

ÚSTAV ZEMĚDĚLSKÝCH A POTRAVINÁŘSKÝCH
INFORMACÍ

GENETIKA A ŠLECHTĚNÍ
GENETICS AND PLANT BREEDING

1

ČASOPIS 29 (LXVI)

SRPEN 1993

ISSN 0036-5378

ČESKÁ AKADEMIE ZEMĚDĚLSKÝCH VĚD
SLOVENSKÁ AKADÉMIA PŮDOHOSPODÁRKYCH VIED

GENETIKA A ŠLECHTĚNÍ

GENETICS AND PLANT BREEDING

REDAKČNÍ RADA – EDITORIAL BOARD

Předseda – Head of the Editorial Board

Ing. Martin Užík, CSc.

Členové redakční rady – Members of the Editorial Board

doc. ing. Jiří F o l t ý n, DrSc.

prof. ing. Oldřich C h l o u p e k, DrSc.

ing. Alois J i r s á k, CSc.

ing. Josef P e š e k, DrSc.

ing. Marie R a s o c h o v á, CSc.

prof. ing. Jan R o d, DrSc.

ing. Václav Š í p, CSc.

ing. Jaroslav Š p u n a r, CSc.

RNDr. Dana Š u b o v á, CSc.

ing. Jaroslav T u p ý, DrSc.

ing. Alžběta Ž o f a j o v á, CSc.

Vedoucí redaktorka – Editor-in-chief

RNDr. Marcela B r a u n o v á

© Institute of Agricultural and Food Information, Prague 1993

PERFORMANCE TRIALS WITH SPRING WHEAT LINES ISOGENIC FOR THE DWARFING GENES

Václav ŠÍP and Miroslav ŠKORPÍK

Research Institute for Crop Production, 161 06 Praha-Ruzyně, Czech Republic

Near-isogenic lines for the reduced height (*Rht*) genes in the genetic backgrounds of the spring wheat varieties Nainari 60, from Mexico, and Maringá, from Brazil, (obtained from CIMMYT, Mexico) were evaluated for plant height, days to heading and yield, and grain quality characters for two years at the Prague - Ruzyně location. The genes *Rht8*, *Rht1* or *Rht2*, *Rht1 Rht2*, *Rht3* and *Rht12* caused plant height reductions of 4 %, 16 %, 41 %, 53 % and 65 %, respectively. Date of heading did not prove to be affected by the presence of the *Rht* genes. As to grain yield, no *Rht* line showed a significant positive difference from the respective tall, *rht*, line, but the Maringá single and double dwarfs with *Rht1* and *Rht2* were higher yielding than the *Rht8* line (significantly in 1991 trials). Lower grain yields, particularly in the Nainari 60 set, were obtained in the very short *Rht3* lines. When compared with the tall ones (*rht*), the *Rht* lines had more ears but a similar number of grains per ear. The reduction of thousand grain weight was consistent only for the *Rht1 Rht2* and the *Rht3* lines. The effect of *Rht* genes on SDS sedimentation volumes was not evident. The *Rht1*, the *Rht2* and the *Rht1 Rht2* lines mostly showed reduction of about 1 % protein but the protein content was not lower in lines with *Rht3* and *Rht12*.

Triticum aestivum L.; spring wheat; near-isogenic lines; reduced height genes; effects on yield and grain quality

The Norin 10 dwarfing genes (*Rht1* and *Rht2*) have been widely exploited in wheat breeding. A higher yielding ability of genotypes carrying these genes is only partly due to the effect on straw length and the prevention of lodging. The results from the analyses of random lines and isogenic lines suggest that *Rht1* and *Rht2* are associated with increased grain fertility which counteracts the negative effects on grain size observed with all *Rht* genes (Gale and Yousefian, 1985). Such pleiotropic effects on yield and yield components have been clearly demonstrated in winter wheat, in spring wheat, but the effects need not be similar.

A depression of protein levels has been observed as a pleiotropic effect of *Rht2* (and *Rht8*) in winter wheats and *Rht1* in spring durum wheats but in cases where

grain yields are increased, total protein yields need not be affected (Gale, 1979). Allain and Pritchett (1980) showed that *Rht1* and *Rht2* cause a reduction in test weight as a consequence of reduced grain size. Other aspects of breadmaking quality, such as milling characteristics, sodium dodecyl sulphate (SDS) sedimentation values and loaf volumes are found to be unaffected by the severest of the gibberellic acid (GA) insensitive genes, *Rht3* (Flintham, Gale, 1983).

Reduced coleoptile length is usually considered to be an unfavourable character which is associated with reduced seedling emergence and subsequent poor stand establishment. As for the plant height, the background genotype can modify the adverse effects of the *Rht* alleles on coleoptile length and final stand establishment (Allain, 1980).

Unlike the genes *Rht1* and *Rht2* (located on chromosomes 4A and 4D, respectively), which are readily detected by their insensitivity to GA, the responsive Akakomugi gene *Rht8* (on chromosome 2D) is difficult to be followed in any breeding programme. It is known however that this gene has spread into many South European wheats (Worland, 1986) and it is very likely to occur also in the other European regions. Yield increases in leading tillers caused by *Rht8* provide a possible reason for the success of this dwarfing gene in commercial varieties (Gale and Yousefian, 1985).

The Tom Thumb dwarfing gene *Rht3* (on chromosome 4A, GA insensitive) did not confer any clear yield advantage over comparable tall but at increasing *Rht3* plant height to an agriculturally acceptable level this gene could be incorporated usefully in future wheat varieties, particularly when pre-harvest sprouting tolerance is a major breeding objective (Flintham and Gale, 1983).

The GA sensitive dwarfing gene *Rht12* in the mutant winter wheat Karcagi 522, located on chromosome 5A (Sutka and Kovacs, 1987), causes the highest plant height reduction of all the examined genes. According to the early investigations reported by Viglasi (1968), the short-straw mutants were better than controls regarding the number of tillers and ear length.

The examined near-isogenic lines with *Rht* genes in the genetic backgrounds of the spring wheat varieties Nainari 60 and Maringá represent the genotypes which are adapted to low latitude climates. The goal of our experiments was to assess the effects of dwarfing genes on yield and grain quality components under diverse conditions of Central Europe.

MATERIALS and METHODS

Near-isogenic lines carrying *Rht* genes in the spring wheat varieties Maringá (MG), from Brazil, (*Rht1*, *Rht2*, *Rht1 Rht2*, *Rht3*, *Rht8*, *Rht12* and *rht*) and Nainari 60 (NN), from Mexico, (*Rht1*, *Rht2*, *Rht3* and *rht*) were obtained from CIMMYT,

Mexico, by courtesy of Dr. S. Rajaram. All the Rht lines were morphologically (except height) very near to the recurrent parents. Breeding history of the lines was described by H o o g e n d o o r n et al. (1988). Taller plants that rarely occurred in the short lines were not included in the evaluation of yield components and grain quality characters.

The Rht lines together with tall, rht, lines and the check varieties Jara and Sandra of Czechoslovakian origin were grown in 1990 at the Prague-Ruzyně location (latitude 49°N, appr.) on plots of 2.5 m² with five replications (sowing rate: 250 grains/m²). The 1991 trials were established at the same location with six replications and the plot size of 12.5 m² (sowing rate: 400 grains/m²).

Subnormal atmospheric precipitation was characteristic of the year 1990, which enabled early sowing (February, 20) and heading of plants (the checks: June, 5-6). The stands were thinner but the yield level of the check varieties was not lower than in the following year. In 1991 the sowing date was later (March, 21) and the vegetation was delayed (heading date of the checks: June, 19-20). The conditions of early spring favoured good tillering and higher stand density.

In both years the heading date (the estimate of 50 % of emerged ears on a plot) and plant height (cm) were determined during vegetation. A random sample of 100 ears was taken before harvest to evaluate the average grain weight per ear (g), number of grains per ear, thousand grain weight (g) and in 1991 also the harvest index (%). Grain yield of the whole plot is given in t/ha.

Sodium dodecyl sulphate (SDS) sedimentation volume (ml) was determined from the harvested seed using the method modified by H ý ž a (1986). KJELTEC Auto System II of Tecator was employed for the determination of crude protein content according to Kjeldahl (% of grain dry matter).

RESULTS

The effects of the dwarfing genes on days to heading, plant height, yield characters and grain quality parameters are given in Tab. I (for 1990) and II (for 1991).

In weather conditions of 1991 the average plant height was by ca. 10 cm lower than in 1990. Plant height of Rht lines was particularly low in the 1991 set of the Nainari 60 variety, which is shorter than Maringá but as tall (rht line) as the modern Czechoslovak variety Sandra. The respective plant height reductions for Rht8, Rht1 or Rht2, Rht1 Rht2, Rht3 and Rht12 were 4 %, 16 %, 41 %, 53 % and 65 %. The effects of *Rht1* and *Rht2* genes can be considered as similar, which is in accordance with the conclusions drawn by G a l e and Y o u s s e f i a n (1985). The background genotype (MG or NN) does not make any difference either.

The NN rht line was earlier in heading approx. by 5-6 days) than the MG line. The presence of *Rht* genes did not seem to affect the date of heading.

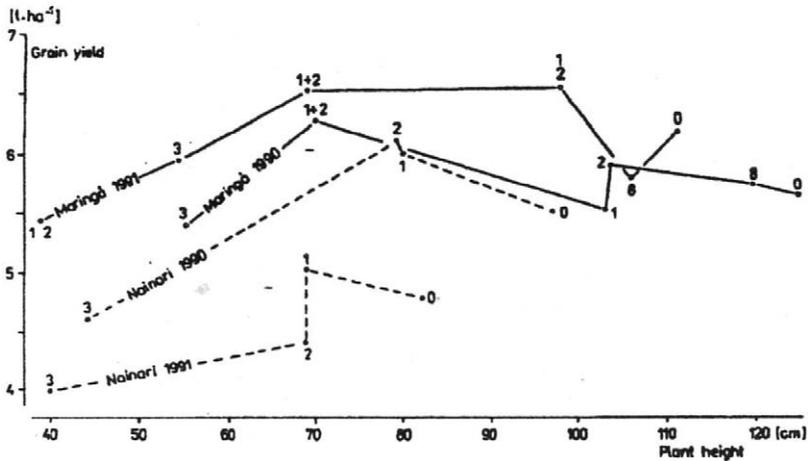
Performance trials in 1990 on smaller plots and with the lower sowing rate (less seed available) showed a higher residual variability in grain yield and consequently the differences between the near-isogenic lines were mostly statistically insignificant, except the NN Rht3 line, which yielded less than NN lines with Rht1 and Rht2. In this experiment, the overall grain yield of MG and NN lines (5.68 t/ha) was 25 % lower than that of the top yielding Czechoslovak spring wheat varieties Jara and Sandra (7.62 t/ha). On 1991 plots of 12.5 m², the shorter NN lines had lower yields than the MG lines and within the NN set the lines with Rht3 and Rht2 yielded less than those with Rht1 and rht. The lowest yield in the MG set was obtained in the Rht12 line (not different from the lines MG Rht3 and MG Rht8 only). The line Mg Rht8 had the lower grain yield than the lines with Rht1, Rht2 and Rht1 Rht2. The yields of these three lines were not different from the yield of the check variety Jara, commonly grown in Czechoslovakia.

I. Plant height, days to heading and yield, and grain quality characters of tall and dwarf near-isogenic lines and the check varieties (Jara and Sandra) in 1990

| Genotype | Days to heading | Plant height [cm] | No. grains per ear | 1,000 grain weight [g] | Grain weight per ear [g] | Grain yield ^x [g·ha ⁻¹] | SDS-sedimentation volume [ml] | Protein [%] | Protein per grain [mg] | Protein yield [t·ha ⁻¹] |
|-------------------|-----------------|-------------------|--------------------|------------------------|--------------------------|--|-------------------------------|-------------|------------------------|-------------------------------------|
| Maringá | | | | | | | | | | |
| Rht1 | 102 | 103 | 45 | 37.4 | 1.68 | 5.52 | 54 | 13.1 | 4.90 | 0.723 |
| Rht2 | 101 | 104 | 45 | 38.4 | 1.73 | 5.92 | 56 | 13.7 | 5.26 | 0.811 |
| Rht1 Rht2 | 103 | 70 | 47 | 34.6 | 1.69 | 6.29 | 58 | 13.7 | 4.74 | 0.862 |
| Rht3 | 102 | 55 | 42 | 32.4 | 1.36 | 5.40 | 64 | 14.4 | 4.67 | 0.778 |
| Rht8 | 101 | 120 | 35 | 40.2 | 1.41 | 5.74 | 54 | 15.0 | 6.03 | 0.861 |
| rht | 102 | 125 | 42 | 41.8 | 1.75 | 5.70 | 59 | 14.3 | 5.98 | 0.815 |
| Nainari 60 | | | | | | | | | | |
| Rht1 | 95 | 80 | 31 | 46.8 | 1.45 | 6.03 | 55 | 14.2 | 6.65 | 0.856 |
| Rht2 | 95 | 79 | 35 | 49.4 | 1.73 | 6.12 | 58 | 14.3 | 7.06 | 0.875 |
| Rht3 | 97 | 44 | 32 | 41.6 | 1.33 | 4.60 | 62 | 15.1 | 6.28 | 0.695 |
| rht | 96 | 97 | 38 | 52.6 | 2.00 | 5.52 | 59 | 15.3 | 8.05 | 0.845 |
| Jara | 103 | 110 | 36 | 39.4 | 1.42 | 7.79 | 57 | 14.9 | 5.87 | 1.161 |
| Sandra | 103 | 95 | 36 | 34.6 | 1.25 | 7.45 | 73 | 13.6 | 4.71 | 1.013 |

^xLSD 5% = 1.22

Fig. 1 shows that higher grain yields were reached in the plant height range from 70 to 100 cm. It is clear that the introduction of *Rht* genes resulted in a wide plant height range. (39 - 125 cm; C.V. = 32 %) while the fluctuation in yield was relatively lower (C.V. = 13 %), particularly within the sets of *Rht* lines.



1. Grain yields of Maridná Rh1, 2, 1+2, 8, 12 and rht (0) lines and Nainari 60 Rht1, 2, 3 and rht (0) lines in relation to plant height in two year experiments

A higher grain weight per ear was obtained in both sets in 1990, when the stands were thinner than in 1991. The dwarf, *Rht*, lines had more ears/m² (372) and grains/m² (14.5 x 10³) in comparison with the tall, *rht*, lines (300 and 12.1 x 10³). Similar results were reached in the following year at a relatively lower grain weight per ear and higher ear number per area (*Rht* lines: 655 ears/m² and 13.3 x 10³ grains/m²; *rht* lines: 528 ears/m² and 12.9 x 10³ grains/m²). But these experiments with spring wheats, did not demonstrate the positive effect of the *Rht* genes on grain number per ear.

The reduction of thousand grain weight proportional to the shortening of stem length occurred in 1990, but in 1991 the NN lines with *Rht*1 and *Rht*2 reached the higher grain weight than the *rht* line and, surprisingly, the shortest MG *Rht*12 line (39 cm) exceeded the tall, *rht*, line (111 cm) in grain weight. In both years the grain weight was reduced in the *Rht*1 *Rht*2 and the *Rht*3 dwarfs.

The harvest indexes were relatively higher in the MG set, in which the short lines carrying *Rht*3, *Rht*12 and *Rht*1 *Rht*2 had the higher harvest index than the *rht* and the *Rht*8 lines (also slightly higher than the lines with *Rht*1 and *Rht*2). In the

lower yielding NN set, however, the harvest index of Rht3 line was not higher. H o o g e n d o o r n et al. (1988) found the harvest indexes of short genotypes (Rht1 Rht2 and Rht3) to be lower in lower yielding environments.

II. Plant height, days to heading and yield, and grain quality characters of tall and dwarf near-isogenic lines and the check varieties (Jara and Sandra) in 1991

| Genotype | Days to headin | Plant height [cm] | No. grains per ear | 1,000 grain weight [g] | Grain weight per ear [g] | Harvest index [%] | Grain yield ^x [g.ha ⁻¹] | SDS sedimentation volume [ml] | Protein [%] | Protein per grain [mg] | Protein yield [t.ha ⁻¹] |
|-------------------|----------------|-------------------|--------------------|------------------------|--------------------------|-------------------|--|-------------------------------|-------------|------------------------|-------------------------------------|
| Maringá | | | | | | | | | | | |
| Rht1 | 90 | 98 | 27 | 41.4 | 1.13 | 46.7 | 6.56 | 69 | 15.1 | 6.26 | 0.991 |
| Rht2 | 91 | 98 | 23 | 40.7 | 0.94 | 46.3 | 6.50 | 69 | 15.6 | 6.33 | 1.011 |
| Rht1 Rht3 | 93 | 69 | 24 | 35.1 | 0.85 | 48.8 | 6.55 | 69 | 15.2 | 5.34 | 0.996 |
| Rht3 | 92 | 54 | 25 | 38.8 | 1.01 | 50.4 | 5.96 | 71 | 15.9 | 6.16 | 0.947 |
| Rht8 | 92 | 106 | 25 | 40.6 | 1.00 | 43.7 | 5.82 | 65 | 15.6 | 6.33 | 0.908 |
| Rht12 | 92 | 39 | 23 | 43.5 | 0.98 | 48.5 | 5.43 | 67 | 17.7 | 7.68 | 0.959 |
| rht | 93 | 111 | 28 | 41.8 | 1.17 | 42.5 | 6.21 | 70 | 16.3 | 6.81 | 1.012 |
| Nainari 60 | | | | | | | | | | | |
| Rht1 | 89 | 69 | 14 | 47.8 | 0.65 | 40.2 | 4.89 | 60 | 16.9 | 8.06 | 0.825 |
| Rht2 | 88 | 69 | 13 | 47.6 | 0.64 | 37.0 | 4.39 | 63 | 17.3 | 8.23 | 0.759 |
| Rht3 | 89 | 40 | 12 | 40.8 | 0.58 | 39.8 | 3.98 | 60 | 17.2 | 7.01 | 0.684 |
| rht | 88 | 82 | 21 | 43.2 | 0.91 | 40.4 | 4.78 | 62 | 16.9 | 7.31 | 0.809 |
| Jara | 90 | 95 | 39 | 39.1 | 1.53 | 47.0 | 7.02 | 45 | 15.3 | 5.97 | 1.0172 |
| Sandra | 91 | 85 | 32 | 38.6 | 1.23 | 52.3 | 7.21 | 66 | 13.9 | 5.37 | 1.002 |

^xLSD 5% = 0.623

The effect of *Rht* genes on SDS sedimentation volumes was not evident. In protein content there is a difference between the experimental years (higher in 1991). Reductions of about 1 % protein were found in the Rht1, the Rht2 and the MG Rht1 Rht2 genotypes with the exception of the 1991 NN set, in which the Norin 10 semi-dwarfs had the same, or higher, protein content than the rht line and they reached the highest protein weight per grain. No evident reductions of protein content were found in the Rht3 lines. Per grain and area lower protein weights of these lines, in comparison with rht lines were due to a decreased thousand grain

weight and grain yield. An exceptionally high protein percentage at a high grain weight was characteristic of the MG Rht12 line, which gave the highest protein weight per grain in the 1991 MG set.

DISCUSSION

Although both sets of near-isogenic lines were lower yielding than the Czechoslovak varieties Jara and Sandra, the specific conditions of 1991 favoured the high performance of Maringá single and double dwarfs carrying the Norin 10 genes, *Rht1* and *Rht2*. The yield level of these lines was not different from that of Jara variety while the *rht* line yielded significantly less than Jara. The shorter Nainari 60 set of lines, which also included the Norin 10 semi-dwarfs, was however very low-yielding in 1991. This may be due to the highly reduced plant height and lower biomass production in a relatively shorter vegetation period (biomass of *Rht1* and *Rht2* NN lines was ca. 2 t/ha less than that of the MG lines). Hoogendoorn et al. (1988) suggested that in order to realize the full potential yield advantage of the semi-dwarfs, conditions conducive to high biomass production are required.

Recently Börner (1991) documented in Central Europe positive effects of *Rht1*, *Rht2*, *Rht3*, *Rht1+2* and *Rht2+3* genes on grains/ear in the winter wheat near-isogenic lines from the Cambridge Laboratory. In this material Kerécsz et al. (1991) did not find a clear advantage of *Rht1* and *Rht2* alleles in Hungary because the high reduction of grain weight was only partly compensated by an increase in grain number per ear and tiller number per square meter. In the examined spring wheat lines the pleiotropic effects of GA insensitive *Rht* genes on grain number per ear have not been observed. Similarly like in the trials conducted by Hoogendoorn et al. (1988), the dwarf lines exceeded the tall in ear numbers per unit area.

The use of double dwarf spring wheat genotypes appears to be promising also in Central European breeding programmes. High yields in both years were reached in the short (70 cm) Maringá line carrying two dwarfing genes, *Rht1* and *Rht2*. In the experiments reported by Hoogendoorn et al. (1988) this line yielded more than the tall line, and was as yielding as, or higher yielding than the lines with a single dwarfing gene. In Australia Fischer and Quail (1990) obtained the highest yields in the *Rht1 Rht2* genotypes. These results, however, differ from those mentioned by Allan (1984), who found that *Rht1 Rht2* genotypes had no advantage over the single dwarf lines, and those cited by Pithus and Levy (1984), who found the two-gene dwarfs to be inferior to tall in spring wheat. In comparison with single gene (*Rht1* or *Rht2*) lines, the Maringá *Rht1 Rht2* line showed a reduced thousand grain weight and in 1991

a very low grain weight per ear, which implies that the higher tillering capacity was the main advantage of this double dwarf line.

Very short genotypes obtained after the introduction of *Rht3* gene do not represent an adapted breeding material, but under the most favourable growing conditions and with relatively taller plants, this material may reach grain yields as high as the tall lines. It was interesting that in the short, *Rht3*, plants no evident reduction of protein content was found in comparison with the tall, *rht*, lines. In the materials of *Flintham* and *Gale* (1983), the *Rht3* gene reduced grain protein content by up to 0.8 %.

III. Grain weight and quality characters of the Maringá *rht* line and the short near-isogenic lines in 1992

| Genotype | 1,000 grain weight [g] | Protein [%] | Protein per grain [mg] | SDS sedimentation volume [ml] |
|------------|------------------------|-------------|------------------------|-------------------------------|
| Rht1 Rht2 | 27.4 | 13.5 | 3.70 | 47 |
| Rht3 | 27.0 | 14.3 | 3.86 | 52 |
| Rht12 | 30.2 | 15.3 | 4.62 | 45 |
| <i>rht</i> | 34.4 | 13.9 | 4.78 | 48 |

Surprising results concerning grain weight and protein content were obtained for the *Rht12* line. Also in 1992 (Table III) the 1000 grain weight of this shortest line was higher than in the lines with *Rht3* and *Rht12Rht2*. Of the examined lines, the *Rht12* had the highest protein content.

The GA sensitive *Rht8* gene caused the lowest plant height reduction and the grain yield of *MG Rht8* line, though not significantly different from *rht* line, was lower in 1991 than in the lines carrying *Norin 10* genes. *Hogendorn et al.* (1988) found no direct effects of *Rht8* chromosome substitution on yield in any environment.

Acknowledgements

The authors would like to thank Mrs. E. K o s t k a ' n o v á , Research Institute for Crop Production, Prague-Ruzyně, for the determination of protein content in the examined materials.

