenotypowej. Największe współczynniki odziedziczalności stwierdzono dla liczby ziarn w kłosie /0,905 i 0,919/, mniejsze dla MTZ /0,529 i 0,560/, plonu ziarna /0,373 i 0,522/ i zawartości białka

/0,340 i 0,491/ oraz stosunkowo najmniejsze dla wysokości roślin /0,149 i 0,447/ i liczby kłosów na 1 m² /0,048 i 0,201/. Uszerzenie cech badanych genotypów na podstawie obliczonych współczynników było jednakowe dla obu typów odziedziczalności /z₁ i z₂/, ale wpływ efektów środowiskowych / $\hat{\sigma}_L^2$ i $\hat{\sigma}_R^2$ / nie był jednakowy dla poszczególnych cech /tab. 2/. Zbliżone wartości współczynników zmienności dla odziedziczalności liczby ziarn w kłosie 0,011 i 0,017 oraz MTZ 0,106 i 0,121 wskazują na niewielki wpływ ogólnego efektu środowiskowego i efektu bloków na te cechy, natomiast znaczny wpływ efektów interakcji i błędu na genotypową zmienność pod względem MTZ. Wynika to stąd, iż stosując klasyczne oszacowania odziedziczalności typu z₂ dla wymienionych cech można uzyskać dużą dokładność współczynników. Znacznie większy wpływ ogólnego efektu środowiskowego / $\hat{\sigma}_L^2$ / i efektu bloków / $\hat{\sigma}_R^2$ / na zmienność współczynników odziedziczalności stwierdzono dla plonu ziarna i zawartości białka, gdyż współczynniki zmienności dla z₁ 0,499 i 0,435 były prawie dwukrotnie większe niż współczynniki zmienności dla odziedziczalności typu z₂ - 0,262 i 0,247. Efekty środowiskowe najsilniej wpływały na zmienność odziedziczalności liczby kłosów na 1 m² i wysokości roślin.

Poznanie zależności cech ma decydującą rolę przy poprawianiu jakości lub zwiększaniu produktywności roślin. Zawartość białka wykazywała odwrotną zależność z masą 1000 ziarn, plonem białka i plonem ziarna na poziomie fenotypowym /tab. 3/. Plon ziarna korelował pozytywnie z MTZ i liczbą kłosów na 1 m², a z plonem białka wykazał pełną korelację dodatnią. Liczba kłosów na 1 m² korelowała negatywnie z liczbą ziarn w kłosie i pozytywnie z plonem białka. Ujemne związki między wysokością roślin a MTZ i liczbą kłosów na 1 m² oraz dodatni związek z liczbą ziarn w kłosie wykazywały istotność na poziomie P = 0,95. Biorąc pod uwagę te zależności oraz charakter badanego materiału interesujący jest brak istotności korelacji genotypowej między plonem ziarna a zawartością białka w ziarnie. W licznej dotąd literaturze niemal powszechnie plon ziarna i zawartość białka w ziarnie wykazywały związek ujemny [1, 5, 8, 10, 12, 13, 15]. Scholz natomiast [16] stwierdził, że negatywna korelacja omawianych cech nie musi być uważana za absolutną. Wykazana w naszej pracy ujemna lecz nieistotna zależność genotypowa między plonem ziarna a zawartością białka może wynikać z włączenia do badań rodów o podwyższonej zawartości białka w ziarnie

Współczynniki korelacji fenotypowej / r_p / i genotypowej / r_G /
 między badanymi cechami jęczmienia jarego

Cecha	Rodzaj korelacji	Masa 1000 ziarn	Liczba kłosów ² na 1 m ²	Liczba ziarn w kłosie	Plon białka	Zwartość białka	Plon zierna
Wysokość roślin	r_p	-0,234	-0,414 ^{**}	0,415 ^{**}	-0,100	-0,035	0,097
	r_G	-0,502 ^{**}	-0,427 ^{**}	0,452 ^{**}	-0,268	0,088	0,195
Masa 1000 ziarn	r_p		-0,211	-0,271	0,302	-0,484 ^{**}	0,527 ^{**}
	r_G		-0,374	-0,337	0,149	-0,742 ^{**}	0,694 ^{**}
Liczba kłosów na 1 m ²	r_p			-0,719 ^{**}	0,537 ^{**}	-0,188	0,704 ^{**}
	r_G			-0,843	0,666 ^{**}	-0,163	0,967 ^{**}
Liczba ziarn w kłosie	r_p				-0,269	-0,220	-0,090
	r_G				-0,327	-0,290	0,119
Plon białka	r_p					-0,509 ^{**}	1,000 ^{**}
	r_G					-0,566 ^{**}	1,000 ^{**}
Zwartość białka	r_p						-0,512 ^{**}
	r_G						-0,350

* p = 0,05; ** p = 0,01.

i znacznie wyższego potencjału plonowania w porównaniu z wysoko-białkowymi formami nieuprawnymi.