References

ALLAN, R. E.: Influence of semi-dwarfism and genetic background on stand establishment of wheat. *Crop Sci.*, 20, 1980 : 634-638.

- ALLAN, R. E.: Yield performances of lines isogenic for semi-dwarf gene doses in several wheat populations. In: Proc. 6th Int. Wheat Genet. Symp., Kyoto, Japan, 1984 : 265-270.
- ALLAN, R. E. - PRITCHETT, J. A.: Registration of 16 lines of club wheat germplasm. *Crop Sci.*, 20, 1980 : 832-833.
- BÖRNER, A.: Genetics of reduced height (dwarfism) in cereals and its significance in breeding. *Votr. Pfl.-Züchtg.*, 20, 1991 : 79-84.
- FISCHER, R. A. - QUAIL, K. J.: The effect of major dwarfing genes on yield potential in spring wheats. *Euphytica*, 46, 1990 : 51-56.
- Flintham, J. E. - Gale, M. D.: The Tom Thumb dwarfing gene *Rht3* in wheat. 2. Effects on height, yield and grain quality. *Theor. Appl. Genet.*, 66, 1983 : 249-256.
- GALE, M. D.: The effects of the Norin 10 dwarfing genes on yield in wheat. In: Proc. 5th Int. Wheat Genet. Symp., February 1978, New Delhi, India, 1979 : 978-987.
- GALE, M. D. - YOUSSEFIAN, S.: Dwarfing genes in wheat. In: RUSSELL, G. E. (Ed.): *Progress in plant breeding*. London, Butterworths 1985 : 1-35.
- HOOGENDOORN, J. - PFEIFFER, W. H. - RAJARAM, S. - GALE, M. D.: Adaptive aspects of dwarfing genes in CIMMYT germplasm. In: Proc. 7th Int. Wheat Genet. Symp., Cambridge, England, 1988 : 1093-1100.
- HÝŽA, V.: Mikrosedimentační metoda na hodnocení šlechtitelského materiálu pšenice. *Genet. a Šlecht.*, 22, 1986 : 117-122.
- KERTÉSZ, Z. - FLINTHAM, J. E. - GALE, M. D.: Effects of *Rht* dwarfing genes on wheat grain yields and its components under Eastern European conditions. *Cer. Res. Com.*, 19, 1991 : 297-304.
- PINTHUS, M. J. - LEVY, A. A.: Genotypic effects of height on grain yield of *Triticum aestivum* L. spring wheat. *Z. Pfl.-Züchtg.*, 93, 1984 : 49-55.
- SUTKA, J. - KOVÁCS, G.: Chromosomal location of dwarfing gene *Rht12* in wheat. *Euphytica*, 36, 1987 : 521-523.
- VIGLÁSI, P.: Short strawed mutants of Karcagi 522 winter wheat induced by gamma rays. *Acta Agron. Hung.*, 17, 1968 : 205-214.
- WORLAND, A. J.: Gibberellic acid insensitive dwarfing genes in Southern European wheats. *Euphytica*, 35, 1986 : 857-866.

Received for publication November 5, 1992

V. Šíp, M. Škorpík (Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha-Ruzyně)

Hodnocení blízce izogenních linií pšenice jarní s geny krátkostébelnosti

Blízce izogenní linie s geny krátkostébelnosti (*Rht*) v odrůdách pšenice jarní Maringá (MG - *Rht1*, *Rht2*, *Rht1 Rht2*, *Rht3*, *Rht8*, *Rht12* a *rht*) a Nainari 60 (NN - *Rht1*, *Rht2*, *Rht3* a *rht*) byly získány ze CIMMYT, Mexiko. Ve dvouletých pokusech na stanovišti Praha-Ruzyně byly sledovány znaky: výšky rostliny, doba metání, výnos zrna a jeho složky, SDS sedimentační objem a obsah bílkovin (tab. I a II).

Nejnižší redukci výšky rostlin, zjišťovanou vzhledem k vysokým rht liniím, působil gen *Rht8* (4 %), zatímco geny *Rht1* či *Rht2* 16 %, *Rht1 Rht2* 41 %, *Rht3* 53 % a *Rht12* dokonce 65 %. Obr. 1 ukazuje, že vyšší výnos zrna byl dosažen při výšce rostlin v rozmezí od 70 do 100 cm. Žádná z Rht linií nevykázala ve výnosu zrna významnou pozitivní diferenci proti rht liniím, avšak linie MG *Rht1*, *Rht2* a *Rht1 Rht2* byly v roce 1991 výnosnější než linie *Rht8*. Nižší výnosy zrna, zvláště v sérii NN, měly linie s genem *Rht3*. V porovnání s vysokými rht liniemi vykazovaly linie s geny krátkostébelnosti vyšší počet klasů na plochu a přibližně stejný počet zrn na klas. Redukce hmotnosti 1000 zrn byla konzistentní pro linie *Rht1 Rht2* a *Rht3*. U nejkratší linie MG *Rht12*, s nejnižším výnosem zrna v této sérii, byla zjištěna nižší redukce hmotnosti 1000 zrn (tab. III) než u delších Rht linií. Efekt *Rht* genů na ukazatel jakosti zrna, SDS sedimentační objem a na dobu metání nebyl evidentní. Linie s geny *Rht1*, *Rht2* a *Rht1 Rht2* vykazovaly většinou 1% redukci obsahu bílkovin. Obsah bílkovin však nebyl nižší u linií s geny *Rht3* a *Rht12*.

Triticum aestivum L.; pšenice jarní; blízce izogenní linie; geny krátkostébelnosti; účinky genů na výnos a jakost zrna

HORDEIN PROTEIN ELECTROPHORESIS IDENTIFICATION OF TWO-ROWED WINTER BARLEYS FROM TWO-ROWED SPRING BARLEYS AND MULTI-ROWED WINTER BARLEYS

Jiří ČERNÝ, Antonín ŠAŠEK¹, Jaroslav ŠPUNAR²

University of Agriculture, 165 21 Praha-Suchbátov;

¹*Research Institute for Crop Production, 161 06 Praha-Ružyně;*

²*Research and Breeding Institute of Cereal Crops, 767 01 Kroměříž, Czech Republic*

A set of 31 varieties, new breedings of two-rowed winter barleys was analyzed by means of starch-gel hordein electrophoresis. The determined hordein composition of these two-rowed winter barleys was compared with electrophoretic hordein composition of 35 genotypes (varieties, new breedings) of two-rowed spring barley. Except the Alraune variety, hordein line A of the Panda variety and hordein line A of the new breeding KM 1490, the evaluated sets of two-rowed winter barleys can be identified rapidly and objectively by hordein electrophoresis from two-rowed spring barleys. Significant genetic affinity of two-rowed winter and multi-rowed winter barleys was demonstrated by their electrophoretic hordein composition.

common barley; two-rowed winter barley; two-rowed spring barley; multi-rowed winter barley; electrophoresis; hordeins; hordein polymorphism; hordein spectrum identity

At present the variety spectrum of common barley begins to be enlarged with two-rowed winter barleys of fodder and food type. The existence of two-rowed winter barley of fodder type underlies other difficulties related to identification of seed lots and merchantable brewing spring varieties and fodder winter varieties of common barley. The current morphological criteria for identification of multi-rowed winter and two-rowed spring barleys using caryopsis and basal brush symmetry are not reliable enough.

Identification of two-rowed malting spring varieties from recently introduced varieties of two-rowed fodder winter barleys is difficult to implement in a seed sample by the use of morphological criteria. Hordein protein electrophoresis of barley grains is a more reliable method of identification of the different varieties of two-rowed and multi-rowed spring and winter barleys. Catalogues of hordein electrophoretic spectra of two-rowed spring barleys (Š a š e k et al., 1990a) and multi-rowed winter barleys (Š a š e k et al., 1990b) were already prepared and

published to be used for rapid determination of variety identity and purity from a seed sample by means of hordein electrophoresis. An electrophoretic analysis of 31 varieties, and/or new breedings, of two-rowed winter barley complements these catalogues, and facilitates to evaluate possibilities of hordein electrophoresis differentiation of the different varieties of two-rowed winter and spring barleys, and/or also of multi-rowed winter barleys.

MATERIAL and METHODS

A set of analyzed two-rowed winter barleys comprised 23 foreign varieties and eight new breedings, mostly of Czechoslovak origin. Table I shows the characteristics of evaluated varieties and new breedings. Seed samples for analyses were provided by the Research and Breeding Institute of Cereal Crops at Kroměříž. Twenty-five grains which were individually electrophoretically evaluated for hordein composition were taken from bulk samples of 100 g for electrophoretic analyses.

Hordein electrophoretic analysis was performed as a partly modified procedure of vertical electrophoresis in starch-gel columns with Al-lactate buffer at pH 3.1 with two moles of urea per 1 litre buffer (S o z i n o v , P o p e r e l j a , 1978; Š a š e k , Č e r n ý , 1983; P o m o r c e v e t a l . , 1985).

I. Characteristics of evaluated varieties and new breedings of two-rowed winter barleys

| No. | Designation of new breeding, variety | Parental components and brief characteristics of new breeding variety |
|-----|--------------------------------------|---|
| 1. | KM 948 | Co 80201 x Dorad Medium early, harvest two days later than in Danilo. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Danilo. Resistance: medium to mildew, medium to rust, resistant to <i>Rhynchosporium</i> . Growing season 281 days. Very good grain yields |
| 2. | KM 1779 | KM 61 x Marinka Harvest two days later than in Marinka, Marinka heading level. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Marinka. Resistance: medium to mildew, medium to rust, resistant to <i>Rhynchosporium</i> , intermediate to <i>Helminthosporium</i> . Growing season 302 days. Very good grain yields |
| 3. | KM 1490 | Alraune x Clara Later, Marinka heading level. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Marinka. Resistance: medium to mildew, medium to rust, resistant to <i>Rhynchosporium</i> , intermediate to <i>Helminthosporium</i> . Growing season 301 days. Very good grain yields |

Table I cont,

| No. | Designation of new breeding, variety | Parental components and brief characteristics of new breeding variety |
|-----|--------------------------------------|---|
| 4. | KM 799 | V z Co 80201 (Natalie) Heading and harvest two days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Danilo, Marinka level. Resistance: medium to mildew, medium to rust. Good grain yields |
| 5. | KM 914 | Co 80201 x Pan Heading two days earlier than in Marinka, Marinka harvest level. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Danilo, Marinka level. Resistance: medium to mildew, medium to rust. Good yields |
| 6. | Marinka | (Alpha x SUP 674) x Malta (Cebeco) N Medium early, growing season 300 days. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Danilo. Resistance: high to mildew, medium to rust. Very good grain yields |
| 7. | Danilo | (Lochow - Petkus) FRG Medium early, growing season 280 days. Bad winterhardiness. Resistance: medium to mildew, medium to rust. Good grain yields |
| 8. | Barlena (HVW 12739) | (Gubcow) FRG (GDR) Medium early, resistant to lodging. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Danilo. Resistance: high to mildew, medium to rust. Medium-high grain yield, with a high proportion of large grain |
| 9. | Marlen | SE 1153-67 x Viva (Serasem) F Heading five days earlier, harvest four days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, Danilo level. Resistance: medium to low to mildew, medium to low to rust |
| 10. | Pastorale | Igri x Matador (Secobra) F Heading two days later than in Danilo, three days earlier than in Marinka. Bad winterhardiness, Danilo level. Resistance: low to mildew, medium to rust |
| 11. | Marianne | (Igri x Alfa) x A 4382 (Serasem) F Earlier, heading six days earlier than in Marinka, harvest five days earlier than in Marinka. Winterhardiness better than in Danilo, lower than in Marinka. Resistance: low to mildew, medium to rust |
| 12. | Flamenco | France Dea x Sonja (Secobra) F Heading five days earlier than in Marinka, ripening six days earlier than in Marinka. Winterhardiness better than in Danilo, worse than in Marinka. Resistance: lower to mildew, medium to rust |

Table I cont.

| No. | Designation of new breeding, variety | Parental components and brief characteristics of new breeding variety |
|-----|--------------------------------------|---|
| 13. | Petula (S 49 880) | (Serasem) F Heading eight days earlier than in Marinka, ripening five days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, better than in Danilo. Resistance: lower to mildew, medium to rust |
| 14. | Canette (S 49 439) | (Serasem) F Heading at Marinka level, ripening five days earlier. Winterhardiness worse than in Borwina, Marinka level. Resistance: lower to mildew, medium to rust |
| 15. | Tamara | (Cebecco) N Heading six days earlier, ripening nine days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, better than in Danilo. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 16. | Magie | AC 1911 x Alpha (Ackerman) FRG Heading three days earlier than in Marinka, maturity at Marinka level. Winterhardiness worse than in Marinka, better than in Danilo. Resistance: low to mildew, medium to rust |
| 17. | Clarine | Igri x Mogador (Secobra) F Heading three days earlier, maturity two days later than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, a little better than in Danilo. Resistance: lower to mildew, medium to rust |
| 18. | Trixi | (B 685 x 2437/16) x 472/3 (Ackerman) FRG Heading two days earlier, maturity five days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 19. | Arizona | (Breun) FRG Heading two days earlier, maturity six days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Borwina, Marinka level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 20. | Panda | Kary x Gerbel (Desprez) F Heading one day later, maturity six days later than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, better than in Danilo. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 21. | Baraka | (Serasem) F Heading six days earlier, maturity two days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Danilo. Resistance: medium to mildew, medium to rust |

Table I cont.

| No. | Designation of new breeding, variety | Parental components and brief characteristics of new breeding variety |
|-----|--------------------------------------|--|
| 22. | LM 868 | (INRA) F Heading four days later, maturity one day later than in Marinka. Winterhardiness at Marinka level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 23. | Monaco (15669 JHB) | (Secobra) F Medium early to later, growing season 302 days. Winterhardiness worse than in Borwina, better than in Marinka. Resistance: medium to mildew, medium to rust, medium to <i>Rhynchosporium</i> , medium to <i>Helminthosporium</i> . Very good grain yields |
| 24. | Mimosa | F Very bad winterhardiness, stand frost-killing in winter 1991/1992 |
| 25. | 3883 NH 1 | (Secobra) F Heading six days earlier, maturity five days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, Danilo level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 26. | 18 763 MHB | (Secobra) F Medium early, heading one day earlier than in Marinka, maturity at Marinka level. Very bad winterhardiness. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 27. | Mossar | (Secobra) F Heading six days earlier, maturity seven days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, Danilo level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 28. | Emeraude | (Momont Hennette) F Heading five days earlier, maturity four days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, Danilo level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 29. | Meluzine | (Alpha x Cyclon) x (Sonja x Maris Troja) (Secobra) F Heading one day later, maturity four days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Marinka, Danilo level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 30. | Pamir | (Bayer, Pflanzenzuchtges.) FRG Heading two days earlier, maturity nine days earlier than in Marinka. Winterhardiness worse than in Borwina, Marinka level. Resistance: medium to mildew, medium to rust |
| 31. | Alraune | (Saaten-Ring, Pfeuffer von Rumker) FRG Medium early, two days earlier than Marinka. Winterhardiness worse than in Borwina, worse than in Marinka, better than in Danilo. Resistance: medium to mildew, medium to rust |

The different hordein zones were characterized by their relative electrophoretic mobility (REM) and by intensity of their coloration. A gliadin zone with REM 55.00 was used as a reference zone. To manifest this gliadin zone, a mixture of one barley grain and one wheat grain, Mironovskaya 808 variety, was analyzed electrophoretically. The intensity of electrophoretic hordein zone coloration was evaluated subjectively by means of a five-point scale (1 – trace manifestation, 5 – maximum coloration intensity).

Hordein allelic blocks of zones were singled out from the electrophoretic hordein spectrum, and identified according to the published catalogue of allelic hordein blocks (Š a š e k et al., 1990a, b).

RESULTS and DISCUSSION

Table II shows the results of electrophoretic analysis of hordeins of the varieties and new breedings of two-rowed winter barleys. Allelic hordein blocks, determined by genes *HrdA*, *HrdB*, *HrdF*, were identified. No minority hordein components of C, D, E and G hordeins were determined in the evaluated set of two-rowed winter barleys, except the presence of D hordein in the Magie variety.

Of the total number of 31 evaluated varieties, and/or new breedings, of two-rowed winter barleys, 24 genotypes were homogeneous as to their hordein composition, they contain a single hordein line, that means they are varieties of pure-line type. Seven varieties and new breedings comprise two hordein different lines, and/or a higher number of hordein lines; they are hordein heterogeneous ones and represent varieties of population type.

Table II shows all singled out hordein lines of the analyzed varieties and new breedings. The varieties and new breedings determined as hordein heterogeneous contain one major and one minor line (Baraka, Panda, Trixi, 18763 MHB new breeding), one major and two minor lines (Barlena), or one major and three minor lines (KM 1490 new breeding). Extremely high heterogeneity of hordein composition was observed in the KM 948 new breeding, comprising two major lines and two minor lines, and also containing a significant proportion of heterozygotes in hordein genes. The Clarine and Monaco varieties also manifest rather high heterozygosity in hordein genes.

For identification of hordein heterogeneous varieties by means of hordein electrophoresis it is necessary to know not only standard electrophoretic hordein spectra, and/or from them singled out sets of allelic hordein blocks, but also the frequencies of the different hordein lines presence. In regard of the lower number of 25 analyzed grains, the determined frequencies of the presence of hordein lines of varieties – populations in two-rowed winter barleys must be taken as preliminary.

II. Sets of singled out allelic hordein blocks of evaluated varieties and new breedings of two-rowed winter barleys

| Number | Variety, new breeding | Line | Percentage | HRD allelic blocks | | | |
|--------|--------------------------|----------|------------|--------------------|-----|---|------|
| | | | | A | B | F | CDEG |
| 1 | Alraune | A | 100.0 | 21 | 25 | 1 | |
| 2 | Arizona | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 3 | Barlena | A | 85.8 | 21 | 3 | 2 | |
| 4 | | B | 7.1 | 21 | N1 | 1 | |
| 5 | | C | 7.1 | 23 | N1 | 1 | |
| 6 | Baraka | A | 93.3 | 2 | N3 | 1 | |
| 7 | | B | 6.7 | 3 | N1 | 1 | |
| 8 | Canette | A | 100.0 | 2 | N1 | 1 | |
| 9 | Clarine | A | 95.8 | 3 | N1 | 1 | |
| | | heteroz. | 4.2 | | | | |
| 10 | Danilo | A | 100.0 | 3 | 8 | 2 | |
| 11 | Emerando | A | 100.0 | 25 | N1 | 1 | |
| 12 | Flamenco | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 13 | KM 799 | A | 100.0 | 12 | 3 | 2 | |
| 14 | KM 914 | A | 100.0 | 12 | 3 | 2 | |
| 15 | KM 948 | A | 50.0 | 12 | 3 | 2 | |
| 16 | | B | 29.1 | 3 | N1 | 1 | |
| 17 | | C | 12.5 | 12 | N1 | 1 | |
| 18 | | D | 4.2 | 3 | 3 | 2 | |
| | | heteroz. | 4.2 | | | | |
| 19 | KM 1490 | A | 83.3 | 21 | 25 | 1 | |
| 20 | | B | 4.2 | 23 | N1 | 1 | |
| 21 | | C | 8.3 | 3 | N1 | 1 | |
| 22 | | D | 4.2 | 3 | 3 | 2 | |
| 23 | KM 1779 | A | 100.0 | 3 | 3 | 2 | |
| 24 | LM 868 | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 25 | Magie | A | 100.0 | 2 | 3 | 2 | (D) |
| 26 | Monaco | A | 92.3 | 3 | (8) | 2 | |
| 27 | Marianne | A | 100.0 | 12 | 19 | 1 | |
| | | heteroz. | 7.7 | | | | |

| Number | Variety, new breeding | Line | Percentage | HRD allelic blocks | | | |
|--------|--------------------------|------|------------|--------------------|----|---|------|
| | | | | A | B | F | CDEG |
| 28 | Marinka | A | 100.0 | 3 | 3 | 2 | |
| 29 | Marlen | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 30 | Meluzine | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 31 | Mimoza | A | 100.0 | 3 | 29 | 3 | |
| 32 | Mossar | A | 100.0 | 3 | 29 | 3 | |
| 33 | Pamir | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 34 | Panda | A | 90.9 | 2 | 17 | 3 | |
| 35 | | B | 9.1 | 23 | N1 | 1 | |
| 36 | Pastorale | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |
| 37 | Petula | A | 100.0 | 2 | N1 | 1 | |
| 38 | Tamara | A | 100.0 | 3 | 19 | 1 | |
| 39 | Trixi | A | 90.9 | 3 | N1 | 1 | |
| 40 | | B | 9.1 | 3 | 19 | 1 | |
| 41 | 18 763 MHB | A | 90.0 | 2 | N1 | 1 | |
| 42 | | B | 10.0 | 23 | N1 | 1 | |
| 43 | 3 883 UM1 | A | 100.0 | 3 | N1 | 1 | |

() = allelic hordein blocks modified in coloration intensity

Table III reviews a comparison of the manifested hordein allelic blocks in the evaluated set of two-rowed winter barleys with the hordein allelic blocks in two-rowed spring and multi-rowed winter barleys determined up to now (Š a š e k et al., 1990a, b).

Allelic blocks HRD - A-25 and HRD - B-29, which are not present in the registered assortment of two-rowed spring barley varieties, were identified in the analyzed set of two-rowed winter barleys. But the HRD - B-29 block was manifested in the hordein spectrum of the SK 2777-11 new breeding of two-rowed spring barley, that means in the Jubilant variety, and in the hordein lines of the new breedings SK 3062-5-85-B and SK 3062-5-85-C, as well as in the hordein line of the new breeding ST-158-B). Table IV shows the characteristics of HRD - A-25, a newly identified block.

The allelic hordein block HRD - B-N1, similar to the HRD - B-5 blocks, was already recorded and described (Š a š e k et al., 1990b).

III. A review of the determined HRD allelic blocks of two-rowed winter, two-rowed spring and multi-rowed winter barleys

| Hordein proteins | | | | | | | | |
|------------------|----|----|-------|----|----|-------|---|---|
| HRD-A | | | HRD-B | | | HRD-F | | |
| a | b | c | a | b | c | a | b | c |
| N1 | | | | N1 | N1 | 0 | | |
| N2 | | | N2 | | | 1 | 1 | 1 |
| 2 | 2 | 2 | | N3 | | 2 | 2 | 2 |
| | 3 | 3 | | 3 | 3 | 3 | 3 | |
| 4 | | | 7 | | | | | |
| 12 | 12 | | 8 | 8 | 8 | | | |
| | | 14 | 17* | | 11 | | | |
| 18 | | 18 | 17 | 17 | | | | |
| 21 | 21 | 21 | 19 | 19 | | | | |
| 23 | 23 | 23 | 21 | | 21 | | | |
| | 25 | | 25 | 25 | 25 | | | |
| 32 | | 32 | 25* | | | | | |
| | | | 29 | 29 | | | | |
| | | | 45 | | | | | |
| | | | 47 | | | | | |
| | | | 52 | | | | | |

1) Hordein minority components C, D, E, G are not presented

2) Electrophoretically evaluated in total:

a) two-rowed spring barleys – 35 varieties and new breedings (Š a š e k et al., 1990a)

b) two-rowed winter barleys – 31 varieties and new breedings

c) multi-rowed winter barleys – 34 varieties and new breedings (Š a š e k et al., 1990b)

A comparison of identity indexes of the standard hordein allelic blocks shown in Table V documents the almost identical genetic affinity of all three forms of common barley evaluated up to now electrophoretically, that means of two-rowed spring, two-rowed winter and multi-rowed winter barleys (Table V). It may be stated that so called B hordeins, and/or determinant genes, exhibit the lowest rate of identity and in this way they are more useful for the identification of the genotypes of all three mentioned morphological and developmental types of common barley.

IV. Characteristics of singled out allelic hordein blocks of evaluated varieties and new breedings of two-rowed winter barleys

| Hordein allelic block | Relative electrophoretic mobility (REM) and coloration intensity of the zones () |
|-----------------------|---|
| A-2 | 28.0(4) - 29.5(2-3) - 31.0(5) - 35.0(4) - 39.0(5) |
| A-3 | 23.5(4) - 27.0(2) - 30.0(4) - 31.0(5) - 34.0(1) - 36.0(0.5) - 37.5(5) - 42.0(5) |
| A-12 | 27.0(3) - 31.0(5) - 34.0(5) - 35.0(5) |
| A-21 | 25.0(2) - 27.0(3) - 30.0(4) - 31.0(5) - 34.5(5) - 36.0(1) - 39.5(2) |
| A-23 | 27.0(3) - 31.0(4) - 32.0(5) - 35.5(5) - 40.0(4) - 41.0(5) |
| A-25 | 23.5(2) - 27.5(2) - 30.5(5) - 31.5(5) - 34.0(1) - 37.0(5) - 40.0(5) - 42.5(5) |
| B-3 | 62.0(1) - 66.0(3) - 69.5(4) - 70.0(5) |
| B-8 | 62.0(1) - 66.0(3) - 69.5(4) - 70.0(5) - 85.0(3) |
| B-17 | 60.5(4) - 61.5(4) - 67.5(1) - 69.5(2) - 72.5(3) - 79.5(2) - 86.5(4) |
| B-19 | 58.0(2) - 62.0(5) - 66.5(3) - 67.5(2) - 71.5(2) - 75.0(2) |
| B-25 | 58.5(4) - 62.0(4) - 64.5(1) - 67.0(1) - 70.5(3) - 75.5(2) - 79.5(2) - 82.5(3) |
| B-29 | 60.5(4) - 61.5(4) - 68.0(3) - 74.0(3) - 83.0(3) - 86.0(2) |
| B-N1 | 62.0(2) - 63.5(3) - 67.5(2) - 69.0(4) - 71.0(1) - 73.5(2) - 74.5(2) - 78.5(2) |
| B-N3 | 60.5(5) - 63.0(1) - 66.0(1) - 68.0(2) - 73.5(3) - 77.0(1) - 82.0(2-3) |
| F-1 | 86.0(4) |
| F-2 | 88.0(4) |
| F-3 | 90.0(3-4) |
| D-1 | 41.0(2) |

V. Identity indexes of standard hordein allelic blocks of two-rowed winter, two-rowed spring and multi-rowed winter barleys

| HRD locus | Barley form | Identity indexes | |
|-----------|-------------------------|-------------------------|---------------------------|
| | | two-rowed spring barley | multi-rowed winter barley |
| HRD-A | two-rowed winter barley | 36.36 | 40.00 |
| | two-rowed spring barley | | 38.46 |
| HRD-B | two-rowed winter barley | 33.33 | 40.00 |
| | two-rowed spring barley | | 20.00 |
| HRD-F | two-rowed winter barley | 75.0 | 66.66 |
| | two-rowed spring barley | | 50.00 |

Specificity of electrophoretic spectra, and/or of singled out allelic hordein blocks, corresponding to the specificity of varieties and new breedings, underlies the reliable identification of the varieties and new breedings of two-rowed winterbarley by means of hordein electrophoresis, or by means of allelic hordein blocks.

VI. The classes of hordein electrophoretic spectra of varieties and new breedings and their hordein lines in two-rowed winter barleys

| HRD spectrum classes | Standard sets of allelic HRD blocks | | | | Varieties, new breedings, hordein lines of evaluated two-rowed winter barleys |
|----------------------|--|----|---|-----|--|
| | A | B | F | DEG | |
| I. | 2 | N1 | 1 | | Canette, Petula, 18763 MHB-A |
| II. | 3 | N1 | 1 | | Arizona, Baraka-B, Clarine, Flamenco, KM 948-B, KM 1490-C, LM 858, Marlen, Melusine, Pamir, Pastorale, Trixi-A, 3883 VM1 |
| III. | 3 | 8 | 2 | | Danilo, Monaco |
| IV. | 3 | 3 | 2 | | KM 948-D, KM 1490-D, KM 1779, Marinka |
| V. | 3 | 29 | 3 | | Mimosa, Mossar |
| VI. | 3 | 19 | 1 | | Tamara, Trixi-B |
| VII. | 12 | 3 | 2 | | KM 799, KM 914, KM 948-A |
| VIII. | 21 | 25 | 1 | | Alraune, KM 1490-A |
| IX. | 23 | N1 | 1 | | Barlena-C, KM 1490-B, Panda-B, 18763 MHB-B |
| X. | varieties, new breedings and their HRD lines with specific, unique HRD spectra | | | | Barlena-A, Barlena-B, Baraka-A, Emerande, KM 948-C, Magie, Marianne, Panda-A |

For the purposes of identification, the evaluated varieties and new breedings of two-rowed winter barleys, and/or their hordein lines, were arranged in the classes of hordein spectrum identity, illustrated by sets of hordein allelic blocks. Table VI shows these classes of hordein spectrum identity in two-rowed winter barleys. Identification of two-rowed fodder winter barleys and two-rowed malting spring barleys is obviously of highest importance. Table VII shows a comparison of the classes of hordein spectrum identity for these two groups of two-rowed barleys; it can be seen that it is possible to identify the evaluated two-rowed winter barleys by means of starch-gel hordein electrophoresis from the formerly evaluated set of

17 registered varieties of two-rowed malting spring barley (Š a š e k et al., 1990a) and from the set of the analyzed 18 new breedings of two-rowed malting spring barley. Only the Alraune variety and the hordein lines KM 1490-A, and/or Panda A, cannot be identified by their hordein electrophoretic spectra from the two-rowed spring varieties Jaspis and Orbit and from the new breeding SL-3081-8-85, and/or from the Malvaz variety and hordein lines of the two-rowed spring barley new breedings KM 974-A and KM-BR-G-1114-B.

VII. Inclusion of varieties, new breedings of two-rowed winter barleys and their hordein lines in the classes of hordein spectrum identity of two-rowed spring barleys

| Class of HRD spectra of two-rowed spring barley | | Sets of allelic HRD blocks | | | | Varieties, new breedings, hordein lines of evaluated two-rowed winter barleys |
|---|--------------|----------------------------|-----|---|----------|---|
| | | A | B | F | DEG | |
| II. | Bonus type | 2 | 25 | 1 | - | - |
| III. | Jaspis type | 21 | 25 | 1 | - | Alraune, KM 1490-A |
| V. | Krystal type | 32 | 21 | 0 | - | - |
| V. | Karat type | 2 | 47 | 1 | E | - |
| VI. | Perun type A | 2 | 47 | 1 | - | - |
| VII. | Fatran type | 12 | 21 | 1 | G | - |
| I. | Horal | 12 | 21 | 1 | - | - |
| | Jarek | 2 | 19 | 1 | - | - |
| | Kredit-A | 2 | 47 | 1 | E | - |
| | Kredit-B | 18 | 21 | 1 | - | - |
| | Malvaz | 2 | 17 | 3 | - | Panda-A |
| | KM 974-A | 2 | 17 | 3 | - | - |
| | KM-BR-G 1114 | 2 | 17* | 3 | - | - |
| | Profit-B | 2 | 25* | 1 | - | - |
| | Rubin-A | 4 | 45 | 3 | - | - |
| | Rubin-B | 12 | 45 | 3 | - | - |
| | Zenit-C | 2 | 47 | 1 | D, E., - | - |

Relations between the electrophoretic hordein spectra of two-rowed winter barleys and multi-rowed winter barleys are evaluated in Table VIII (Š a š e k et al., 1990b). The identical hordein spectra, determined in formerly analyzed multi-rowed winter barleys, were observed in 34 hordein genotypes (varieties, lines) in total from the 43 evaluated varieties, new breedings and their hordein lines of evaluated two-rowed winter barleys. The high percentage of identical hordein spectra of two-rowed and multi-rowed winter barleys, varieties and new breedings,

documents important genetic affinity of the mentioned two morphological types of winter barley in comparison with the varieties and new breedings of malting spring barleys.

VIII. Inclusion of varieties, new breedings of two-rowed winter barleys and their hordein lines in the classes of hordein spectrum identity in multi-rowed winter barleys

| Class of HRD spectra of multi-rowed winter barley | Sets of allelic HRD blocks | | | | | Varieties, new breedings, hordein lines of evaluated two-rowed winter barleys |
|---|----------------------------|----|---|---|-----|--|
| | A | B | F | C | G | |
| I. Borwina | 14 | 3 | 2 | 0 | 0,, | KM 948-D, KM 1490-D, KM-1779, Marinka Arizona, Baraka-B, Clarine-A, Flamenco, KM 948-B, KM 1490-C, LM 868, Marlen, Melusine, Pamir, Pastorale, Trixi, 3883 UM1 Danilo, Monaco Barlena-A Canette, Petula, 18763 MHB-A |
| II. Erfa | 3 | 3 | 2 | 0 | 0 | |
| III. Sibra | 3 | N1 | 1 | 0 | 0 | |
| IV. Danilo (two-rowed winter barley) | 3 | 8 | 2 | 0 | 0 | |
| V. | 21 | 3 | 2 | 0 | 0 | |
| VI. | 3 | N1 | 1 | 1 | 0,, | |
| VII. | 14 | N1 | 1 | 0 | 0,, | |
| VIII. | 2 | 3 | 2 | 0 | 0,, | |
| IX. | 32 | 21 | 1 | 0 | 0,, | |
| X. | 2 | 21 | 1 | 0 | 0,, | |
| XI. | 2 | N1 | 1 | 0 | 0 | |
| XII. | 3 | 21 | 1 | 0 | 1,, | |

The published catalogues of hordein spectra of Czechoslovak registered varieties of malting spring barleys (Š a š e k et al., 1990a), new breedings of malting spring barleys and of registered varieties and new breedings of multi-rowed winter barleys (Š a š e k et al., 1990b) demonstrate the effectiveness of identification and differentiation of two-rowed malting spring barleys from multi-rowed fodder winter barleys by means of starch-gel hordein electrophoresis. In addition, an advantage of the procedure of starch-gel hordein electrophoresis is the genetic interpretation of obtained electrophoretic spectra in form of sets of allelic hordein blocks of zones, that means of the products of complex hordein loci, and/or of their different allelic modifications.

Except the Alraune variety and hordein line A of the KM 1490 new breeding and line A of the Panda variety, the results following from the above-mentioned electrophoretic analysis of hordeins of two-rowed winter barleys confirm that starch-gel hordein electrophoresis is a rapid and objective method of identification of two-rowed malting spring barleys from two-rowed and multi-rowed fodder winter barleys.

References

- POMORCEV, A. A. - NECVETAJEV, V. P. - SOZINOV, A. A.: Polimorfizm kulturnogo jačmeňa (*Hordeum vulgare* L.) po gordeinam. Genetika, 21, 1985 : 629-639.
- SOZINOV, A. A. - POPERELJA, F. A.: Metodika vertikalnogo elektroforeza v krachmalnom gele i genetičeskij princip. Oděsa, VSGI 1978.
- ŠAŠEK, A. - ČERNÝ, J.: Improving the identification of allelic gliadin blocks. Scientia Agric. bohemoslov., 15, 1983 : 103-109.
- ŠAŠEK, A. - ČERNÝ, J. - NECVETAJEV, V. P. - BRADOVÁ, J.: A catalogue of electrophoretic hordein spectra of Czechoslovak certified spring barley varieties. Scientia Agric. bohemoslov., 22, 1990a : 1-10.
- ŠAŠEK, A. - BRADOVÁ, J. - ČERNÝ, J. - NECVETAJEV, V. P.: A catalogue of electrophoretic hordein spectra in the assortment of winter barley varieties and new varieties. Scientia Agric. bohemoslov., 22, 1990b : 11-21.

Received for publication November 11, 1992

*J. Černý, A. Šašek, J. Špunar (Vysoká škola zemědělská, Praha-Suchdol;
Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha-Ruzyně; Výzkumný a šlechtitelský ústav
obilnářský, Kroměříž)*

Rozlišení dvouřadých ozimých ječmenů od dvouřadých jarních ječmenů a víceřadých ozimých ječmenů pomocí elektroforézy hordeinových bílkovin

V současné době dochází k rozšíření odrůdové skladby ječmene setého o odrůdy dvouřadého ozimého ječmene krmného i potravinářského směru. Rozlišení dávek osiv a merkantilu odrůd dvouřadých ozimých ječmenů krmného typu a dvouřadých jarních ječmenů sladařského typu pomocí některých morfologických znaků je značně obtížné a nespolehlivé. Spolehlivější metodou identifikace odrůd jarních a ozimých dvouřadých i víceřadých ječmenů se jeví elektroforéza hordeinových bílkovin.

Pomocí elektroforézy hordeinů ve škrobovém gelu byl analyzován soubor 31 odrůd, nových šlechtění dvouřadých ozimých ječmenů. Zjištěná skladba hordeinů těchto dvouřadých ozimých ječmenů byla porovnávána s elektroforetickou skladbou hordeinů 35 genotypů (odrůd, nových šlechtění) dvouřadého ječmene jarního a 34 genotypy víceřadých ozimých ječmenů.

Elektroforetická analýza hordeinů byla uskutečněna modifikovaným postupem vertikální elektroforézy ve sloupcích škrobového gelu s Al-laktátovým pufrům o pH 3,1 s 2 moly močoviny na 1 l pufru.

Alelické hordienové bloky zón byly vyčleněny z elektroforetických spekter hordeinů podle publikovaného katalogu hordeinových bloků.

Bylo zjištěno, že s výjimkou odrůdy Alraune, hordeinové linie A odrůdy Panda a hordeinové linie A nového šlechtění KM 1490 lze rychle a objektivně vertikální elektroforézou hordeinů ve škrobovém gelu rozlišit hodnocené soubory odrůd a nových šlechtění ozimých dvouřadých ječmenů a jarních dvouřadých ječmenů.

Pomocí elektroforetické skladby hordeinů byla prokázána významnější genetická blízkost ozimých dvouřadých a ozimých víceřadých ječmenů, než je vztah mezi ozimými dvouřadými a jarními dvouřadými ječmeny.

Pro potřebu rychlé a objektivní identifikace hodnocených odrůd a nových šlechtění dvouřadých ozimých ječmenů pomocí elektroforézy hordeinů byl vypracován katalog vzorových elektroforetických hordeinových spekter, resp. katalog vzorových souborů alelických hordeinových bloků hodnocených odrůd a nových šlechtění dvouřadého ozimého ječmene. Tento katalog doplňuje publikované katalogy hordeinových spekter a alelických hordeinových bloků odrůd dvouřadých jarních a víceřadých ozimých ječmenů.

ječmen setý; ječmen dvouřadý ozimý; ječmen dvouřadý jarní; ječmen ozimý víceřadý; elektroforéza; hordeiny; hordeinový polymorfismus; identita hordeinových spekter



VÝHODNÝ LEASING
STROJŮ A ZAŘÍZENÍ
NEJEN PRO ZAČÍNÁJÍCÍ
PODNIKATELE

ADEKO a. s. Vám nabízí

- kapitálovou účast v jiných podnikatelských subjektech
- společné podnikání
- poradenskou, konzultační a zprostředkovatelskou činnost v oboru ekologie
- investorskou a investiční činnost
- řešení odbytových potíží výrobcům a obchodním organizacím formou leasingového financování

ADEKO a. s.
Slezská 7
120 56 Praha 2
tel.: 258 342 fax.: 207 229



ISOENZYMES FROM PEA (*PISUM*) LEAVES AND THEIR USE IN CULTIVAR IDENTIFICATION

Miroslav ŠUŠKA

*Research Institute of Technical Crops and Legumes, 787 01 Šumperk-Temenice,
Czech Republic*

Twenty-five pea (*Pisum*) cultivars were analysed by electrophoretic separation on homogeneous polyacrylamide gels. Four enzyme systems were investigated: esterase, aspartate aminotransferase, acid phosphatase and shikimate dehydrogenase. The analysed cultivars were distributed to 22 individuals or groups with different isoenzyme patterns. In case the cultivars are to be distinguished within these groups, it is necessary to combine isoenzyme analyses with electrophoretic patterns of seed proteins. In addition to applications to cultivar identification, the described method is suitable in breeding, seeds marketing and in the other fields of agriculture.

pea (*Pisum*); isoenzymes; cultivar identification; electrophoresis

Electrophoresis is at present a very frequently applied technique of cultivar characterisation, particularly in cereals. A number of papers described a possibility of cultivar identification by seed protein electrophoresis (Cooke, 1984; Wrigley, McCausland, 1977). These methods were found as very suitable but in some cases they are not able to distinguish all the cultivars examined. It is therefore advantageous to combine analyses of seed proteins with isoenzyme systems analyses.

With regard to pea, possibilities of electrophoretic cultivar identification were studied by analyses of seed proteins on polyacrylamide gel in the presence of sodium dodecylsulphate (SDS-PAGE) (Cooke, 1983; Przybylska, 1986; Tarakovskaja, 1987; Šuška, Stejskal, 1992) and by isoelectric focusing (IEF) (Cooke, Draper, 1983; Przybylska, 1986). Isoenzyme sets were investigated. For these purposes pea roots (Matthews, Williams, 1972; Przybylska, 1986), leaves (Przybylska, 1986; Swiecicki, Wolko, 1987) and seeds (Przybylska, 1986; Murray, Ayre, 1987) were analysed. Variability, but enabling cultivar identification, was found in some cultivars.

MATERIALS and METHODS

Seeds of 25 pea cultivars were obtained from the genotype collection of the Research Institute of Technical Crops and Legumes at Šumperk-Temenice. The plants were grown in a greenhouse. The following cultivars were analysed: 1. Bohatýr, 2. Tyrkys, 3. Junák, 4. Dukát, 5. Solara, 6. Smaragd, 7. Ramir, 8. Progolt, 9. Ascona, 10. Titan, 11. Dippes Gelbe Viktoria, 12. Countess, 13. Triumph, 14. Schobi, 15. Helka, 16. Romeo, 17. Olivín, 18. Trim, 19. HS 43205, 20. LU 57, 21. HM 1743, 22. Arvika, 23. Algera, 24. Ina, 25. Tyla [1 - 18 were *Pisum sativum* L., 19 - 21 were new genotypes of *Pisum sativum* L., 22 - 25 were *Pisum sativum* L. subsp. *sativum* convar. *speciosum* (Dierb.)].

Twice recrystallized acrylamide (Serva, FRG) was used for electrophoretic analyses, the substrates for enzyme activity stainings were purchased from Sigma (U.S.A.). All other chemicals were of p.a. purity. The deionised water was used for preparing solutions. Electrophoreses were carried out on the mini-vertical unit Midget with power supply 2197 (Pharmacia LKB, Sweden).

Sample preparation – Leaves from the 3rd - 4th node were crushed and extracted with 0,1M TRIS-HCl buffer pH 7.5 for 1 h at 4 °C. The ratio of the leaves to the extracting buffer (w/v) was 1:2. The samples were centrifuged for five minutes at 12,000 rpm at 4 °C and mixed with a solution of 0.05 g bromophenol blue in 1 ml of 50 % glycerol in water. The ratio of the extracts to the bromophenol blue solution was 2:1.

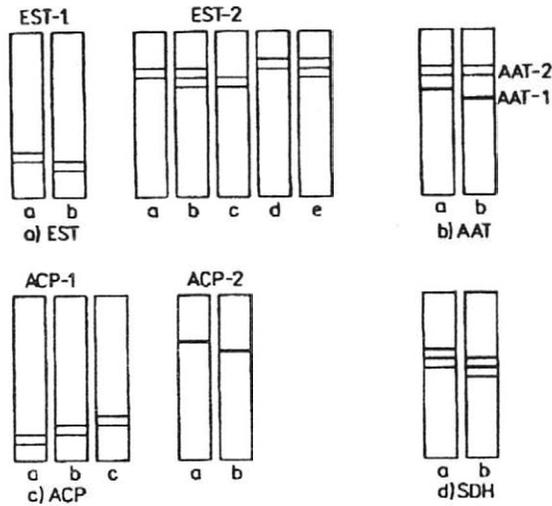
Electrophoresis – Electrophoretic analyses were carried out in homogeneous gels with acrylamide concentration 7.5 %, containing 0.375M TRIS-HCl buffer, pH 8.8. Stacking gel contained 5 % of acrylamide and 0.125M TRIS-HCl buffer, pH 6.8. The gels were polymerized by adding N,N,N',N'-tetramethylethylenediamine (TEMED) and ammonium persulphate. The electrode buffer was TRIS-glycine buffer, containing 0,025M TRIS and 0.192M glycine, pH 8.3. Five microlitres of extracts were loaded into the wells of the stacking gel. Electrophoreses were run at a constant current 10 mA/gel and 10 °C until tracking dye (bromophenol blue) had reached the bottom of the gel.

Staining – These enzyme systems were investigated: EST (esterase - E.C.3.1.1.2), AAT (aspartate aminotransferase - E.C.2.6.1.1), ACP (acid phosphatase - E.C.3.1.3.2) and SDH (shikimate dehydrogenase - E.C.1.1.1.25). The staining methods for detecting the enzyme activity were identical as described by Tanksley, Orton (1983), or slightly modified.

RESULTS

Esterase – Two variant zones, EST-1 and EST-2, were detected (Fig. 1a). Five electrophoretic variants were distinguished in the slower zone (EST-2), two variants in the faster zone (EST-1).

Aspartate aminotransferase – As Fig. 1b shows, two independent zones of enzyme activity were also detected on electrophoregrams stained for AAT, AAT-1 and AAT-2. Whilst zone AAT-2 exhibits no variation in the studied range of cultivars, two variants are observed in zone AAT-1.



1. Variation in the electrophoretic patterns of EST, AAT, ACP and SDH

Acid phosphatase – Two zones of enzyme activity, ACP-1 and ACP-2, were observed. Zone ACP-1 exhibits three electrophoretic variants, zone ACP-2 two variants (Fig. 1c).

Shikimate dehydrogenase – A single variant zone of SDH was detected in pea leaves. In this zone, two different electrophoretic variants were observed (Fig. 1d).