Genotypowe związki między cechami analizowano za pomocą współczynników ścieżkowych opartych na zależnościach przyczynowych /tab. 4/. Stwierdzono wysoki ujemny wpływ bezpośredni zawartości białka, liczby ziarn w kłosie, liczby kłosów na 1 m² i MTZ na plon ziarna. Efekty pośrednie zaś były niemal we wszystkich przypadkach pozytywne. Jedynie genotypy o wyższym źdźble w niewielkim stopniu wpływały bezpośrednio dodatnio na plon ziarna, przy ujemnym pośrednim wpływie poprzez zawartość białka i liczbę ziarn w kłosie i dodatnim pośrednim wpływie poprzez liczbę kłosów na 1 m² i MTZ. Można zatem zauważyć, że uzyskane współczynniki korelacji genotypowej między plonem ziarna a MTZ, liczbą kłosów na 1 m² i liczbą ziarna w kłosie są odwrotnie skorelowane z wartościami bezpośredniego wpływu tych cech na plon ziarna.

T a b e l a 4

Bezpośrednie i pośrednie współczynniki ścieżek dla cech wpływających na plon ziarna jęczmienia jarego

Cecha	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅
Zawartość białka /X ₁ /	<u>-1,497</u>	0,434	0,244	1,111	-0,132
Liczba ziarn w kłosie /X ₂ /	0,339	<u>-1,169</u>	0,985	0,394	-0,528
Liczba kłosów na 1 m ² /X ₃ /	0,091	0,471	<u>-0,558</u>	0,209	0,238
Masa 1000 ziarn /X ₄ /	0,705	0,320	0,355	<u>-0,950</u>	0,477
Wysokość roślin /X ₅ /	0,012	0,063	-0,059	-0,070	<u>0,140</u>

Współczynniki podkreślone oznaczają wpływ bezpośredni cechy, nie podkreślone - wpływ pośredni.

Ustalenie programu selekcyjnego na podstawie współczynników korelacji jest trudne, jeżeli rozpatruje się większą liczbę cech. Wynika to ze złożonych pośrednich związków między nimi. Analize

współczynników ścieżkowych dostarcza bardziej wnikliwej oceny bezpośrednich przyczyn i pozwala na zbadanie pośredniego działania cech w kierunku wytworzenia danej korelacji [6].

Na podstawie przeprowadzonej analizy stwierdzono, że selekcja genotypów o dwurzędowym kłosie oraz optymalnych wartościach dla liczby kłosów na 1 m^2 i MTZ będzie korzystna z uwagi na bezpośredni i pośredni wpływ tych cech na plon ziarna. Silny bezpośredni wpływ ujemny zawartości białka na plon ziarna sugeruje prowadzenie selekcji na sumę składników ujemnie korelujących. W naszym przypadku jest to plon białka. Biorąc to pod uwagę, spośród badanego zestawu genotypów jęczmienia jarego wyodrębniono najbardziej wartościowe źródła genetyczne, które mogą być wykorzystane w hodowli odmian o lepszym jakościowo ziarnie. Są to: BKH-29N/80, BKH-426N/81, BKH-408N/81, BKH-407N/81, Hor-5309, BKH-390N/81 i Hor-5867.

WNIOSKI

1. Analiza zmienności wykazała istotne zróżnicowanie wysoko-białkowych genotypów jęczmienia jarego pod względem wszystkich badanych cech ilościowych.

2. Odziedziczalność w szerszym znaczeniu była duża dla liczby ziarn w kłosie, mniejsza dla MTZ, plonu ziarna i zawartości białka ogólnego w ziarnie oraz najmniejsza dla wysokości roślin i liczby kłosów na 1 m^2 . Czynniki środowiskowe $\hat{\sigma}_L^2$ i $\hat{\sigma}_R^2$ miały niewielki wpływ na zmienność współczynników odziedziczalności dla liczby ziarn w kłosie i MTZ, natomiast wyraźny wpływ na liczbę kłosów z jednostki powierzchni i wysokość roślin.

3. Stwierdzono wysoki ujemny bezpośredni wpływ zawartości białka, liczby ziarn w kłosie, liczby kłosów na 1 m^2 i MTZ na plon ziarna. Efekty pośrednie były niemal we wszystkich przypadkach pozytywne.

4. Spośród badanego zestawu materiałów wyjściowych do hodowli jęczmienia o lepszej jakości ziarna, najbardziej obiecujące są formy BKH-29N/80, BKH-426N/81, BKH-408N/81, BKH-407N/81, Hor-5309, BKH-390N/81 i Hor-5867, które mogą służyć jako cenne źródła genetyczne do podwyższenia zawartości białka w ziarnie odmian pastewnych.