DISCUSSION

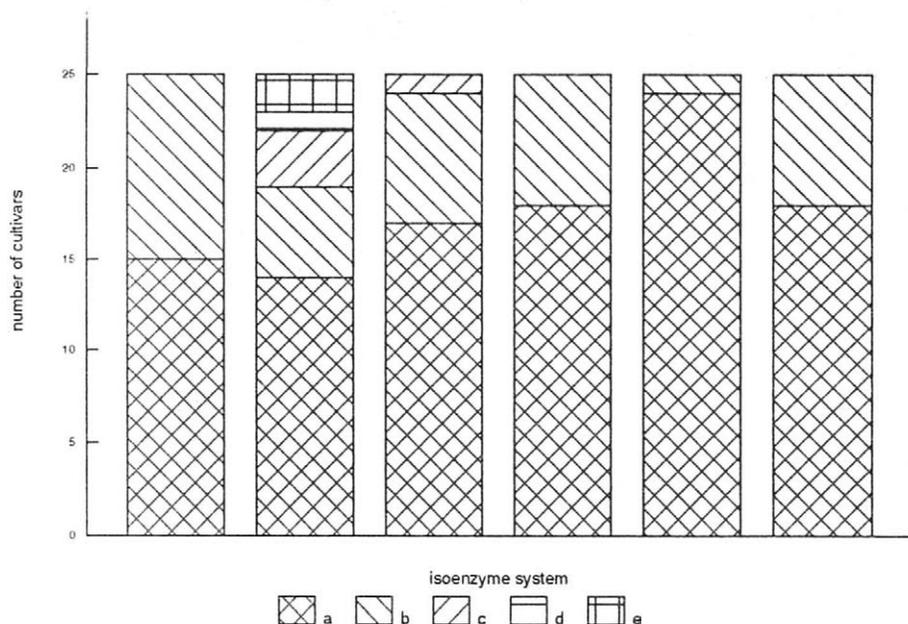
The results presented above indicate that it is possible to use electrophoretic analyses of isoenzyme systems for cultivar identification. As Fig. 1, 2 and Table I

show, the analysed range of 25 pea cultivars can be distributed to 22 individuals. Distribution of EST, AAT, ACP and SHD patterns in 25 investigated pea cultivars or groups by the electrophoretic patterns of esterase, aspartate aminotransferase, acid phosphatase and shikimate dehydrogenase. Only one doublet of the cultivars Smaragd, Romeo and one triplet of the cultivars Tyrkys, Olivín, Tyla gave the same isoenzyme patterns. [Tyla is the *Pisum sativum* L. subsp. *sativum* convar. *speciosum* (Dierb.), the others are *Pisum sativum* L.]

I. Distribution of EST, AAT, ACP and SHD patterns in 25 investigated pea cultivars

| Cultivar | EST-1 | EST-2 | ACP-1 | ACP-2 | AAT-1 | SDH |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| 1 | a | a | b | a | a | a |
| 2 | a | a | a | a | a | a |
| 3 | b | b | a | b | a | a |
| 4 | b | a | b | a | a | a |
| 5 | b | c | a | b | a | b |
| 6 | b | a | a | a | a | b |
| 7 | a | d | b | a | a | a |
| 8 | a | a | c | a | a | a |
| 9 | b | c | a | a | a | b |
| 10 | b | a | a | b | a | b |
| 11 | a | b | b | a | a | b |
| 12 | b | a | b | b | a | a |
| 13 | a | e | a | a | a | a |
| 14 | b | a | a | a | a | a |
| 15 | a | b | b | a | b | a |
| 16 | b | a | a | a | a | b |
| 17 | a | a | a | a | a | a |
| 18 | a | a | a | a | a | b |
| 19 | a | c | a | b | a | a |
| 20 | a | b | b | a | a | a |
| 21 | b | a | a | b | a | a |
| 22 | a | a | a | b | a | a |
| 23 | a | e | a | b | a | a |
| 24 | a | b | a | a | a | a |
| 25 | a | a | a | a | a | a |

Although some papers published previously (C o o k e, 1983; H u s s a i n, 1988) show electrophoretic discrimination in all genotypes tested by them, other authors found groups of genotypes with the same electrophoretic patterns (P r z y b y l s k a, 1986; S w i e c i c k i, W o l k o, 1987; T a r l a k o v s k a j a, 1987; Š u š k a, S t e j s k a l, 1992). In these cases, it is necessary to combine electrophoresis of seed proteins with the analyses of suitable isoenzyme systems.



2. Occurrence of EST, AAT, ACP and SDH phenotypes

In our previously published paper (Š u š k a , S t e j s k a l, 1992), we found two triplets of the cultivars Bohatýr, Dukát, Dippes Gelbe Viktoria, and Solara, Progolt, Ascona, which were not distinguished by the used method - electrophoresis of pea seed proteins on polyacrylamide gels with an exponential gradient of acrylamide concentration in the presence of sodium dodecylsulphate. All these cultivars can be easily distinguished by the isoenzyme electrophoretic analysis described above.

References

- COOKE, R. J.: The characteristics of *Pisum sativum* L. (partim) (field pea) cultivars by sodium dodecylsulphate - polyacrylamide gel electrophoresis. J. natn. Inst. agric. Bot., 16, 1983 : 213-220.
- COOKE, R. J.: The characterisation and identification of crop cultivars by electrophoresis. Electrophoresis, 5, 1984 : 59-72.
- COOKE, R. J. - DRAPER, S. R.: Potential applications of ultrathin-layer isoelectric focusing for the characterisation of cultivars of crop species. J. natn. Inst. agric. Bot., 16, 1983 : 173-181.

- HUSSAIN, A. - ALI-KHAN, S. T. - BUSHUK, W.: Field pea cultivar identification by electrophoretic patterns of cotyledon proteins. *Can. J. Pl. Sci.*, 68, 1988 : 1143-1147.
- MATTHEWS, P. - WILLIAMS, H.: Genetics of root isoperoxidase in *Pisum*. *John Innes Ann. Report*, 63, 1972 : 43-45.
- MURRAY, D. R. - AYRE, D. J.: Isoenzymes from hulls and seeds of developing pea fruits. *J. Pl. Physiol.*, 127, 1987 : 193-201.
- PRZYBYLSKA, J.: Identification and classification of the *Pisum* genetic resources with the use of electrophoretic protein analysis. *Seed Sci. and Technol.*, 14, 1986 : 529-543.
- SWIECICKI, W. K. - WOLKO, B.: Application of electrophoretic methods of isozymes separation to genetical characterization of pea (*Pisum sativum* L. s. lat.) cultivars. *Genet. Pol.*, 28, 1987 : 89-99.
- ŠUŠKA, M. - STEJSKAL, J.: The electrophoretic identification of pea (*Pisum sativum* L.) cultivars by seed protein analysis. *Rostl. Výr.*, 38, 1992 : 203-208.
- TANKSLEY, S. D. - ORTON, T. J.: Isozymes in plant genetics and breeding. Part B., Amsterdam, Elsevier 1983.
- TARLAKOVSKAJA, A. M.: Identification of pea varieties by means of electrophoretic patterns of globulins. In: *Mater. III. int. Symp. ISTA, Leningrad, USSR, 1987* : 217-220.
- WRIGLEY, C. W. - McCausland, J.: Variety identification by laboratory methods - instruction manual for barley, wheat and other cereals. *Wheat Res. Unit, CSIRO, North Ryde, 1977, No.4.*

Received for publication August 25, 1992

M. Šuška (Výzkumný ústav technických plodin a luskovin, Šumperk - Temenice)

Isoenzymy listů hrachu (*Pisum*) a jejich využití při identifikaci odrůd

Dvacetpět odrůd hrachu (*Pisum*) včetně pelušek a novošlechtění bylo analyzováno elektroforézou na homogenním polyakrylamidovém gelu s koncentrací akrylamidu 7,5 %. Byly detekovány isoenzymové soubory esterasy (EST, E.C.3.1.1.2), aspartát aminotransferasy (AAT, E.C.2.6.1.1), kyselá fosfatasy (ACP, E.C.3.1.3.2) a šikimát dehydrogenasy (SDH, E.C.1.1.1.25). V případě EST, AAT a ACP byly nalezeny dvě nezávislé zóny variability, u SDH jedna zóna variability. Ve zkoušeném souboru odrůd byly identifikovány dva fenotypy EST-1, pět fenotypů EST-2, dva fenotypy AAT-2, tři fenotypy ACP-1, dva fenotypy ACP-2 a dva fenotypy SDH (obr. 1a až 1d). Tyto odrůdy byly analýzou uvedených čtyř souborů isoenzymů rozděleny do 22 skupin nebo individuí (tab. 1 a obr. 2), pouze u dvojice odrůd Smaragd, Romeo a trojice Tyrkys, Olivín, Tyla (Tyla - *Pisum sativum* L. subsp. *sativum* convar. *speciosum* (Dierb.), Smaragd, Romeo, Tyrkys, Olivín - *Pisum sativum* L.) byla zjištěna shodná isoenzymová spektra.

Z výsledků je zřejmé, že popsaná metoda je použitelná pro identifikaci odrůd hrachu. V případě některých odrůd je však nutné kombinovat tuto metodu s analýzou semenných proteinů, případně s analýzou jiných souborů isoenzymů nebo isoenzymů jiných vegetativních orgánů hrachu. Uvedená metoda je kromě identifikace odrůd aplikovatelná i při kontrole hybridizačního programu, odrůdové homogenity a v dalších oblastech.

hrách (*Pisum*); izoenzymy; identifikace odrůd; elektroforéza

INFORMACE O PUBLIKACI

Katalog „Genealogy and Gene Allels Identified in 31 000 Cultivars and Lines of Wheat“

S. P. Martynov, T. V. Dobrotvorskaya, Z. Stehno, L. Dotlačil, I. Fáberová, V. Holubec

Genetické zdroje rostlin představují nenahraditelný zdroj genů a genových komplexů, který je považován za základní předpoklad dalšího zlepšování kulturních rostlin šlechtitelskou činností. Jejich efektivní využívání je přímo závislé na množství informací, které jsou o případných rodičovských formách k dispozici, a to především informací s vysokou výpovědní hodnotou. Z tohoto hlediska oceňují šlechtitelé především údaje o identifikovaných genech, které podmiňují významné znaky a informace o genealogii odrůdy či linie.

Tyto informace byly rozhodujícím kritériem při výběru odrůd a linií pšenice při jejich zařazování do katalogu „Genealogy and Gene Allels Identified in 31 000 Cultivars and Lines of Wheat“. Každý ze zařazených genetických zdrojů obsahuje informaci alespoň v jednom z těchto údajů. Oba výše zmíněné údaje jsou doplněny odkazem na literární zdroj, ze kterého byla informace získána. Celkem je v katalogu citováno 841 literárních pramenů.

Názvy odrůd a linií jsou uvedeny v abecedním pořadí a doplněny o vyskytující se synonyma. Dále je v katalogu uvedeno katalogové číslo genetického zdroje ve významných kolekcích ve světě. Dalšími uváděnými charakteristikami jsou botanický druh a varieta, typ vegetace, stát a lokalita původu, status (odrůda, linie) a rok povolení či registrace.

K vytvoření katalogu byly využity informace z publikovaných dílčích katalogů, národních databází pšenice, odborných publikací, listin povolených odrůd, listin doporučených odrůd, katalogů šlechtitelských firem i osobních sdělení.

Autorský kolektiv bude dále pokračovat v aktualizaci získaných informací a katalog periodicky doplňovat formou dodatků.

Katalog byl vydán ve dvou na sebe navazujících svazcích o celkovém rozsahu 1311 stran. Vzhledem k nákladům spojeným s tiskem a vazbou, byla jeho cena stanovena na 2300,- Kč. Katalog může být objednan na kontaktní adrese:

*Ing. Zdeněk Stehno, CSc.,
Výzkumný ústav rostlinné výroby, Drnovská 507,
161 06 Praha 6-Ružyně*

VÝKONNOST SYNTETIKOV Z RODINNÉHO POLYCROSSU A TOPCROSSU PRI ĎATELINE LÚČNEJ

Martin UŽÍK

Výskumný ústav rastlinnej výroby, 921 68 Piešťany

Z 18 diploidných odrôd pochádzajúcich z 10 krajín sveta sme vybrali 50 rastlín, ktorých potomstvo sme zaradili do polycrossu rodín (Rx) a topcrossu (Tx) (tester odroda Štart). Potomstvá z oboch testov sme vyhodnotili v spona a z topcrossu tiež v riadkovej kultúre. V každom pokuse sme vybrali štyri rodiny s najvyššou úrodou (+) a štyri rodiny s najnižšou úrodou (-), z ktorých sme vytvorili genotypové syntetiky (G), keď sme použili osivo zo školiiek polycrossu a topcrossu a fenotypové (P), keď sme použili osivo zo skúšok potomstiev. Po jednej generácii syntézy sme syntetiky G⁺, P⁺ a hromadné syntetiky (z alikvotného množstva všetkých rastlín z polycrossu HSRx-1 a topcrossu HSTx-1 a zo skúšok potomstiev HSRx-2 a HSTx-2) zaradili do skúšok výkonu na úrodu hmoty a semena. Rodiny z topcrossu mali vyššiu úrodu semena než z polycrossu. Záporná selekcia bola účinnejšia ako pozitívna. Fenotypové syntetiky mali neočakávane vyššiu úrodu hmoty a semena než ich genotypové analógy. Vyššiu úrodu Syn P než Syn G generácie syntetikov vysvetľujeme tlakom prírodnej selekcie (vrátane konkurencie pri výseve do riadkov pri syntéze P) na populáciu neadaptovaných rodín prípadne rekombinovaných). Hromadné syntetiky z komponentov z druhej generácie boli rovnako úrodné ako syntetiky z pozitívnej selekcie, čo naznačuje vysokú efektívnosť prírodnej selekcie.

ďatelina lúčna; polycross; topcross; obojsmerná selekcia; syntetiky

Pri šľachtení viacročných krmovín používajú sa rôzne metódy, pričom tvorba syntetických odrôd patrí medzi najperspektívnejšie (Chloupek, 1986). Pri ďateline lúčnej sú ako syntetické odrody deklarované odrody z Francúzska (Anonym, 1975), avšak i v poslednej dobe povolené odrody v ČSFR boli vyšľachtené individuálnou alebo hromadnou selekciou (Anonym, 1992). Pri selekcii klasických syntetických odrôd náročnou etapou je klonová škôlka hromadného kríženia a udržiavanie klonov až do skončenia skúšok potomstva, čo bráni širšiemu použitiu tejto metódy. Postup sa dá zjednodušiť keď, ako komponenty pre syntetiky sa použijú rodiny alebo S1 línie (Rod, 1974; Butenko et al., 1977). Na stanovenie všeobecnej kombinačnej schopnosti môžu sa použiť rôzne

schémy zabezpečujúce náhodné opelenie medzi všetkými komponentami (polycross, dialené kríženie) alebo opelenie každého komponentu homogénnou vzorkou peľu (topcross) (D i j k s t r a, 1970). Pri cudzoopelivých plodinách sa všeobecne odporúča na zvýšenie efektívnosti selekcie metóda rezerv (H i o r t, 1963), avšak pri d'ateline lúčnej o jej efektívnosti oproti iným metódam nie sú nám známe literárne údaje.

Cieľom predloženej práce bolo overiť účinnosť genotypovej selekcie (metóda rezerv) oproti fenotypovej selekcii a efektívnosť selekcie na úrodu hmoty a semena pri obojsmernej selekcii na tvorbu syntetikov na báze rodinného polycrossu a topcrossu.

MATERIÁL a METÓDY

Experiment zahrňoval štyri generácie nadväzujúce na seba. **V prvej generácii** zo súboru genetických zdrojov skúšaných v Piešťanoch v GZ/79 sme vybrali 50 rastlín z 18 diploidných odrôd d'ateliny lúčnej. Ich potomstvá sme zaradili do rodinného polycrossu v Piešťanoch Rx/80 a súčasne tie isté potomstvá sme zaradili do topcrossu na ŠS Malý Šariš (Tx/80). Rodinný polycross Rx/80 mal 50 potomstiev (trikrát kontrola Štart, na parcele 20 rastlín, spon 300 mm x 300 mm, šesť opakovaní). Pri topcrosse boli potomstvá vysiate na riadok dlhý 10 m (100 semien na 1 m) vzdialené a izolované od seba 1,2 m širokým pásom porastu testera odrody Štart.

V pokuse Rx/80 sme hodnotili celkový stav, hmotnosť rastliny v prvej kosbe a vykonali sme negatívnu selekciu rastlín v druhej kosbe na semeno. V pokuse Tx/80 sme selekciu nerobili.

V druhej generácii sme založili skúšky rodín (kmeňov) z rodinného polycrossu a topcrossu v spon (SvRxTx) a z topcrossu v riadkoch (SvTx-r). SvRxTx/82 sme založili metódou kolmo delených parciel, pričom parcela bola rodina a podparcela pôvod z rodinného polycrossu a topcrossu (počet opakovaní štyri, na parcele 20 rastlín, spon 200 mm x 200 mm).

Pokus SvTx-r/82 mal štyri opakovania, parcela 2 m², šírka riadkov 200 mm, výsevok 500 semien na m². V pokusoch sme hodnotili okrem bežných pozorovaní úrodu hmoty, úrodu semena a trvácnosť.

Tretia generácia - Selekcia a syntéza rodín. V každom pokuse druhej generácie sme urobili obojsmernú plus a mínus selekciu tak, že zo súboru sme vybrali štyri rodiny s najvyššou a najnižšou výberovou hodnotou. Na tvorbu genotypových syntetikov sme použili osivo z rodinného polycrossu alebo topcrossu (prvá generácia) a na tvorbu fenotypových syntetikov osivo získané v skúškach rodín z roku (1983) v druhej generácii. Pri genotypových populáciách sme vysadili 48 rastlín z jedného komponentu v 12 opakovaniach, na parcele štyri rastliny, spon

300 mm x 300 mm. Hybridné škôlky (parcely) boli priestorove izolované v každom smere od iných 30 m širokým záhonom lucerny.

Pre tvorbu fenotypových populácií sme z každej vybranej rodiny (kmeňa) zmiešali rovnaký podiel osiva. Zmes sme vysiali na parcelu 5 m x 10 m vedľa seba do záhonu 5 m širokého (do riadkov vzdialených 300 mm, 500 semien na m²). Do ďalších pokusov, skúšok výkonu syntetikov sme použili osivo zo stredu parcely (5 m x 5 m).

Z rezervy osiva každej generácie sme pripravili hromadný syntetik. Z pokusov s individuálnou výsadbou rastlín sme z každej rastliny a z riadkovej sejby z každej parcely odobrali alikvotný podiel osiva na tvorbu hromadného syntetika, ktoré sme množili podobne ako syntetiky fenotypové a genotypové (z Rx/80 - HSRx-1=(G7), z SvRx/82- HSRx-2=(P7) a z Tx/80 - Hs-Tx-1=(G8) a z SvTx-r/82-HSTx-2=(P8).

Štvrtá generácia - Skúšky výkonu syntetických populácií (syn G a Syn P) vrátane kontrolných hromadných syntetikov v počte 16 a dva razy kontrola Štart boli skúšané na ŠS Malý Šariš v samostatných pokusoch na semeno a na zeleno (náhodné usporiadanie variantov, počet opakovaní 4, zberová plocha parcely 5 m², výsevok 500 semien na m², šírka riadkov 200 mm).

VÝSLEDKY

Škôlka polycrossu rodín slúžila nielen na získanie osiva pre skúšky výkonu na odhad kombinačnej schopnosti rodín, ale vzhľadom na spôsob založenia bolo možné vyhodnotiť ich fenotypovú výkonnosť. Priemerné hodnoty rodín v hmotnosti rastliny boli nižšie než mala odroda Štart (84,8 %), ale vyššie v úrode semena (108,9 %). Koefficienty dedivosti pre rodiny boli pomerne vysoké a preto očakávaný selekčný zisk v úrode hmoty bol 20,38 % a v úrode semena 10,23 % (tab. I).

Skúšky výkonnosti rodín (kmeňov). Uvádzame len priemerné hodnoty skupín rodín, ktoré boli vybrané ako komponenty do syntetikov (tab. II). Vďaka dostatočnej variabilite mohli sme vybrať z každého testu po dve skupiny štyroch rodín (plus a mínus selekcia), ktoré sa medzi sebou výrazne líšili najmä v úrode semena (130 % a 66,2 %). Výkonnosť ďalšej generácie rodín (kmeňov) v rôznych testoch výkonnosti (polycross rodín v spone (SvRx/82), topcross v spone (SvTx/82) a topcross v riadkoch (SvTx-r/82) sa dobre zhodovala najmä v úrode semena. Interakcia rodina x pôvod (topcross, polycross) nebola zistená v úrode hmoty ani semena. Priama selekčná diferencia pre obojsmernú selekciu (plus a mínus), napr. pre prvé dve skupiny rodín bola v úrode semena v pokuse SvRx - 130 % a 66 %, v pokuse SvTx - 107 % a 86 % a v SvTx-r - 107 % a 85 %. Menšia zhoda medzi priamou a korelovanou selekčnou diferenciou bola pre hmotnosť rastliny. Koefi-

cienty dedivosti pre rodiny ako aj ďalšie genetické parametre boli vysoké a preto očakávaný selekčný pokrok bol v úrode hmoty 15 % z SvRx, 15 % z SvTx a o 9,5 % SvTx-r a pri úrode semena v tom istom poradí o 17,8 %, 28,5 % a 16,9 % (tab. II).

Skúška výkonnosti syntetikov - úroda hmoty. Syntetiky zo semena druhej generácie (fenotypové syntetiky) mali vyššiu úrodu oproti genotypovým analógom o 5,89 % (tab. III), čo bolo štatisticky vysoko významné (tab. IV). Každý fenotypový syntetik mal vyššiu úrodu hmoty než genotypový analóg, avšak pri syntetikoch z mínus selekcie bol rozdiel medzi Syn G a Syn P väčší než pri plus selekcii (tab. III). Interakcia typ selekcie (genotypová, fenotypová) a smer selekcie (plus, mínus) nebola štatisticky významná ($P = 0,22$) pre nízky počet stupňov voľnosti (tab. IV), avšak smer selekcie (plus, mínus) sa čiastočne prejavil pri genotypových populáciách, zatiaľ čo pri fenotypových neboli pozorované žiadne rozdiely (tab. III). Pri oboch hromadných syntetikoch (HSRx a HS-Tx) druhá generácia mala vyššiu úrodu než prvá (+7,5 % a +9,11 %), pričom kontrolná populácia z generácie topcrossu HS-Rx-2 mala najvyššiu úrodu v pokuse (tab. III).

I. Priemerné hodnoty rodín - komponentov genotypových syntetikov (Rx/80/Py, 1. generácia)
- Average values of families - components of genotype synthetics (Rx/80/Py, 1st generation)

| Označenie rodín ¹ | Hmotnosť rastliny ² [%] | Úroda semena ³ [%] | Syntetik ⁴ |
|---------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------|-----------------------|
| 1, 5, 33, 37 | 99,68 | 95,42 | G-1 |
| 13, 35, 40, 45 | 79,51 | 103,05 | G-2 |
| 1, 4, 9, 44 | 99,32 | 106,28 | G-3 |
| 29, 42, 43, 45 | 98,19 | 125,12 | G-4 |
| 1, 2, 3, 7 | 75,02 | 105,87 | G-5 |
| 13, 34, 42, 49 | 86,21 | 116,26 | G-6 |
| Štart ⁵ | 119,9 | 91,7 | |
| \bar{x} pokusu ⁶ = 100 % | 100 | 100 | G-7 |
| | abs:178,43 g | 4,26 | |
| h^2 | 0,634 | 0,087 | |
| s_P | 32,34 | 2,88 | |
| s_G^2 | 664 | 0,72 | |
| s_E^2 | 2296 | 7,57 | |
| SE | 11,97 | 0,68 | |
| ΔG abs | 35,67 | 0,43 | |
| ΔG % | 20,38 | 10,23 | |

¹family designation; ²plant weight; ³seed yield; ⁴synthetic; ⁵ \bar{x} of experiment

II. Priemerné hodnoty skupín rodín v 2. generácii (kmeňov) - komponenty fenotypových syntetikov. Priama a korelovaná selekčná diferenciacia. Údaje v % (\bar{x} pokusu = 100 %) - Average values of family groups in the second generation (of strains) - components of phenotype synthetics. Direct and correlated selection differential. The values are in % ($\bar{x} = 100\%$)

| Označenie rodín - skupiny ² | Selekcia (plus, mínus) ² | SvRx/82 | | SvTx/82 | | SvTx-r/82 | | Syntetik ⁶ |
|--|-------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------|-----------------------|------------------|--|-------------------------------------|-----------------------|
| | | hmotnosť rastliny ³ [g] | úroda semena ⁴ [g] | hmotnosť rastliny [g] | úroda semena [g] | úroda zelenej hmoty ⁵ [t.ha ⁻¹] | úroda semena [kg.ha ⁻¹] | |
| 1, 5, 33, 37 | + | <u>113,91</u> | <u>130,0</u> | 107,04 | 107,20 | 100,00 | 106,7 | P1 |
| 13, 35, 40, 45 | - | <u>99,39</u> | <u>66,2</u> | 94,66 | 86,45 | 100,98 | 85,02 | P2 |
| 1, 4, 9, 44 | + | 103,01 | 123,10 | <u>104,04</u> | <u>112,39</u> | 96,79 | 114,00 | P3 |
| 29, 42, 43, 45 | - | 106,93 | 81,72 | <u>93,27</u> | <u>62,53</u> | 98,52 | 87,22 | P4 |
| 1, 2, 3, 7 | + | 91,64 | 114,48 | 100,19 | 111,52 | <u>100,24</u> | <u>130,43</u> | P5 |
| 13, 34, 42, 49 | - | 96,48 | 93,79 | 102,91 | 95,67 | 97,29 | <u>76,08</u> | P6 |
| Start | | 99,54 | 101,53 | 100,18 | 118,20 | 103,20 | 113,52 | |
| 100 % = \bar{x} | | 100,00 | 100,00 | 100,00 | 100,00 | 100,00 | 100,00 | P7* |
| \bar{x} pokusu abs. | | 181,14 | 2,29 | 186,83 | 3,48 | 20,3 | 207,0 | P8* |
| s_G^2 | | 368,0 | 0,24 | 368 | 0,65 | 1,875 | 8,7 | |
| s_P | | 23,3 | 0,79 | 23,3 | 1,14 | 1,69 | 35,25 | |
| h^2 | | 0,675 | 0,380 | 0,675 | 0,59 | 0,657 | 0,570 | |
| ΔG abs. | | 27,36 | 0,52 | 27,36 | 3,64 | 1,93 | 35,1 | |
| ΔG v % \bar{x} | | 15,1 | 17,8 | 15,10 | 28,5 | 9,5 | 16,9 | |

Priama selekčná diferenciacia, podľa ktorej boli rodiny vyberané je podčiarknutá - direct selection differential used for the selection of families is underlined

*P7 = hromadný syntetik z pokusu SvRx - cumulative synthetic from the SvRx experiment
 P8 = hromadný syntetik z pokusu SvTx-r - cumulative synthetic from the SvTx-r experiment

V úrode semena syntetiky z druhej generácie (fenotypové) mali štatisticky významne vyššiu úrodu (+32,7 %) oproti analógom genotypovým (tab. III a IV). Každý fenotypový syntetik mal vyššiu úrodu semena než jeho genotypový analóg, pričom jednoznačne genotypové syntetiky z mínus selekcie mali väčší prírastok než syntetiky z plus selekcie. Rozdiely medzi testom (kombinácia faktorov: spôsob opelenia a skúšania potomstva) (tab. IV), neboli štatisticky významné avšak syntetiky vytvorené podľa testu v riadkovej kultúre sa nechovali podľa očakávania. Pri týchto syntetikoch nebol rozdiel medzi plus a mínus selekciou, čo naznačuje, že tento test bol menej spoľahlivý než ostatné dva testy

(tab. IV). Syntetiky z plus selekcie mali úrodu 533,5 kg/ha, t. j. 107,84 % oproti syntetikom z mínus selekcie. Pri genotypových syntetikoch bol rozdiel medzi plus a mínus selekciou väčší ($G1 - G2 = 31,09\%$) ($G3 - G4 = 28,64\%$) než pri fenotypových analógoch v tom istom poradí 9,64 % a 8,58 % (tab. III).

III. Úroda hmoty a semena syntetikov 1986/1987 – Mass and seed yields of 1986/1987 synthetics

| | Syntetik ³ | Selekcia ⁴ | | Syntetiky syntetizované zo semena ⁵ | | | | 1 generácia = 100 % [%] | |
|---------------------------|-------------------------------|-----------------------|-----------------------|--|-------------------------------|--------|-----------------------|-------------------------------|---|
| | | G, P | z pokusu ⁶ | plus mínus | 1. generácia ⁷ (G) | | 2. generácia (P) | | |
| | | | | | [t.ha ⁻¹] | % | [t.ha ⁻¹] | | % |
| Úroda hmoty ¹ | G-P-7 | HS* | | 57,58 | 100,00 | 61,90 | 100,00 | 107,5 | |
| | G-P-1 | SvRx | + | 60,30 | 104,72 | 61,74 | 100,25 | 102,38 | |
| | G-P-2 | SvRx | - | 54,80 | 95,17 | 62,04 | 100,48 | 113,21 | |
| | G-P-8 | HS* | | 59,00 | 100,00 | 64,38 | 100,00 | 109,11 | |
| | G-P-3 | SvTx | + | 60,64 | 102,77 | 61,34 | 95,27 | 101,15 | |
| | G-P-4 | SvTx | - | 56,20 | 95,25 | 60,01 | 93,21 | 106,77 | |
| | G-P-5 | SvTx-r | + | 56,78 | 96,23 | 59,74 | 92,79 | 105,21 | |
| | G-P-6 | SvTx-r | - | 59,34 | 100,57 | 61,34 | 95,27 | 103,37 | |
| | \bar{x} | | | 58,15 | 100,00 | 61,58 | 100,00 | 105,89 | |
| | Kontrolná odroda ⁸ | | | 61,24 | 105,31 | - | 99,44 | - | |
| SE | | | 1,81 | - | 1,81 | - | - | | |
| Úroda semien ² | G-P-7 | HS* | | 408,50 | 100,00 | 620,25 | 100,00 | 151,89 | |
| | G-P-1 | SvRx | + | 527,50 | 129,13 | 618,00 | 99,63 | 117,15 | |
| | G-P-2 | SvRx | - | 400,50 | 98,04 | 558,20 | 89,99 | 139,37 | |
| | G-P-8 | HS* | | 463,00 | 100,00 | 600,50 | 100,00 | 129,69 | |
| | G-P-3 | SvTx | + | 460,00 | 99,35 | 610,00 | 101,58 | 132,60 | |
| | G-P-4 | SvTx | - | 327,40 | 70,71 | 558,50 | 93,00 | 170,58 | |
| | G-P-5 | SvTx-r | + | 453,00 | 97,84 | 570,50 | 95,00 | 125,90 | |
| | G-P-6 | SvTx-r | - | 494,50 | 106,80 | 575,00 | 95,83 | 116,27 | |
| | \bar{x} | | | 441,8 | 100,00 | 586,36 | 100,00 | 132,70 | |
| | Kontrolná odroda | | | 549,40 | 124,26 | - | 93,69 | - | |
| SE | | | 34,29 | - | 34,29 | - | - | | |

¹mass yields; ²seed yield; ³synthetic; ⁴selection; ⁵synthetics sythetized from the seed; ⁶from the generation; ⁷generation; ⁸control variety

*HS - hromadný syntetik, kontrola selekčného pokroku

IV. Priemerné štvorce z analýzy variancie syntetikov – The mean squares of the analysis of variance of synthetics

| Zdroj premenlivosti ¹ | Stupeň voľnosti ⁷ | Úroda hmoty ⁸ | Úroda semena ⁹ |
|------------------------------------|------------------------------|--------------------------|---------------------------|
| Selekcia ² G, P (A) | 1 | 188,37 + | 83593,26 ++ |
| Smer selekcie ³ + - (B) | 1 | 2,32 | 6025,64 + |
| Test* (C) | 3 | 6,86 | 1621,09 |
| Opakovanie ⁴ (D) | 3 | 92,99 | 5428,93 |
| AB | 1 | 21,85 | 17,01 |
| AC | 3 | 6,34 | 1557,80 |
| BC | 3 | 28,44 | 4650,51 |
| ABC | 3 | 8,03 | 1255,64 |
| Chyba ⁵ | 45 | 12,945 | 1304,15 |
| Spolu ⁶ | 63 | 446,93 | 113204,44 |

* zmiešaný faktor (spôsob opelenia a spôsob skúšania rodín) – mixed factor (pollination method and method of family testing)

¹source of variability; ²selection; ³selection direction; ⁴replication; ⁵error; ⁶in total; ⁷degree of freedom; ⁸mass yield; ⁹seed yield

Interakcia medzi typom a smerom selekcie nebola významná, lebo do výpočtu sme zahrnuli i syntetiky vytvorené podľa riadkovej kultúry (Tx-r) a tiež hromadné, keď sme prvú generáciu považovali za plus a druhú za mínus selekciu, čo nebolo korektné (tab. IV).

DISKUSIA a ZÁVERY

Genotypová diferencia potomstiev z polycrossu a topcrossu bola podobná. Z oboch testov sa dal očakávať približne rovnaký selekčný pokrok, čo je v zhode s literárnymi údajmi (P a n e l l a, L o r e n z e t t i, 1969). Väčší vplyv na odhad selekčného pokroku než spôsob opelenia mal spôsob skúšania - riadky, spon - pričom riadky sa v týchto pokusoch ukázali menej spoľahlivé. Odhad selekčného pokroku môže byť skreslený, rozdielnou priamou hodnotou potomstiev skúšaných oddelene než v zmesiach (K n o w l e s, 1987). V princípe išlo o selekciu rodín s rôznym stupňom kontroly opelenia, väčšou pri syntetikoch genotypových z rezervy osiva a menšou pri selekcii fenotypovej.

Očakávali sme väčší selekčný pokrok pri genotypovej než fenotypovej selekcii, teoreticky dvojnásobne, pretože faktor kontroly kríženia rodičov (c) vo vzorci pre odhad selekčného pokroku (S p r a g u e, E b e r h a r t, 1977; N g u y e n,

Sl e p e r, 1983) môžeme pri genotypovej selekcii považovať za $c = 1$ a pri fenotypovej za $c = 0,5$.

Pri genotypových syntetikoch sa vzájomne opelili rodiny, ktoré mali priemernú úrodu hmoty 113,9 % a úrodu semena 130 % proti \bar{x} populácii, zatiaľ čo pri fenotypových bola každá rodina opelená len priemernou vzorkou peľu s relatívnou gametickou hodnotou 100 % pre oba znaky. Za predpokladu aditivity aj na základe tejto úvahy očakávali sme väčší selekčný pokrok pri genotypovej selekcii.

Rozdiel medzi syntetikmi genotypovými a fenotypovými mohol byť buď preto, že genotypové boli málo úrodné, alebo fenotypové boli vysoko úrodné. Všeobecne oproti kontrolnej odrode Štart genotypové syntetiky boli menej úrodné, alebo na jej úrovni. Inzuchtná depresia, ktorá môže byť príčinou nižšej úrody pri málo komponentných populáciách (U ž í k, 1988) sotva mohla byť príčinou nižšej úrody pri syntetikoch z topcrossu a už vôbec nie pri hromadných syntetikoch.

Zvýšenie výkonnosti opelením rodín peľom výkonnejšej populácie tiež neprichádza do úvahy, pretože súbor všetkých rodín z polycrossu a topcrossu bol zaradený do skúšok kmeňov. Rozdiel bol v tom, že v prvej generácii v polycrosse došlo ku hromadnému kríženiu medzi rodinami a v topcrosse oddelene každá rodina sa opelila odrodou Štart. V druhej generácii sa nezabránilo (nebolo cieľom) voľnému opeleniu medzi rodinami z topcrossu i z polycrossu navzájom.

Medzi rodinami z polycrossu a topcrossu bol rozdiel v úrode semena v prospech rodín z topcrossu (19,1 %), čo sa potvrdilo pri genotypových syntetikoch HSRx a HSTx (13,5 %). V ďalšej generácii za predpokladu panmixie medzi HSRx-2 a HSTx-2 (syntetizované zo semena skúšok kmeňov) sme neočakávali rozdiel, čo sa aj potvrdilo. Prekvapujúca bola vyššia úroda semena druhej generácie (HSRx-2 151,8 % a HSTx-2 129,69 %) oproti prvej generácii alebo genotypovým syntetikom.

Porovnávanie priemerných hodnôt prvej a druhej generácie hromadných syntetikov z rodinného polycrossu HS-Rx ako aj z topcrossu HS-Tx ukazuje, že populácie neboli v rovnováhe, ich výkonnosť najmä v úrode semena sa zvyšovala, čo bolo spôsobené pravdepodobne tým, že v každej generácii vytvárali sa nové rekombinované gaméty a zygoty, ktoré boli pod neustálym tlakom prirodzenej selekcie, ktorá, zdá sa, pôsobí v súlade s umelou selekciou. Pre úplnosť pripomenieme, že v experimente bolo 50 rodín pochádzajúcich z 18 odrôd a 10 krajín sveta, z každej odrody sme teda vybrali jednu až päť rastlín, ktoré sa neskoršie skúšali v rôznom stupni identity ako rodiny a kmene. Takto napríklad syntetik G 1 pozostával z dvoch rodín z odrody Štart a po jednej rodine z odrody Venla (Fínsko) a Bombi (Švédsko) avšak opelenými všetkými ďalšími 50 rodinami.

Široká genetická základňa umožňujúca nové rekombinácie a tlak prirodzenej selekcie boli hlavnými zdrojmi selekčného pokroku. Pre jeho veľký účinok (neskoré odrody zo Švédska za dve generácie sa zmenili v podmienkach Maďarska na

skoré formy – J á n o s s y, 1966) sa hovorí o šľachtení d'ateliny lúčnej prirodzenou selekciou (U m a e r u s, A k e r b e r g, 1964).

Selekčné pokroky pri d'ateline lúčnej sú malé a často krajové odrody majú rovnakú úrodu ako šľachtenie (D i j k s t r a, 1970) alebo veľmi staré odrody (J i č í n s k a, 1943) sú skoro rovnako výkonné ako novšie odrody (Štart - 1974). (U ž í k, M i š t i n o v á, 1978). Naše experimenty ukazujú že odozva na selekciu je aj pri úrode d'ateliny lúčnej, pričom je však väčšia pri negatívnej selekcii než pozitívnej.

Positívna selekcia na rezistenciu voči koreňovej hnilobe bola efektívna pri neadaptovaných populáciách, nie však pri domácich pôvodoch (U ž í k, 1983).

Selekčný pokrok je teda odvislý od stupňa adaptácie populácie na prostredie, v ktorom sa selekcia koná, pričom prirodzená selekcia pôsobí v rovnováhe na úrodu vegetatívnu i generatívnu (U m a e r u s, Á k e r b e r g, 1964). Úroda hmoty i semena je obmedzená ekologickými podmienkami, a preto umelou i prirodzenou selekciou sa dosahuje za málo generácii úrodový strop.

Potvrdzuje to aj podstatne vyšší prírastok úrody pri fenotypových syntetikoch oproti ich genotypovým analógom pri negatívnej selekcii než pri podobných dvojiciach syntetikoch z pozitívnej selekcie, čo sa nedá vysvetliť len voľným opelením v druhej generácii, bez tlaku prirodzenej selekcie.

V dôsledku prírodnej selekcie syntetiky hromadné sa vyrovnali syntetikom z pozitívnej selekcie, čo vysvetľuje malé šľachtiteľské pokroky pri šľachtení na úrodu. Preto treba šľachtiť na jednotlivé znaky (G u y, 1981), prípadne smery využitia, pričom treba počítať s tým, že to bude na úkor iných vlastností, podobne ako pri šľachtení obilnín, pri ktorých sa úspechy vo zvýšení úrod zrna dosiahli vďaka zníženiu zberového indexu.

L i t e r á t ú r a

- ANONYM: Bulletin des variétés Plantes fourragères. I.N.R.A Versailles. 1975
- ANONYM: Listina povolených odrôd (kultivarov) poľných plodín zelenín, koreninových a technických plodín, liečivých rastlín, ovocia a viniča hrozno-rodného. Bratislava, 1992 : 154.
- BUTENKO, A. I. - VOCHROVA, L. A. - NABOKICH, K. I.: Izučenie kombinacionnej cennosti potomstv pedigri metodom topkross. Vest. sel.-choz. Nauki Kazachstana, 20, 1977, č. 10.
- DIJKSTRA, J.: Crosses between red clover (*Trifolium pratense* L.) varieties to find a suitable combination for reciprocal recurrent selection. Euphytica 19, 1970 : 40-46.
- GUY, P.: La sélection de la lucerne pour le sendement á Lusignan. Eucarpia, Section Fourage Groupe: Luzerne 1. - 3. júla, 1980, Kompolt, Hongarie 1981 : 1-18.
- HIORTH, G. E.: Quantitative genetik. Göttingen-Heidelberg 1963 : 466 s.
- CHLOUPEK, O.: Šlechtění a semenářství vojtěšky. I. svazek, DDP, 1986 : 237 s.

JÁNOSSY, A.: Geoklimatische Einwirkungen auf die Rotklee - und Luzerne-Population im Hinblick auf deren Züchtung. In: Ber. Arb. Tag, 1966, Gumpenstein, Bundesversuchsanst, alpenl. Landw., 1966 : 119-132.

KNOWLES, R. P.: Polycross progeny tests may underestimate potentials. Forage Notes, 31, 1987 : 39.

NGUYEN, H. T. - SLEPER, D. A.: Theory and application of halfsib matings in forage grass breeding. TAG, 64, 1983 : 187-196.

PANELLA, A. - LORENZETTI, F.: Choice of the basic plants for improved lucerne varieties. Genet. agr., 23, 1969 : 324-333.

ROD, J.: Význam genetické vyhraněnosti komponentu při křížení jílku mnohokvětého. Genet. a Šlecht., 10, 1974 : 297-305.

SPRAGUE, G. F. - EBERHART, S. A.: In: SPRAGUE, C. F. (Ed.): Corn breeding in corn and corn improvement. Madison, Wisconsin, Ann. Soc. Agron, 1977 : 305-362.

UMAERUS, M. - AKERBERG, E.: Natural selection as a breeding method in red clover. In: Recent Pl. Breed. Res., Stockholm-Göteborg-Uppsala, London 1964 : 31-47.

UŽÍK, M. - MIŠTINOVÁ, A.: Reakcia kultivarov d'ateliny lúčnej na rozličné ekologické podmienky. 1. Úroda krmiva. In: Ved. Pr. VÚRV, 15, 1978 : 125-134.

UŽÍK, M.: Selekcia na odolnosť voči koreňovej hnilobe a trvácnosť d'ateliny lúčnej. Poľnohospodárstvo, 29, 1983 : 201-212.

UŽÍK, M.: Predpoveď výkonnosti hybridných populácií d'ateliny lúčnej (*T. pratense* L.). In: Sbor.: Biometrické - genetické metody ve šlechtění rostlin. Lednice 1988 : 52-66.

Došlo dňa 13. 10. 1992

M. Užík (Research Institute for Crop Production, Priešťany, Slovak Republic)

The performance of synthetics derived from family polycross and topcross in red clover

Fifty plants were chosen from 18 diploid varieties and their offspring were included in family polycross (Rx) ((T. I.) and topcross (Tx) (Štart as a tester variety). Offspring from both tests were evaluated in an experiment with split plots - SvRx/82 and SvTx/82 (plot = family, subplot = offsprings either from topcross or polycross), and topcross offsprings were also evaluated in a row crop - SvTx-r/82 (Table II). Topcross families had the higher seed yields than polycross ones. In each experiment four families with the highest yield (+) and four families with the lowest yield (-) were chosen; genotype synthetics (G) were produced from the when the seed from polycross and topcross nurseries was planted (Table I) while phenotype synthetics (P) originated when the seed from progeny tests was planted (Table II). The direct selection differential from the SvRx/82 experiment was in good correlation with the indirect differential in the SvTx/82 experiment and vice versa, but the direct selection differential in the SvTx/82 experiment with row planting was not in agreement with the indirect differential in the experiment with spacing layout. After one generation of synthetic growing in isolation

(Syn G propagated at spacing layout, the seed was obtained in the year of planting, Syn P propagated in rows, the seed was obtained in the second year), synthetics G⁺, P⁺ and cumulative synthetics (produced from an aliquot number of all plants from the HSRx-1 polycross and HST-1 topcross and from progeny tests of the offsprings HSR-2 and HST-2) were included in performance tests for mass and seed yields (Table III). Negative selection was more effective than positive selection. The differences between plus and minus selection were larger in seed yield than in mass yield, but this applies only to synthetics G and to synthetics from selection according to the results of the experiment with spacing layout.

As to synthetics P from performance test components, a difference for two-way selection was only in seed yield. An unexpected result was that phenotype synthetics had the higher mass and seed yields than their genotype analogues including control cumulative synthetics, by 5.89 % for mass yield and by 32.7 % for seed yield. The seed yield of the cumulative synthetic (HS) from all plants included in performance tests was higher (151.89) in comparison with the cumulative synthetic from all polycross plants (100 %). Similarly, the higher seed yield (29.69 %) was observed in the synthetic from the seed of strains from performance tests (ScTx-r/82) in comparison with the cumulative synthetic from topcross families (from the reserve from which the SvTx-r/82 experiment was laid out]. Increases in mass and seed yields were higher for synthetics from negative selection than for those from positive selection. The higher yield of Syn P in comparison with Syn G of the synthetic generation can be explained from the pressure of natural selection (including the competition at row planting in P synthesis) on the population of nonadapted families, or of recombined genotypes. Cumulative synthetics from the components of the second generation had the same yields as synthetics from positive selection, which indicates the high effectiveness of natural selection.

red clover; polycross; topcross; two-way selection; synthetics

ŽIVOTNÍ JUBILEA

Doc. Ing. Ľudovít Č e r m í n, CSc., šesťdesiatročný

Doc. Ing. Ľudovít Č e r m í n, CSc., sa narodil 14. júna 1932 v Partizánskej Ľupči okres Liptovský Mikuláš. Pochádza z maloroľníckej rodiny. Ľudovú školu navštevoval v rodnej obci. Na gymnáziu v Ružomberku zmaturoval v roku 1951 s vyznamenaním. Štúdium na Vysokej škole poľnohospodárskej v Nitre skončil s vyznamenaním v roku 1955. Po skončení vysokej školy pracoval v okrese Košice ako úsekový agronóm STS, neskôr vo funkcii okresného agronóma. Na Vysokej škole poľnohospodárskej v Nitre ako pedagóg pracuje od 1. októbra 1959. V roku 1966 úspešne obhájil kandidátsku dizertačnú prácu „Charakteristika a výber domácich odrôd ozimnej pšenice a ich využitie pre šľachtenie odrôd intenzívneho typu“. V roku 1969 sa habilitoval za docenta na základe riadne predloženej a úspešne obhájenej habilitačnej práce „Štúdium niektorých kvantitatívnych znakov odrôd a hybridov ozimnej pšenice“. V dôsledku „tvrdého normalizačného procesu“ na Vysokej škole poľnohospodárskej v Nitre, docentský dekrét obdržal až v roku 1981!