LITERATURA

1. Bell G.D.H.: Varley breeding and related researches. J. Inst. Brewing, 48, 247-260, 1951.
2. Brunkhorst K., Robbelen G., Zoschke M.: Bestimmung des Lysin - gehaltes und Selektion des Hyproly-merkmals nach Ruckkreuzung bei Gerste. II. Vererbungsstudien und Auslese auf Lysin in Es-se-hiproly-kreuzungen. Zeitsch. Pflzücht., 73, 1-12, 1974.
3. Brunori A., Figueroa A., Hermelin T., Micke A.: Screening for protein percentage in wheat grain by specific density. Cer. Res. Commun., 10, 17-25, 1982.
4. Czomber H.J., Gacek E., Kudła M.M.: Charakterystyka wybranych odmian jęczmienia o wysokiej zawartości białka. Hod. Rośl. Aklim., 23, 5, 269-281, 1979.
5. Day A.D., Dickson A.D.: Association between nitrogen per cent - tage and certain morphological characteristics in barley. Agron. J., 49, 244-245, 1957.
6. Dewey D.R., Lu K.H.: A correlation and path-coefficient analy - sis of components of crested wheatgrass seed production. Agron. J., 51, 515-518, 1959.
7. Gordon I.L., Byth D.E., Balaam L.N.: Variance of heritability ratios estimated from phenotypic variance components. Biome - trics, 28, 401-415, 1972.
8. Grant M.N., McCalla A.G.: Yield and protein content of wheat and barley. I. Interrelations of yields and protein content of random selections from single crosses. Canad. J. Res., 27, 230-240, 1949.
9. Johnson H.W., Robinson H.F., Comstock R.E.: Genotypic and phe - notypic correlations in soybeans and their implications in se - lection. Agron. J., 10, 477-483, 1955.
10. Makowska D., Gierat K.: Hodowla odmian jęczmienia jarego o pod - wyższej zawartości białka. Cz. II. Hod. Rośl. Biul. Branz. 5/6, 8-9, 1983.
11. Nattevic E.D.: Povyšenie kormovoj cennosti zerna jecmenja v ne - cernozemnoj zone RSFSR selekcjonnom putem. Dokl. Vses. Akad. Sel.-Choz. Nauk, 11, 2-4, 1981.
12. Olsen O.A.: Ultrastructure and genetics of the barley line hi - proly. Hereditas, 77, 287-302, 1974.

13. Olsen O.A.: Inheritance of protein and lysine content in barley, *Hordeum vulgare* L., and their relationship to other characters. *Hereditas*, 92, 85-111, 1980.
14. Savickaja W.A., Kalašnik N.A., Lietova G.M.: Nasledovanie količestviennych priznakov pšenicy v uslovijach zapadnoj Sybiri. *Genetika*, 15, 306-313, 1979.
15. Scholz F.: Qualitätsprobleme in der Futtergerstenzuchtung, dargestellt an Ergebnissen von Mutationsversuchen. *Z.Pflanz.*, 44, 105-128, 1960.
16. Scholz F.: Induced high-protein mutants of barley-problems in breeding for protein content. *Breeding and Productivity of barley*. Kromeríž, 255-265, 1973.
17. Vega U., Frey K.J.: Transgressive segregation in inter and intraspecific crosses of barley. *Euphytica*, 29, 585-594, 1980.

H. J. Czembor, M. Kudła, M. M. Kudła

GENETIC STRUCTURE OF INITIAL MATERIALS FOR BREEDING
SPRING BARLEY WITH INCREASED PROTEIN CONTENT IN GRAIN

S u m m a r y

Twenty five genotypes of spring barley were tested in 1983-1985. The analysis of variance has proved a significant differentiation of objects with regard to all quantitative traits under study. The heritability in broad sense appeared to be high for number of grains per ear, lower for 1000 grain weight, grain yield and total protein content in grain and relatively lowest for plant height and number of ears per 1 m². The analysis of path coefficients has proved a strong indirect negative effect of the protein content, number of grains per ear, number of ears per 1 m² and 1000 grain weight on the grain yield. The BKH-29N/80, BKH-408N/81, BKH-407N/81, Hor-5309, BKH-390N/81 and Hor-5867 have been distinguished. They can be used as valuable genetic sources for increasing the protein content in grain of fodder varieties.

Г.Я. Чембор, М. Кудла, М.М. Кудла

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ИСХОДНЫХ МАТЕРИАЛОВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ
ЯРОВОГО ЯЧМЕИИА НА ПОВЫШЕННОЕ СОДЕРЖАНИЕ БЕЛКА В ЗЕРНЕ

Р е з ю м е

В 1983-1985 гг. исследовали 25 генотипов ярового ячменя. Дисперсионный анализ показал существенную дифференциацию объектов по всем испытываемым количественным признакам. Наследуемость в широком смысле была высокой для числа зерен в колосе, ниже для веса 1000 зерен, урожая зерна и содержания общего белка, и относительно самой низкой для высоты растений и числа колосьев на 1м^2 . На основе анализа тропиочных коэффициентов / path coefficients / установлено высокосущественное непосредственно отрицательное влияние содержания белка, числа зерен в колосе, числа колосьев на 1м^2 и веса 1000 зерен на продуктивность зерна. Были выделены генотипы ВКН-29N/80, ВКН-426N/81, ВКН-408N/81, ВКН-407 N/81, Ног-5309, ВКН-390N/81 и Ног-5867, которые могут служить ценными источниками для повышения содержания белка в зерне кормовых сортов.