Aj napriek diskriminácii v tomto období sa aktívne podieľa na výchove poľnohospodárskych odborníkov, najmä na fyto technickom štúdiom odbore. Tu zabezpečuje výučbu šľachtenia a semenárstva rastlín, poľného pokusníctva. V tom čase ako spoluriešiteľ sa úspešne podieľal na riešení viacerých výskumných úloh. Aktívne pracoval v slovenskom kolektíve šľachtiteľov pšenice. Pripravil a doteraz gestoroval tri postgraduálne kurzy zo semenárstva. Aktívne pracuje v Komisii pre využitie matematických metód v biológii pri odbore rastlinnej výroby ČSAZV, kde gestoroval niekoľko letných škôl biometriky. Od roku 1989 doteraz vykonáva funkciu prodekana na Agronomickej fakulte Vysokej školy poľnohospodárskej v Nitre. Je gestorom pre výučbu disciplín: Šľachtenie rastlín na fyto technickom študijnom odbore; Všeobecné šľachtenie rastlín; Šľachtenie poľných plodín a Semenárstvo na špecializovanom štúdiu - šľachtenie rastlín.

Doc. Ing. Ľudovít Č e r m í n, CSc., doteraz publikoval samostatne a v spoluautorstve viac ako šesťdesiat pôvodných vedeckých prác, odborných príspevkov a referátov na sympóziách a vedeckých konferenciách. Je spoluautorom dvoch celoštátnych vysokoškolských učebníc zo šľachtenia rastlín (1982 a 1990) a knižnej publikácie „Poľné pokusníctvo“ (1969). Pod jeho vedením skončilo vysokoškolské štúdium viac ako sto diplomantov, doteraz vyškolil a vedie osem vedeckých aspirantov a doktorantov.

Kto pozná jubilanta, môže právom namietať, že tento strohý výpočet jeho činnosti nevyčerpáva charakteristiku jeho osobnosti lebo faktor dobrého, čestného a vždy ochotného človeka pomôcť a poradiť druhému, sú charakteristickými atribútmi jubilanta, ktoré je obtiažne aj najnovšími biometrickými metódami exaktne zhodnotiť a vyjadriť.

Jubilantovi prajeme, aby si aj tieto ušľachtilé črty „človečenstva“ zachoval aj po vstupe do rodiny „starších“, mal pevné zdravie, radosť z práce a svojej rodiny, dlhé roky plnou priehrsťou odovzdával vedomosti mladej a mladšej generácii, dobrosrdečnosťou a optimizmom aj naďalej okolo seba vytváral dobré pracovné prostredie.

Ing. Ján Petrovič

EFEKTÍVNOSŤ KRITÉRIÍ VEĽKOSŤ A POČET KLÍČNYCH PÓROV PRE ZNAK NEREDUKOVANÉ PEĽOVÉ ZRNÁ A JEHO VARIABILITA U DIHAPLOIDNÝCH KLONOV ZEMIAKA

Dana ŠUBOVÁ

VŠÚZ Veľká Lomnica, Výskumná a šľachtiteľská stanica, 033 01 Liptovský Hrádok

Pri zisťovaní variability znaku tvorba neredukovaných gamet - peľových zŕn na diploidnej úrovni u zemiaka sme potvrdili literárne údaje o neúplnej penetrancii a kolísajúcej expresivite tohoto znaku, a to nielen medzi genotypmi, ale aj medzi jednotlivými kvietkami. Výraznejšie rozdiely boli zistené pri vyššej expresivite znaku a táto bola závislá od nižších teplôt (hlavne nočných) pri indukcii kvetenstiev. Zistili sme, že veľkosť peľových zŕn je presnejším kritériom pre určenie neredukovaných peľových zŕn ako počet klíčnych pórov.

zemiak; variabilita; genotyp; kvietky; neredukované peľové zrná; dihaploid; klíčne póry; meiotická retetraploidizácia; expresivita; penetrancia

Poruchy meiózy, vedúce k tvorbe neredukovaných gamet, sú u zemiaka výsledkom existencie aliel ps, pc, sy a ds, výsledkom účinku ktorých sú restitučné jadrá, synaptické a desynaptické mutanty a v konečnom dôsledku unilaterálna, alebo bilaterálna meiotická retetraploidizácia pri fixácii menšej, či väčšej časti genetickej variability rodičovského komponenta (R a m a n n a, 1974; J o h n s t o n et al., 1986; O k w u a g w u, P e l o q u i n, 1981; S t e l l y, P e l o q u i n, 1985; V e i l l e u x, 1985; H o o k e r, L a u d e o, 1989; W a t a n a b e, P e l o q u i n, 1989).

Ako prvé mechanizmy boli popísané ps-paralelné vretená (FDR) a pc-predčasná cytokinéza (SDR) (M o k, 1975). Neskôr boli popísané rôzne synaptické mutanty, sy1, sy2, sy3, sy4 (R a m a n n a, 1988; P a r r o t t, H a n n e m a n, 1988) a desynaptický mutant ds 1 (J o n g e d i j k, 1991).

Zistilo sa, že pri pc mechanizme je najvyššia možná fixácia variability rodičovského komponenta 39,6 % a pri ps mechanizme 80,2 %, v závislosti na vzdialenosti génu od centroméry a frekvencii crossoveru (H e r m s e n, 1984).

Štúdium geneticky podmienených porúch meiózy sa začalo u zemiaka intenzívne rozvíjať po prvej masovej indukcii dihaploidov a po poznaní, že diploidná úroveň môže predstavovať len prechodnú úroveň v analyticko-syntetických programoch šľachtenia. Prechod na tetraploidnú úroveň meiotickou cestou je efektívnejší ako prechod mitotickou cestou, ktorý okrem problémov s perikli-

nálnym chimerizmom nesie so sebou i nebezpečenstvo inzuchtnej depresie (H a y n e s, 1992).

Efektívnosť analyticko-syntetických programov, využívajúcich prechod na diploidnú úroveň, ktoré umožňujú inkorporáciu zárodočnej plazmy divých diploidných druhov, a tým obohatenie genofondu kultúrnych zemiakov, a sú rozpracovávané vo všetkých zemiakárskych oblastiach, je priamo závislá od mechanizmu genetickej podmienenosti meiotickej retetraploidizácie a jeho stability.

Mutácie vedúce k poruchám meiózy boli popísané ako jednoduchí recesívni mutanti (M o k, 1975; H e r m s e n, 1984). V e i l l e u x a L a v e r (1981) popísali ds-fúziu vretienok, ako formu intenzívnej expresivity génu ps-paralelné vretená a presadzujú hypotézu neúplnej penetrancie s variabilnou expresivitou. Pri štúdiu rozšírenia aliel ps a pc v populáciách divých, primitívnych a kultúrnych druhov zemiakov sa zistila pri tvorbe peľu frekvencia výskytu ps v populáciách až 85 % (W a t a n a b e, P e l o q u i n, 1989). Neredukované vajička boli popísané ako výsledok mechanizmu SDR (Y e r k, P e l o q u i n, 1988), ale C o n i c e l l a et al. (1991) popísal prítomnosť súčasne oboch mechanizmov (FDR i SDR) pri tvorbe vajíčok.

Unilaterálna retetraploidizácia v smere $4x \times 2x$ bola popísaná ako najefektívnejšia (O r t i z et al., 1991) a závislosť expresivity znaku tvorba neredukovaného peľu ako od genetického pozadia, tak aj od vonkajších podmienok, kde bol zistený silný vplyv teploty (H e r m s e n, 1984). Ako kritériá pre neredukované peľové zrná sú udávané veľkosť $\geq 25\mu\text{m}$ a počet klíčnych pórov 4 (B a m b e r g, H a n n e m a n, 1990).

Cieľom našej práce bolo porovnanie variability v tvorbe veľkých ($\geq 25\mu\text{m}$), peľových zrn medzi jednotlivými dihaploidnými genotypmi po predchádzajúcej dvojročnej selekcii na násadu semien i medzi kvitkami v rámci genotypov v závislosti od termínu výsadby rastlín (v závislosti od teplotných pomerov pri indukcii kvetenstiev) a porovnanie účinnosti selekcie oboch kritérií, veľkosti a počtu pórov u peľových zrn.

MATERIÁL a METÓDY

Ako pokusný materiál pre zisťovanie variability znaku tvorba neredukovaných peľových zrn sme vybrali 11 vlastných interdiaploidov, dva klony *S. rybinii* a dva dihaploidné klony z USA získané z ústavu v Koreneve. 11 interdiaploidov bolo výsledkom kríženia hybridov dihaploidov so zámernou selekciou na tvorbu neredukovaných gamet podľa násady semien v hybridizácii. Dihaploidné klony H 2/4, H 2/7, HH 94, H 2/17 a HH 490 sme získali z Havl. Brodu a klon *S. phureja* IvP 48 z Gross-Lüsewitz. Tvorba neredukovaných gamet bola určená na základe tvorby

semien v typoch hybridizácie 4x x 2x a 2x x 4x (Schroeder, Pelouquin, 1983; Jongedijk et al., 1991).

Prehľad materiálov (ročník kríženia 1991)

| Skúšaný klon | Producent neredukovaných gamét | | Pôvod |
|--------------|--------------------------------|-------------|--------------------------------|
| | vajíčok | pefu | |
| S88 1/36 | - | x | 79/26 x 77/79 |
| S88 1/33 | * | - | 79/26 x 77/79 |
| S88 6/7 | - | netestovaný | H2/4 x 76/60 |
| S88 6/17 | - | - | H2/4 x 76/60 |
| S88 27/11 | netestovaný | * | H2/4 x <i>S.phureja</i> IvP 48 |
| S88 28/156 | - | netestovaný | H2/4 x <i>S.phureja</i> IvP 48 |
| S88 16/16 | netestovaný | netestovaný | II 707 x 279-1 (USA) |
| S88 19/33 | netestovaný | - | <i>S.rybinii</i> |
| S88 20/13 | - | - | <i>S.rybinii</i> |
| S88 9/32 | - | netestovaný | 77/64 x 77/79 |
| S88 9/5 | netestovaný | netestovaný | 77/64 x 77/79 |
| S88 4/48 | netestovaný | netestovaný | H2/17 x 77/79 |
| SS88 14/62 | - | netestovaný | MD 88-31 (USA) |
| S88 13/5 | netestovaný | netestovaný | 76/60 x 79/13 |
| S84 74/30 | netestovaný | netestovaný | H2/4 x HH 94 |

Prehľad materiálov so zámernou selekciou na tvorbu neredukovaných gamet (ročník kríženia 1990)

| Klon | Producent neredukovaných gamét | | Pôvod |
|-----------|--------------------------------|------------|---------------------------------|
| | vajíčok | pefu | |
| S84 79/26 | * | etestovaný | HH 490 x H2/7 |
| S84 79/13 | * | * | HH 490 x H2/7 |
| S84 77/79 | netestovaný | * | HH 490 x H2/4 |
| S84 77/64 | * | etestovaný | HH 490 x H2/4 |
| S84 76/60 | * | * | H2/4 x HH 490 |
| H 2/4 | - | * | MP 37 x <i>S.phureja</i> IvP 10 |
| H 2/7 | netestovaný | * | MP 37 x <i>S.phureja</i> IvP 10 |
| H 2/17 | * | * | MP 37 x <i>S.phureja</i> IvP 10 |
| HH 490 | - | - | neznámy pôvod |
| HH 94 | * | * | eznámy pôvod |

MP 37 = *S. vernei* x haploid *S. tub.* x dihaploid z Wisconsinu

Hodnotili sme dva parametre u zreých peľových zŕn. Počet klíčnych pórov (u neredukovaných zŕn dihaploidov sú 4) a veľkosť peľových zŕn (ich rozmer je u neredukovaných peľových zŕn dihaploidov $\geq 25 \mu\text{m}$) (E i j l a n d e r, 1985; B a m b e r g, H a n n e m a n, 1990). Hodnotili sme po 100 peľových zŕn z troch kvietkov približne rovnakého vývinového štádia z každého genotypu, t. j. po 300 peľových zŕn.

Výsadbu rastlinného materiálu sme urobili v skleníku do zmesi zemina, rašelina, piesok v dvoch termínoch, začiatkom marca a začiatkom mája. Denná teplota sa pri indukcii kvetenstiev pohybovala v 1. termíne od 10 do 20 °C a v 2. termíne od 20 do 35 °C. Nočná teplota sa pri indukcii kvetenstiev pohybovala v 1. termíne od 5 do 7 °C a v 2. termíne od 14 do 18 °C.

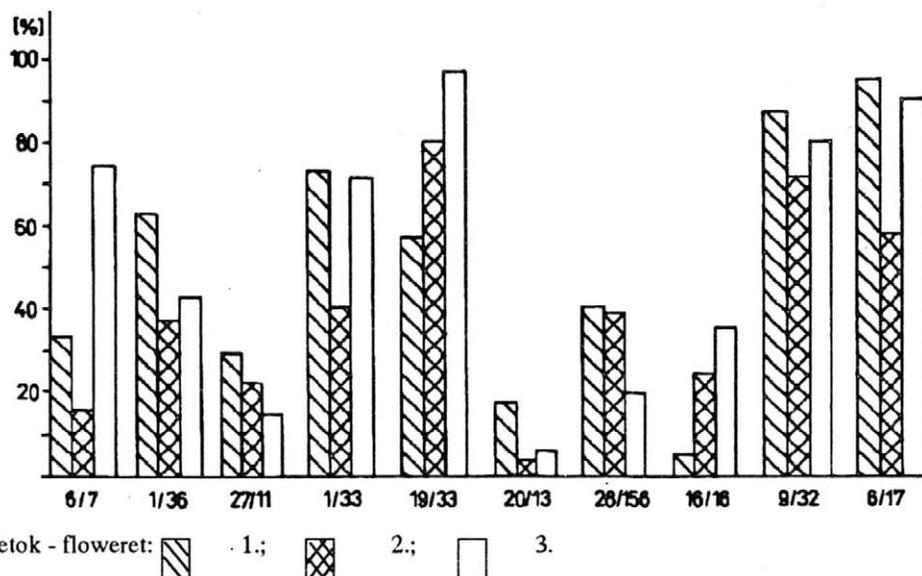
Výpočet základných štatistických charakteristík (\bar{x} , s , v) a štatistické vyhodnotenie t -testom nám urobili na Katedre genetiky a šľachtenia AF VŠP v Nitre

VÝSLEDKY a DISKUSIA

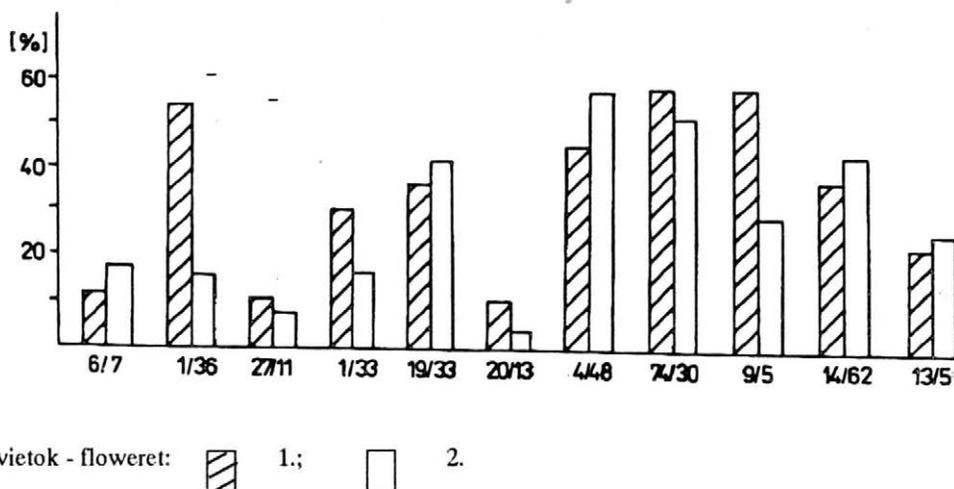
Podľa počtu klíčnych pórov sme vyhodnotili 11 klonov z 1. i 2. termínu výsadby rastlín a diploidný divý druh *S. chacoense*, ktorý je nositeľom mechanizmu tvorby neredukovaných peľových zŕn (W a t a n a b e, P e l o q u i n, 1989). Prítomnosť štyroch klíčnych pórov sme pozorovali len v štyroch prípadoch, u klonu 20/13 v oboch termínoch výsadby a u klonov 9/5 a 74/30. Zo 78 možných dvojíc súborov bol preukazný rozdiel len medzi siedmi, a to medzi 27/11 (1. termín) a 9/5 (2. termín), 27/11 (1. t.) a 14/62 (2. t.), 27/11 (1. t.) a 74/30 (2. t.), 27/11 (1. t.) a 19/33 (2. t.), 9/5 (2. t.) a 4/48 (1. t.), 4/48 (1. t.) a 14/62 (2. t.), 4/48 (1. t.) a 20/13 (1. t.) (tab. I).

Percentuálne zastúpenie veľkých ($\geq 25 \mu\text{m}$) peľových zŕn merané z troch kvietkov 1. termínu výsadby a dvoch kvietkov 2. termínu výsadby je uvedené na obr. 1 a 2. Z porovnania percentuálneho zastúpenia veľkých peľových zŕn u tých istých genotypov v oboch termínoch výsadby je u všetkých šiestich klonov vyššie zastúpenie veľkých peľových zŕn v 1. termíne výsadby. U klonov 1/33, 6/7, 1/36 a 19/33 je rozdiel štatisticky preukazný (tab. II). Toto súhlasí s údajmi, že nižšie teploty v období indukcie kvetenstiev podporujú tvorbu neredukovaných peľových zŕn (T i e m a n n, 1991-ústne oznámenie), ale aj s údajmi, ktoré uvedol H e r m s e n, (1984), o priaznivom vplyve alternatívnych teplôt.

Zo 45 možných kombinácií medzi klonmi 1. termínu výsadby sú štatisticky nepreukazné rozdiely len v deviatich prípadoch, kým v 2. termíne výsadby je to z 55 možných kombinácií až v 20 prípadoch (tab. III a IV). Existujú štatisticky preukazné rozdiely v produkcii veľkých peľových zŕn medzi klonmi. Tieto sú výraznejšie v podmienkach indukujúcich vyššiu expresivitu tohoto znaku, teda pri vývoji rastliny a indukcii kvetenstiev pri nižších teplotách (hlavne nočných).



1. Percentuálne zastúpenie veľkých peľových zŕn v troch kvietkoch 1. termín vysadby rastlín dihaploidných klonov zemiaka – Percentage of big pollen grains in three flowerets from the first term of planting the dihaploid clones of potato



2. Percentuálne zastúpenie veľkých peľových zŕn u dvoch kvietkoch 2. termínu vysadby rastlín dihaploidných klonov zemiaka – Percentage of big pollen grains in two flowerets from the second term of planting the dihaploid clones of potato

I. Základné štatistické parametre znaku počet pórov peľových zŕn a percentuálne zastúpenie dvoch skupín peľových zŕn u diploidnej úrovne zemiaka – Basic statistical parameters of the trait - number of pores in pollen grains and percentage of two groups of pollen grains in diploid level of potato

| Klon ¹ | Termín výsadby ² | Počet pórov ³ | | \bar{x} | s | v | Počet pórov [%] | |
|---------------------|-----------------------------|--------------------------|------|-----------|-------|-------|-----------------|----------|
| | | min. | max. | | | | 2 | 3 a viac |
| <i>S. chacoense</i> | 1. | 2 | 3 | 2,80 | 0,404 | 14,43 | 21 | 79 |
| 20/13 | 1. | 1 | 4 | 2,80 | 0,495 | 17,67 | 16 | 84 |
| 1/36 | 1. | 2 | 3 | 2,78 | 0,418 | 15,05 | 22 | 78 |
| 27/11 | 1. | 2 | 3 | 2,90 | 0,303 | 10,45 | 10 | 90 |
| 6/7 | 1. | 2 | 3 | 2,86 | 0,351 | 12,26 | 14 | 86 |
| 1/33 | 2. | 2 | 3 | 2,84 | 0,370 | 13,04 | 14 | 86 |
| 9/5 | 2. | 2 | 4 | 2,72 | 0,497 | 18,25 | 30 | 70 |
| 4/48 | 2. | 1 | 3 | 2,90 | 0,364 | 12,56 | 8 | 92 |
| 14/62 | 2. | 1 | 3 | 2,72 | 0,497 | 18,25 | 28 | 72 |
| 13/5 | 2. | 2 | 3 | 2,80 | 0,404 | 14,43 | 22 | 78 |
| 74/30 | 2. | 2 | 4 | 2,72 | 0,497 | 18,25 | 30 | 70 |
| 19/33 | 2. | 2 | 3 | 2,74 | 0,443 | 16,17 | 26 | 74 |
| 20/13 | 2. | 2 | 4 | 2,88 | 0,385 | 13,38 | 14 | 86 |

¹clone; ²term of planting; ³number of pores

II. Preukaznosť rozdielov v tvorbe veľkých peľových zŕn u tých istých klonov v oboch termínoch výsadby rastlín – Significance of the differences in big pollen grains formation in the same clones from both terms of planting

| Klon ¹ | | 1/33 | 27/11 | 6/7 | 1/36 | 20/13 | 19/33 |
|-------------------|--------------------------------|--------------------------------|-------|-----|------|-------|-------|
| | | 2. termín výsadby ³ | | | | | |
| 1/33 | 1. termín výsadby ² | ++ | | | | | |
| 27/11 | | | - | | | | |
| 6/7 | | | | ++ | | | |
| 1/36 | | | | | ++ | | |
| 20/13 | | | | | | - | |
| 19/33 | | | | | | | ++ |

¹clone; ²one term of planting; ³two term of planting

Z našich výsledkov vyplýva, že pre určenie tvorby neredukovaných peľových zŕn je presnejším ukazovateľom veľkosť peľových zŕn, ako počet pórov, kde sme u klonu 20/13 pozorovali štyri kľúčne póry v oboch termínoch výsadby rastlín, pričom práve tento klon má podľa veľkosti peľových zŕn najnižšiu tvorbu neredukovaného peľu - 9,3 % a 7,5 % (obr. 1 a 2). U klonov 4/48, 1/36, 19/33 a 14/62, ktoré majú pomerne vysoké percento veľkých peľových zŕn, sme štyri kľúčne póry nepozorovali, čo môže byť okrem variability spôsobené technickou chybou pri mikroskopovaní.

Z porovnania rozdielov v tvorbe veľkých peľových zŕn medzi jednotlivým kvietkami sme zistili v 1. termíne výsadby rastlín preukazné rozdiely medzi všetkými kvietkami u troch klonov (6/7, 16/16 a 19/33), teda aj u klonov s vyššou aj nižšou expresivitou tohoto znaku. Štatisticky preukazné rozdiely medzi dvomi dvojicami sú u klonov 1/33, 6/17, 28/156, 1/36 a štatisticky preukazné rozdiely medzi dvomi kvietkami sú u klonov 9/32 a 27/11. Nepreukazné rozdiely medzi kvietkami v produkcii veľkých peľových zŕn boli len u klonu 20/13 (tab. V). V 2. termíne výsadby rastlín boli štatisticky preukazné rozdiely medzi kvietkami len u klonov 1/36, 9/5 a 1/33 (tab. VI).

III. Rozdiely vo veľkosti peľových zŕn medzi klonmi 1. termínu výsadby rastlín – Differences in the size of pollen grains among the clones from the first term of planting

| Klon | 1/36 | 27/11 | 19/33 | 1/33 | 20/13 | 28/156 | 16/16 | 6/17 | 9/32 |
|--------|------|-------|-------|------|-------|--------|-------|------|------|
| 6/7 | ++ | - | + | + | + | - | - | + | + |
| 1/36 | | ++ | + | - | + | - | + | + | + |
| 27/11 | | | ++ | + | + | | - | + | + |
| 19/33 | | | | ++ | + | + | + | - | - |
| 1/33 | | | | | ++ | + | + | + | + |
| 20/13 | | | | | | ++ | + | + | + |
| 28/156 | | | | | | | ++ | + | + |
| 16/16 | | | | | | | | ++ | + |
| 6/17 | | | | | | | | | - |

Expresivita tvorby veľkých, t. j. neredukovaných peľových zŕn kolíše nielen závislosti od vonkajších podmienok, ale aj v rámci jedného genotypu medzi jednotlivými kvietkami, a to tým viac, čím je vyššia expresivita tohoto znaku. Zo šľachtiteľského pohľadu je preto veľmi dôležité okrem poznania a dodržania podmienok, ktoré zvyšujú expresivitu tohoto znaku (najlepšie indukovať kvitnutie v klimaboxoch, alebo využívať skorý termín výsadby donorových rastlín, aj keď

je bežne doporučovaný termín neskorší - začiatkom mája) selektovať klony s vysokou, ale aj stabilnou hodnotou tvorby neredukovaných peľových zŕn (klon 1/36). Zdá sa nám však, že stabilné genotypy môžu mať práve často nízke hodnoty tvorby neredukovaných peľových zŕn (klony 27/11 a 20/13). Pri dostatočnej tvorbe peľu by bolo preto vhodné robiť preselekcii pred krížením aj podľa kvietkov, čo by viedlo k zefektívneniu unilaterálnej tetraploidizácie v smere $4x \times 2x$.

IV. Rozdiely vo veľkosti peľových zŕn medzi klonmi 2. termínu výsadby rastlín – Differences in the size of pollen grains among the clones from the second term of planting

| Klon | 1/36 | 27/11 | 19/33 | 1/33 | 20/13 | 9/5 | 4/48 | 74/30 | 14/62 | 13/5 |
|-------|------|-------|-------|------|-------|-----|------|-------|-------|------|
| 6/7 | ++ | + | - | + | + | + | + | + | + | - |
| 1/36 | | - | - | ++ | + | - | - | + | - | + |
| 27/11 | | | - | - | ++ | + | - | + | + | |
| 19/33 | | | | - | ++ | + | - | + | - | - |
| 1/33 | | | | | ++ | + | + | + | + | - |
| 20/13 | | | | | | ++ | + | + | + | + |
| 9/5 | | | | | | | - | - | - | ++ |
| 4/48 | | | | | | | | ++ | - | + |
| 74/30 | | | | | | | | | - | ++ |
| 14/62 | | | | | | | | | | ++ |

Z klonov testovaných v predchádzajúcom roku v krížení klony 6/17 a 20/13 nevytvorili semená, pričom oba klony tvorili veľké peľové zrná, klon 6/17 v najvyššej frekvencii zo všetkých genotypov (obr. 1 a 2). Toto by potvrdzovalo hypotézu o neúplnej penetrancii (V e i l e u x, L a v e r, 1981), čo komplikuje selekcii klonov do kríženia podľa prítomnosti neredukovaných gamet u rodičov, aj keď ide o znak s jednoduchou recesívnou dedičnosťou (M o k, 1975; H e r m s e n, 1984). Genotyp HH 490 môže byť pre tento znak heterozygotný, alebo neprítomnosť semien pri krížení môže byť tiež výsledkom neúplnej penetrancie, keďže klon 76/60 (výsledok kríženia H 2/4 x HH 490) tvoril semená keď bol použitý v krížení aj ako otcovský, aj ako materský partner.

Pre efektívne využívanie analyticko-syntetickej schémy šľachtenia na báze dihaploidov s možnosťou inkorporácie zárodočnej plazmy divých druhov, je potrebné rešpektovať neúplnú penetranciu a kolíšúcu expresivitu jednoducho recesívne dedených porúch meiózy a pri selekcii zohľadňovať ako pôvod klonu, tak i tvorbu semien v experimentálnom krížení, dodržiavať podmienky zvyšujúce

V. Základné štatistické parametre znaku veľkosti peľových zŕn u troch kvietkov 1. termínu výsadby rastlín – Basic statistical parameters of the trait - size of pollen grains in three flowerets from the second term of planting

| Klon | Kvietok ² | $x_{\min.}$ | $x_{\max.}$ | \bar{x} | s | v | Preukaznosť | | |
|--------|----------------------|-------------|-------------|-----------|-------|-------|-------------|-----|-----|
| | | | | | | | 1-2 | 1-3 | 2-3 |
| 27/11 | 1. | 18 | 30 | 23,14 | 2,889 | 12,48 | | | |
| | 2. | 14 | 34 | 22,88 | 2,972 | 12,99 | - | + | - |
| | 3. | 18 | 30 | 22,24 | 2,610 | 11,73 | | | |
| 6/7 | 1. | 14 | 34 | 23,02 | 4,936 | 21,44 | | | |
| | 2. | 16 | 30 | 21,78 | 3,374 | 15,49 | + | ++ | ++ |
| | 3. | 16 | 32 | 25,74 | 3,547 | 13,79 | | | |
| 1/36 | 1. | 12 | 32 | 25,22 | 3,560 | 14,12 | | | |
| | 2. | 14 | 36 | 23,58 | 4,560 | 19,34 | ++ | + | - |
| | 3. | 12 | 30 | 22,78 | 4,840 | 21,25 | | | |
| 9/32 | 1. | 16 | 40 | 28,78 | 3,917 | 13,61 | | | |
| | 2. | 20 | 36 | 27,58 | 4,093 | 14,84 | + | - | - |
| | 3. | 20 | 40 | 27,98 | 3,809 | 13,61 | | | |
| 1/33 | 1. | 18 | 32 | 26,30 | 2,687 | 10,22 | | | |
| | 2. | 16 | 32 | 23,84 | 3,097 | 13,00 | ++ | - | ++ |
| | 3. | 16 | 34 | 26,28 | 3,241 | 12,33 | | | |
| 6/17 | 1. | 22 | 38 | 29,37 | 3,193 | 10,87 | | | |
| | 2. | 18 | 36 | 25,31 | 3,730 | 14,74 | ++ | - | ++ |
| | 3. | 20 | 40 | 28,63 | 3,584 | 12,52 | | | |
| 16/16 | 1. | 16 | 32 | 20,46 | 2,650 | 12,95 | | | |
| | 2. | 16 | 28 | 22,92 | 2,246 | 9,79 | ++ | ++ | + |
| | 3. | 18 | 30 | 23,56 | 2,302 | 9,77 | | | |
| 19/33 | 1. | 18 | 30 | 25,22 | 2,900 | 11,49 | | | |
| | 2. | 20 | 36 | 26,84 | 2,850 | 10,60 | ++ | ++ | ++ |
| | 3. | 24 | 40 | 29,92 | 2,604 | 8,70 | | | |
| 28/156 | 1. | 18 | 36 | 24,20 | 4,316 | 17,83 | | | |
| | 2. | 18 | 32 | 24,02 | 3,452 | 14,37 | - | ++ | ++ |
| | 3. | 18 | 30 | 22,46 | 2,603 | 11,59 | | | |
| 20/13 | 1. | 16 | 32 | 21,18 | 3,608 | 17,04 | | | |
| | 2. | 16 | 26 | 21,10 | 3,080 | 14,60 | - | - | - |
| | 3. | 16 | 28 | 21,56 | 2,194 | 10,18 | | | |

Holds for Tables V and VI:

¹clone; ²floret; ³significance

expresivitu tvorby neredukovaných peľových zŕn i zohľadňovať veľkú variabilitu medzi jednotlivými kvietkami toho istého klonu, pre čo najefektívnejšie využitie doporučovanej schémy 4x x 2x v šľachtení.

VI. Základné štatistické parametre znaku veľkosť peľových zŕn u dvoch kvietkov druhého termínu výsadby rastlín – Basic statistical parameters of the trait - size of grains in two flowerets from the second term of planting

| Klon ¹ | Kvietok ² | $x_{\min.}$ | $x_{\max.}$ | \bar{x} | s | v | Preukaznosť ³ [%] |
|-------------------|----------------------|-------------|-------------|-----------|-------|-------|------------------------------|
| 27/11 | 1. | 18 | 28 | 22,56 | 2,071 | 9,18 | - |
| | 2. | 10 | 26 | 22,50 | 2,209 | 9,82 | |
| 6/7 | 1. | 16 | 28 | 21,74 | 2,666 | 11,96 | - |
| | 2. | 16 | 30 | 22,50 | 3,145 | 13,98 | |
| 1/36 | 1. | 18 | 34 | 25,42 | 2,731 | 10,74 | ++ |
| | 2. | 16 | 28 | 23,08 | 2,210 | 9,57 | |
| 9/5 | 1. | 18 | 32 | 25,26 | 2,866 | 11,35 | ++ |
| | 2. | 10 | 30 | 20,28 | 4,293 | 21,17 | |
| 4/48 | 1. | 15 | 36 | 24,83 | 3,334 | 13,43 | ++ |
| | 2. | 16 | 32 | 25,12 | 3,870 | 16,41 | |
| 74/30 | 1. | 16 | 34 | 25,96 | 3,596 | 13,85 | - |
| | 2. | 16 | 34 | 25,16 | 4,111 | 16,34 | |
| 19/33 | 1. | 14 | 40 | 23,38 | 4,373 | 18,71 | - |
| | 2. | 14 | 36 | 23,82 | 4,246 | 17,83 | |
| 14/62 | 1. | 16 | 36 | 24,40 | 3,846 | 15,76 | - |
| | 2. | 14 | 32 | 24,58 | 3,542 | 14,41 | |
| 13/5 | 1. | 16 | 34 | 22,74 | 3,681 | 16,19 | - |
| | 2. | 16 | 32 | 23,16 | 3,676 | 15,87 | |
| 20/13 | 1. | 14 | 30 | 20,58 | 3,621 | 17,60 | - |
| | 2. | 16 | 28 | 19,88 | 2,571 | 12,93 | |

Literatúra

- BAMBERG, J. B. - HANNEMAN, R. E.: Rapid ploidy screening of tuber-bearing *Solanum* (potato) species through pollen diameter measurement. Amer Potato J., 68, 1991 279-285.
- CONICELLA, C. - BARONE, A. - DEL GIUDICE, A. - FRUSCIANTE, L. - MONTI, L. M.: Cytological evidences of SDR-FDR mixture in the formation of 2n eggs in a potato diploid clone. Theor. appl. Genet., 81, 1991 : 59-63.
- EIJLANDER, R.: Manipulation of the 2n-gametes frequencies in *Solanum* pollen. Euphytica, 39, 1988 : 40-50.

- HAYNES, K. G.: Some aspects of inbreeding in derived tetraploids of potatoes. *J. Heredity*, 83, 1992 : 67-70.
- HERMSEN, J. G. TH.: Mechanisms and genetic implications of $2n$ -gamete formation. *Iowa State J. Res.*, 58, 1984 : 422-434.
- HOOKE, W. J. - LAUDEO, J.: Increasing heterozygosity and tuber yield through the $2n$ gametes breeding approach in potatoes. In: *Research for the potato in the year 2000*, 1989 : 113-114.
- JONGEDIJK, E. - RAMANA, M. S. - SAWOR, Z. - HERMSEN, J. G. TH.: Formation of first division restitution (FDR) $2n$ -megaspores through pseudohomotypic division in ds-1 (desynapsis) mutants in diploid potato: routine production of tetraploid progeny from $2x$ FDR x $2x$ FDR crosses. *Theor. appl. Genet.*, 82, 1991 : 645-656.
- JOHNSTON, S. A. - RUHDE, R. W. - EHLENFELD, M. K. - HANNEMAN, R. E.: Heredity and microsporogenesis of synaptic mutant (Sy-2) in potato *S. commersonii*. *Can. J. Genet. Cytol.*, 28, 1986 : 520-524.
- JOHNSTON, S. A. - NIJS, den T. P. M. - PELOQUIN, S. J. - HANNERMAN, R. E.: The significance of genic balance to endosperm development in inter-specific crosses. *Theor. appl. Genet.*, 57, 1980 : 5-9.
- MOK, D. W.-S.: Cytology, genetics and breeding values of $2n$ gametes in diploid potatoes. *Dissert. Abstr. Intern.*, B 36, 1975 : 1062-1063B.
- OKWUAGWU, C. O. - PELOQUIN, S. J.: A method of transferring the intact parental genotype to the offspring via meiotic mutants. *Amer. Potato J.*, 58, 1981 : 512-513.
- ORTIZ, R. - PELOQUIN, S. J. - FREYRE, R. - IWANAGA, M.: Efficiency of potato breeding using FDR $2n$ gametes for multitrait selection and progeny testing. *Theor. appl. Genet.*, 82, 1991 : 602-608.
- PARROTT, W. A. - HANNEMAN, R. E.: Megasporogenesis in normal and synaptic mutant (sy-2) *S. commersonii* Dun. *Genome*, 30, 1988 : 536-539.
- RAMANNA, M. S.: The origin of unreduced microspores due to aberrant cytokinesis in the meiocytes of potato and its genetic significance. *Euphytica*, 23, 1974 : 20-30.
- STELLY, D. M. - PELOQUIN, S. J.: Screening for $2n$ female gametophytes, female fertility and $2x$ x $4x$ crossability in potatoes (*S. sp.*). *Amer. Potato J.*, 62, 1985 : 519-529.
- SCHROEDER, S. R. - PELOQUIN, S. J.: Seed set in $4x$ x $2x$ crosses as related to $2n$ pollen frequency. *Amer. Potato J.*, 60, 1983 : 102-103.
- VEILLEUX, R. E.: Diploid and polyploid gametes in crop plants mechanisms of formation and utilization in plant breeding. *Pl. Breed. Rev.*, 3, 1985 : 253-288.
- VEILLEUX, R. E. - LAVER, F. I.: Breeding behaviour of yield components and hollow heart in tetraploid-diploid vs. conventionally derived potato hybrids. *Euphytica*, 30, 1981 : 547-561.
- WATANABE, K. - PELOQUIN, S. J.: Occurrence of $2n$ pollen and *ps* gene frequencies in cultivated groups and their related wild species in tuberbearing *Solanums*. *Theor. appl. Genet.*, 78, 1989 : 329-336.
- YERK, G. L. - PELOQUIN, S. J.: $2n$ pollen in eleven $2x$, 2 EBN wild species and their haploid x wild species hybrids. *Potato. Res.*, 31, 1988 : 581-589.

Došlo dňa 2. 4. 1992

D. Šubová (Research and Breeding Station, Liptovský Hrádok, Slovak Republic)

Efficiency of criteria size and number of germ pores for a trait unreduced pollen and its variability in potato dihaploid clones

In studying the variability of the trait creation of unreduced gamete - pollen grains - 11 interhaploids were included in trials which were tested for the creation of unreduced gametes in crossing in the preceding year, two dihaploid clones originated from the U.S.A., two clones *S. rybinii* and one clone *S. chacoense*. A number of germ pores (4) and the size of pollen grains ($= 25 \mu\text{m}$). The clones were planted in the greenhouse in two terms in such a way that the daily temperature in induction of inflorescences was ranging in the first date from 10 °C to 20 °C, in the second date from 20 °C to 35 °C and the night temperature was ranging in the first date from 5 °C to 7 °C and from 14 °C to 18 °C in the second date. It was found out that the size of pollen grains is more exact criterion than the number of germ pores. By comparison of the same clones in both dates of planting, in four clones out of six, a higher proportion of great pollen grains statistically significantly was found in the first date of planting, that is in action of lower temperatures (particularly in night ones) in induction of inflorescences. Statistically significant difference in production of great pollen grains among clones are more frequent in conditions inducing higher expressivity of this trait. Expressivity of the trait - creation of great pollen grains is fluctuating either in dependence on the genotype and the conditions of medium, or within the genotypes among individual florets. Larger differences were again found in the first date of planting, that is at higher expressivity of the trait where statistical significant differences were found among florets in nine clones, while these were found only in three clones in the second date. A case of dihaploid clone 6/17, which created great pollen grains in the highest frequency and did not form any seeds in hybridization in the preceding year, or of the HH 90 clone, which also did not create any seeds in hybridization, and the clone 76/60, derived from the latter, formed seeds in both types of hybridization, $4x \times 2x$ and $2x \times 4x$, confirms the incomplete penetrance of this trait reported in the literature. All these facts are to be considered in analytical and synthetic scheme of breeding on the basis of dihaploids.

Solanum tuberosum L.; variability; genotype; florets; unreduced pollen grains; dihaploid; germ pores; meiotic reteraploidy; expressivity; penetrance

AKTUALITY

GENETICKÁ VARIABILITA RODU *CUCUMIS* A JEJÍ VYUŽITÍ VE ŠLECHTĚNÍ

Aleš LEBEDA, Eva KRÍSTKOVÁ

SEMO, Šlechtitelská stanice zelenin, 798 17 Smržice

Čeď Cucurbitaceae je neobyčejně rozsáhlá a různorodá skupina rostlin, kterou podle současných taxonomických poznatků představuje 118 rodů a 825 druhů. Převážná většina těchto druhů je planě rostoucích a jsou složkami přírodních ekosystémů. Pouze omezená část druhů má hospodářský význam a je využívána v praktickém zemědělství, resp. zahradnictví. Většina z nich jsou zeleniny, případně slouží k průmyslovému zpracování. Určité druhy však mají význam i v lékařství (B a t e s et al., 1990). Z hlediska dlouhodobého pohledu bylo a je pěstováno rozsáhleji asi 16 druhů tykvovitých rostlin. Mezi nejvýznamnější je třeba zahrnout rody *Cucumis*, *Cucurbita*, *Citrullus*, *Lagenaria*, *Luffa*, *Sechium* a *Trichosanthes*.

Tykvovité rostliny se nacházejí a jsou pěstovány zejména v tropickém a subtropickém pásmu. Přibližně asi 90 % druhů se vyskytuje ve třech hlavních oblastech: Afrika a Madagaskar, Střední a Jižní Amerika, jihovýchodní Asie a Malajsko (J e f f r e y, 1990a). Některé druhy, především zástupci rodů *Cucumis* a *Cucurbita*, jsou běžnou součástí zahradnických kultur mírného pásma. Limitujícím faktorem pěstování tykvovitých v temperátních oblastech je teplota, přičemž u běžně pěstovaných druhů není v podstatě známa významnější chladuvzdornost nebo mrazuvzdornost.

Taxonomie a cytogenetika Cucurbitaceae

Taxonomie čeledi Cucurbitaceae je dlouhodobě středem pozornosti. I když byla v této oblasti publikována v posledních letech řada souhrnných prací, stále u mnoha rodů postrádáme ucelený pohled na jejich taxonomii (J e f f r e y, 1990b). Výzkum systematiky je třeba považovat za velmi významný nejen z hlediska teoretického (heuristického), ale i čistě praktického (šlechtění), neboť se týká mnoha závažných otázek. Nejedná se pouze o taxonomický popis jako předpoklad identifikace, ale také o soustředění, uchování a dokumentaci genových zdrojů, poznání geografické distribuce a variability, tvorbu systémů klasifikace dat atd. Těto problematice se často věnují genové banky.

Jako u celé řady jiných skupin rostlin, rovněž i u Cucurbitaceae lze pozorovat výrazný trend od tzv. α - k ω -taxonomii. Znamená to, že je snaha přecházet od původních metod klasifikace, založených na popisu morfologických rozdílů, k aspektům cytologickým, cytogenetickým, fytochemickým a molekulárně-genetickým (P e r l - T r e v e s et al., 1985a,b; R a a m s d o n k et al., 1989). Celé toto pracovní úsilí vyústilo až k současné standardizaci genů u *Cucumis sativus* (P i e r c e , W e h n e r, 1990), *C. melo* (P i t r a t, 1991) a Cucurbitaceae (R o b i n s o n et al., 1976). Na základě výše uvedených přístupů je založeno současné taxonomické členění čeledi Cucurbitaceae, jež je uvedeno souhrnně a ve zkrácené formě v tab. I. Čeleď je rozdělena do dvou podčeledí, přičemž podčeleď Zanonioideae zahrnuje druhy, které mají malý hospodářský význam. Všechny hospodářsky důležité rody a druhy jsou součástí podčeledí Cucurbitoidae.

I. Základní taxonomické členění čeledi Cucurbitaceae (upraveno podle J e f f r e y, 1990)

| Klasifikační jednotka | | |
|-----------------------|--|--|
| Podčeleď | Tribus | Rod |
| Zanonioideae | Zanonieae | celkem 18 rodů (asi 80 druhů) např. <i>Fevillea</i> , <i>Zanonia</i> , <i>Gomphogyne</i> , <i>Actinostemma</i> |
| Cucurbitoidae | Melothrieae Schizopeponeae Jolilleae Trichosantheae Benincaseae Cucurbiteae Cyclantherae Sicyoeae | celkem 100 rodů (asi 745 druhů) <i>Cucumis</i> ($n = 7,12$) <i>Schizopepon</i> ($n = 10$) <i>Momordica</i> ($n = 11,14$) <i>Trichosanthes</i> ($n = 11$) <i>Benincasa</i> ($n = 12$) <i>Lagenaria</i> ($n = 11$) <i>Citrullus</i> ($n = 11$) <i>Luffa</i> ($n = 13$) <i>Cucurbita</i> ($n = 20$) <i>Cyclanthera</i> ($n = 8$) <i>Sechium</i> ($n = 12$) |

n = počet chromozómů

Protože problematika taxonomie, cytogenetiky, genetiky a šlechtění tykvoovitých je neobyčejně rozsáhlá, zaměříme se dále především na otázky spojené s rodem *Cucumis*. Vycházíme přitom z předpokladu, že tento rod je v podmínkách střední Evropy nejvýznamnější, přičemž je reprezentován hojně pěstovaným druhem *C. sativus*.

Podrobné studie o cytologických a cyto genetických aspektech rodu *Cucumis* publikovali D a n e (1991) a R a a m s d o n k et al. (1989). Rod *Cucumis* tvoří 30 druhů. Ke komerčnímu pěstování jsou využívány především druhy *C. sativus* (okurka) a *C. melo* (meloun cukrový); v omezeném rozsahu je pěstována *C. anguria* („West Indian gherkin“) a *C. metuliferus* („horned cucumber“). Ostatní plané druhy jsou pěstovány jako okrasné rostliny, původně vázané na aridní a semiaridní oblasti Afriky. *C. sativus*, *C. hardwickii* a *C. callosus* mají diploidní počet chromozómů $2n = 14$. Naopak u všech ostatních druhů rodu *Cucumis* se počet chromozómů pohybuje v násobku 12, a to v rozmezí 24 až 72. Základní přehled o počtu chromozómů u vybraných druhů rodu *Cucumis* je uveden v tab. II.

II. Počet chromozómů a původ některých druhů rodu *Cucumis* [upraveno podle D a n e, (1991)]

| Druh (vzorek) | $2n$ | Typ | Původ |
|--|------|-----|-----------|
| <i>C. aculeatus</i> (PI 193967) | 48 | V | Etiopie |
| <i>C. africanus</i> (PI 203975) | 24 | J | J. Afrika |
| <i>C. anguria</i> var. <i>anguria</i> (PI 233646) | 24 | J | Etiopie |
| <i>C. anguria</i> var. <i>longipes</i> (PI 249894) | 24 | J | J. Afrika |
| <i>C. dinteri</i> | 24 | V | J. Afrika |
| <i>C. dipsaceus</i> (PI 193498) | 24 | J | Etiopie |
| <i>C. ficifolius</i> (PI 280231) | 24 | V | Etiopie |
| <i>C. fgarei</i> (PI 343699) | 72 | V | Nigerie |
| <i>C. heptadactylus</i> (PI 282446) | 48 | V | J. Afrika |
| <i>C. leptodermis</i> (PI 282447) | 24 | J | J. Afrika |
| <i>C. myriocarpus</i> (PI 299568) | 24 | J | J. Afrika |
| <i>C. meeusi</i> (PI 276068) | 48 | V | J. Afrika |
| <i>C. melo</i> | 24 | J | různý |
| <i>C. metuliferus</i> (PI 202681) | 24 | J | J. Afrika |
| <i>C. prophetarum</i> | 24 | V | Egypt |
| <i>C. sagittatus</i> (PI 282441) | 24 | V | J. Afrika |
| <i>C. sativus</i> | 14 | J | Indie |
| <i>C. zeyheri</i> (PI 203974) | 24 | V | J. Afrika |
| (PI 299570) | 48 | V | J. Afrika |

Typ rostliny: J = jednoletý, V = vytrvalý

Z karyomorfolo gických studií je zřejmé, že rod *Cucumis* je charakterizován značnou variabilitou ve velikosti chromozómů a celkové délce chromatinu. U *C. sativus* se délka chromozómů pohybuje v rozmezí 2,3 - 4,1 μm , u *C. melo* 1,2 - 2,5 μm

(Trivedi, Roy, 1970). Rovněž v množství jaderné DNA jsou podstatně rozdíly u kulturních a planých druhů (Ramachandran, Narayan, 1985). Odlišný základní počet chromozómů u rodu *Cucumis* je v podstatě vysvětlován na základě dvou hypotéz. Podle první byl *C. melo* ($n = 12$) odvozen z *C. sativus* ($n = 7$), nebo příbuzných druhů, na základě fragmentace určitých chromozómů, což bylo doprovázeno regenerací centromer *de novo* a následnou stabilizací (Ayyanagar, 1967). Druhá hypotéza vychází z předpokladu, že $n = 7$ mohl vzniknout z $n = 12$ nerovnoměrnou translokací nebo fúzí nehomologních chromozómů (Yadava et al., 1984). Ze současných podrobných studií genomu, izoenzymů a DNA hybridizace obou druhů vyplývá, že tyto hypotézy nejsou správné. *C. sativus* a *C. melo* jsou evolučně izolované druhy (Dane, 1983; Perl-Treves et al., 1985; Ramachandran, Seshadri, 1986). Tento poznatek také vedl k tomu, že je rod *Cucumis* rozdělován na dva podrody, *Cucumis* a *Melo*. Podrod *Melo* se dále člení nejméně na tři skupiny (Singh, 1990): *Melo*, *Anguria*, *Metuliferus*.

Evoluce a genetická diversita rodu *Cucumis*

Problematice evoluce tykvovitých a rodu *Cucumis* byla věnována řada souhrnných studií (Dane et al., 1980; Perl-Treves, Galun, 1985; Perl-Treves et al., 1985; Singh, 1990; Staub et al., 1987). (Z již uvedených důvodů se zaměříme pouze na základní informace vztahující se k rodu *Cucumis*.)

Za primární genové centrum rodu *Cucumis* je považována Jižní Afrika. V této oblasti lze nalézt většinu planých druhů (Dane et al., 1980). Naopak za centrum vzniku *C. sativus* je považováno indické genové centrum, zejména podhůří Himáláje. Podle názoru mnoha autorů je za progenitora kulturních forem *C. sativus* považován *C. hardwickii*, jehož přirozený výskyt je vázán právě na tuto oblast (Whitaker, Davis, 1962). Použitím klasických a moderních metodických přístupů (jaderně kódované enzymy, izoenzymy, variabilita chloroplastové DNA, DNA hybridizace) bylo možné učinit následující závěry. Zcela izolovanou a samostatnou skupinu tvoří *C. sativus*, který je charakterizován velkými hodnotami D (genetická vzdálenost podle Neie). Rovněž *C. melo* představuje vyhraněnou skupinu. Většina afrických druhů vytváří kompaktní skupinu *Anguria* (např. *C. anguria*, *C. africanus*, *C. dipsaceus*, *C. zeyheri*), od níž se odlišuje několik dalších druhů (*C. metuliferus*, *C. myriocarpus*, *C. sagittatus*). Tyto poznatky jsou základem pro pochopení vzájemné afinity při mezidruhovém křížení v rámci rodu *Cucumis*.

Taxonomické postavení a charakter evoluce rodu *Cucumis* je v přímé souvislosti s genetickou diversitou *C. sativus*. Dosud je k dispozici relativně málo poznatků o genetické diversitě a vazebných vztazích u *C. sativus*. Výsledky elektroforetických analýz ukazují, že v rámci druhu *C. sativus* je velmi omezená genetická diversita (Dane, 1976; Esquinas-Alcazar, 1977; Knerr et al., 1989;

S t a u b et al., 1987). Tato skutečnost limituje zásadní pokrok ve šlechtění okurek a introdukci nových znaků do komerčních odrůd. Podstatně větší genetickou variabilitu lze očekávat v planých druzích rodu *Cucumis* (S t a u b et al., 1987).

Plané druhy rodu *Cucumis* jako genové zdroje ve šlechtění

Výzkum a použití planých druhů rodu *Cucumis* ve šlechtění je dosud relativně málo probádanou oblastí. Především existují snahy o jejich využití jako genových zdrojů ve šlechtění na rezistenci. U okurek a tykvovitých zelenin je známo několik desítek chorob, z nichž nejméně dvanáct je rozsáhle rozšířeno a jež mají velmi podstatný hospodářský význam (L e b e d a, 1992a). I když je u *C. sativus* známa řada efektivních zdrojů rezistence, k mnoha původcům chorob (např. *Erysiphe cichoracearum*, *Sphaerotheca fuliginea*, *Pseudoperonospora cubensis*) a škůdcům (kořenová háďátka, *Trialeurodes vaporariorum*) nemáme dostatečně efektivní zdroje rezistence.

Tato skutečnost vedla ke studiu planých druhů rodu *Cucumis* jako potenciálních zdrojů rezistence. Problematikou vztahu mezi genovými centry rodu *Cucumis* a rezistencí vůči chorobám a škůdcům se jako první intenzivně zabýval L e p p i k (1966a,b). V polních a skleníkových podmínkách sledoval reakci několika desítek vzorků planých druhů *Cucumis* vůči 17 různým chorobám a šesti škůdcům. V dalším období toto studium vedlo k identifikaci řady efektivních zdrojů rezistence (K ů d e l a, L e b e d a, 1991; L á s k a, L e b e d a, 1989; L e b e d a, 1984, 1990, 1991, 1992b; L h o t s k ý et al., 1991). I přes počáteční neúspěchy v identifikaci zdroje rezistence vůči *Pseudoperonospora cubensis* (L e b e d a, 1992c,d) se ukazuje, že v souboru planých druhů rodu *Cucumis* bude možné najít účinné zdroje rezistence (L e b e d a, nepublikováno). Výzkum v této oblasti bude třeba do budoucna zaměřit nejen na determinaci zdrojů, ale i na hlubší poznání mechanismů a genetiky rezistence. Použití planých druhů ve šlechtění okurek však má i význam obecně šlechtitelský, a to v rozšíření genetické diversity tohoto druhu.

Závěr

Čeď tykvovitých (Cucurbitaceae) je velmi různorodá z hlediska taxonomického i genetického. Reprezentuje ji 118 rodů a 825 druhů. Pouze asi 16 druhů však bylo a je rozsáhleji pěstováno. V mírném pásmu jsou nejvýznamnější zástupci rodů *Cucumis* a *Cucurbita*, přičemž okurka (*Cucumis sativus*) je nejpěstovanější zeleninou.

U rodu *Cucumis*, který podle současných poznatků zahrnuje 30 druhů, je známa rozsáhlá genetická variabilita. Převážná většina těchto druhů pochází z afrického genového centra. Počet chromozómů se u nich pohybuje v násobku 12 ($2n = 24, 48, 72$). U *C. sativus* je $2n = 14$. Za místo vzniku *C. sativus* je považováno indické genové centrum a jako

přímý progenitor je uváděn druh *C. hardwickii*. Z genetického hlediska je *C. sativus* značně izolovaným druhem od ostatních zástupců rodu *Cucumis*. *C. sativus* je charakterizován relativně omezenou genetickou diversitou, což omezuje zásadní pokrok ve šlechtění okurek. Významná genetická variabilita je naopak známa u planých druhů rodu *Cucumis*. Jejich praktické využití je spojeno s překonáním bariér nekřížitelnosti mezi *C. sativus* a *Cucumis* sp. Mezi druhová hybridizace je považována za velmi perspektivní, zvláště pak ve šlechtění okurek na odolnost k chorobám a škůdcům. Její praktické využití je stále častěji spojováno s aplikací moderních biotechnologických metod.

Literatura

- AYYANGAR, K. R.: Taxonomy of Cucurbitaceae. Bull. Natl. Inst. Sci. India, 34, 1967 : 380-396.
- BATES, D. M. - ROBINSON, R. W. - JEFFREY, Ch. (Eds.): Biology and utilization of the Cucurbitaceae. Ithaca and London, Comstock Publ. Assoc., Cornell University Press 1990.
- DANE, F.: Evolutionary studies in the genus *Cucumis*. [Ph.D. Diss.] C.S.U., Fort Collins, Colorado 1976.
- DANE, F.: Cucurbits. In: TANKSLEY, S. D. - ORTON, T. J. (Eds.): Isozymes in plant genetics and breeding. Amsterdam, Elsevier, 1983 : 369-390.
- DANE, F.: Cytogenetics of the genus *Cucumis*. In: TSUCHIYA, T. - GUPTA, P. K. (Eds.): Chromosome engineering in plants: Genetics, breeding, evolution. Part B. Amsterdam, Elsevier, 1991 : 201-214.
- DANE, F. - DENNA, D. W. - TSUCHIYA, T.: Evolutionary studies of wild species in the genus *Cucumis*. Z. Pfl.-Züchtg., 85, 1980 : 89-109.
- ESQUINAS-ALCAZAR, J. T.: Alloenzyme variation and relationships in the genus *Cucumis*. [Ph.D. Diss.] Davis University of California, 1977.
- JEFFREY, Ch.: Systematics of the Cucurbitaceae: An overview. In: BATES, D. M. - ROBINSON, R. W. - JEFFREY, Ch. (Eds.): Biology and utilization of the Cucurbitaceae. Ithaca and London, Comstock Publ. Assoc., Cornell University Press 1990 : 3-9.
- JEFFREY, Ch.: Appendix: An outline classification of the Cucurbitaceae. In: BATES, D. M. - ROBINSON, R. W. - JEFFREY, Ch. (Eds.): Biology and utilization of the Cucurbitaceae. Ithaca and London, Comstock Publ. Assoc., Cornell University Press 1990 : 449-463.
- KNERR, L. D. - STAUB, J. E. - HOLDER, D. J. - MAY, B. P.: Genetic diversity in *Cucumis sativus* L. assessed by variation at 18 allozyme coding loci. Theor. appl. Genet., 78, 1989 : 119-128.
- KUDELA, V. - LEBEDA, A.: Odolnost okurek k bakteriální hranaté skvrnitosti listů. Záhradnictvo, 16, 1991 : 405-406.
- LÁSKA, P. - LEBEDA, A.: Resistance in wild *Cucumis* species to the glasshouse whitefly (*Trialeurodes vaporariorum*). Arch. Zücht.-Forsch., 19, 1989 : 89-93.

- LEBEDA, A.: Screening of wild *Cucumis* species for resistance to cucumber powdery mildew (*Erysiphe cichoracearum* and *Sphaerotheca fuliginea*). *Sci. Hort.*, 24, 1984 : 241-249.
- LEBEDA, A.: Research of *Cucumis* resistance resources to *Pseudoperonospora cubensis*. XXIII Inter. Hortic. Cong.; Abstracts of Contributed Papers, 2. Poster 3064. Firenze (Italy), August 27 - September 1, 1990.
- LEBEDA, A.: Resistance in muskmelons to Czechoslovak isolates of *Pseudoperonospora cubensis* from cucumbers. *Sci. Hort.*, 45, 1991 : 255-260.
- LEBEDA, A.: Cucurbits breeding for multiple disease resistance. In: DORUCHOWSKI, R. W. - KOZIK, E. - NIEMIROWICZ-SZCZYTT, K. (Eds.): Proc. Fifth EUCARPIA Cucurbitaceae Sympo., Skierniewice 1992a : 125-131.
- LEBEDA, A.: Search for resistance in wild *Cucumis* species to twospotted spider mite (*Tetranychus urticae*). In: DORUCHOWSKI, R. W. - KOZIK, E. - NIEMIROWICZ-SZCZYTT, K. (Eds.): Proc. Fifth EUCARPIA Cucurbitaceae Symp., Skierniewice 1992b : 171-174.
- LEBEDA, A.: Screening of wild *Cucumis* species against downy mildew (*Pseudoperonospora cubensis*) isolates from cucumbers. *Phytoparasitica*, 20, 1992c : 203-210.
- LEBEDA, A.: Susceptibility of accessions of *Cucumis sativus* to *Pseudoperonospora cubensis*. Tests of Agrochemicals and Cultivars No.13, 1992d : 102-103 (Ann. appl. Biol., 120, Supplement).
- LEPPIK, E. E.: Searching gene centers of the genus *Cucumis* through host-parasite relationship. *Euphytica*, 15, 1966a : 323-328.
- LEPPIK, E. E.: Report of field observations and greenhouse testing on promising *Cucumis* spp. at the NC-7 Regional Plant Introduction Station, Ames, Iowa, 1958-1964. Plant Introduction Investigation Paper No. 4, Beltsville, Maryland, 1966b.
- PERL-TREVES, R. - GALUN, E.: The *Cucumis* plastome: physical map, intrageneric variation and phylogenetic relationships. *Theor. appl. Genet.*, 71, 1985 : 417-429.
- PERL-TREVES, R. - ZAMIR, D. - NAVOT, N. - GALUN, E.: Phylogeny of *Cucumis* based on isozyme variability and its comparison with plastome phylogeny. *Theor. appl. Genet.*, 71, 1985 : 430-436.
- PIERCE, L. K. - WEHNER, T. C.: Review of genes and linkage groups in cucumber. *HortScience*, 25, 1990 : 605-615.
- PITRAT, M.: Linkage groups in *Cucumis melo* L. *J. Heredity*, 82, 1991 : 406-411.
- RAAMSDONK, van L. W. D. - NIJS, den A. P. M. - JONGERIUS, M. C.: Meiotic analyses of *Cucumis* hybrids and an evolutionary evaluation of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae). *Pl. Syst. Evol.*, 163, 1989 : 133-146.
- RAMACHANDRAN, C. - NARAYAN, R. K. J.: Chromosomal DNA variation in *Cucumis*. *Theor. appl. Genet.*, 69, 1985 : 497-502.
- RAMACHANDRAN, C. - SESHADRI, V. S.: Cytological analysis of the genome of cucumber (*Cucumis sativus* L.) and muskmelon (*Cucumis melo* L.). *Z. Pfl.-Züchtg.*, 96, 1986 : 25-38.
- ROBINSON, R. W. - MUNGER, H. H. - WHITAKER, T. W. - BOHN, G. W.: Genes of the Cucurbitaceae. *HortScience*, 11, 1976 : 554-568.

SINGH, A. K.: Cytogenetics and evolution in the Cucurbitaceae. In: BATES, D. M. - ROBINSON, R. W. - JEFFREY, Ch. (Eds.): Biology and utilization of the Cucurbitaceae. Ithaca and London, Comstock Publ. Assoc., Cornell University Press 1990 : 10-28.

STAUB, J. E. - FREDRICK, L. - MARTY, T. L.: Electrophoretic variation in cross-compatible wild diploid species of *Cucumis*. Can. J. Bot., 65, 1987 : 792-798.

TRIVEDI, R. N. - ROY, R. P.: Cytological studies in *Cucumis* and *Citrullus*. Cytologia, 35, 1970 : 561-569.

WHITAKER, T. W. - DAVIS, G. N.: Cucurbits. New York, Interscience, 1962 : 250 s.

YADAVA, K. S. - SINGH, A. K. - ARYA, H. C.: Cytogenetic investigation in *Cucumis* L. I. Meiotic analysis of twenty four *Cucumis* species. Cytologia, 49, 1984 : 1-9.

Genetic variability of the *Cucumis* genus and its utilization in plant breeding

Plants of the Cucurbitaceae family represent an extensive and heterogenous group including 118 genera and 825 species. The genera *Cucumis*, *Cucurbita* and *Citrullus* are the most important from practical aspects. Particularity the *Cucumis* genus (cucumber) represented by the species *Cucumis sativus* is of great importance in the conditions of Czechoslovakia and Central Europe. This genus is characterized by low genetic variability, which limits opportunities for the development of this vegetable crop breeding. On the other hand, the *Cucumis* genus is extensive enough (about 30 species), hence there are theoretically good opportunities for its use for *C. sativus* breeding. Breeding for resistance to diseases and pests is of key importance. A principal factor limiting the scanty use of this genus for interspecific hybridization is the marked cytological diversity of *C. sativus* ($2n = 14$) from the majority of the other species of the *Cucumis* genus ($2n = 24, 48, 72$). Fertile hybrid plants have failed to be produced by traditional breeding methods. Biotechnological techniques seem to be very promising to cope with this problem.

POSTGRADUÁLNÍ STUDIUM Z OBORU ŠLECHTĚNÍ

PŘÍLOHA ČASOPISU GENETIKA A ŠLECHTĚNÍ, 29, 1993, číslo 1

METODY ŠLECHTĚNÍ SAMOSPRAŠNÝCH ROSTLIN

Oldřich CHLOUPEK

Vysoká škola zemědělská, Zemědělská 1, 613 00 Brno

V přirozených populacích rostlin převažují druhy cizosprašné, samospašných je jen asi 20 % (částečně cizosprašných 9 %). Naproti tomu u pěstovaných plodin činí podíl samospašných asi 45 % (částečně cizosprašných druhů je 27 %) (B e c k e r, 1989). Podíl samo- a cizosprašení je však dán nejen druhem, ale i podmínkami prostředí (např. C h l o u p e k, 1986).

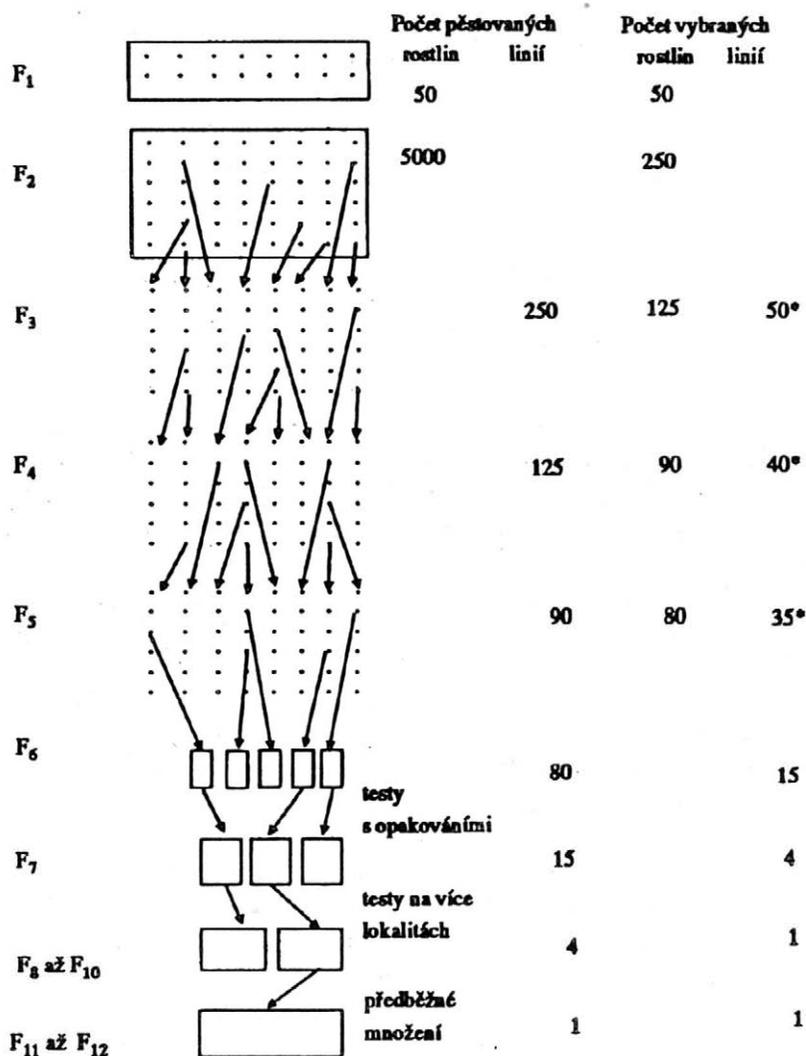
Ve šlechtění samospašných převládá rodokmenová metoda (pedigree), avšak začínají se uplatňovat především z ekonomických důvodů i jiné metody. Většinou se však nepoužívá jedna metoda, ale kombinují se různé. Každý šlechtitelský postup totiž musí být flexibilní a umožňovat změnu. Je však nutné si uvědomit, že šlechtitelská strategie zahrnuje tři elementy, tj. šlechtitelský systém (metodu), zkušenost a styl. Z těchto tří elementů jsou poslední dva důležitější než samotná metoda. Zkušenost nelze získat jinak než praktickým šlechtěním. Styl představuje způsob realizace věci, úroveň realizace projektu (úroveň aplikace šlechtitelské metody).

Předložená práce je určena především praktickým šlechtitelům, posluchačům vysokých škol a doktorandům. Vychází z nejvýznamnějších učebnic šlechtění rostlin.

Základní metodu individuálního výběru se zkoušením potomstev rodokmenovou (pedigree) metodou lze znázornit schématem (B r i g g s , K n o w l e s , 1967), které je uvedeno na obr. 1.

Je nutné pěstovat dostatek F_1 rostlin nejen pro produkci F_2 , ale i pro vytvoření rezervy. Rostliny se v této generaci srovnávají s rodičovskými a nehybridní se vylučují. Počet F_2 rostlin by měl být 10 až 20krát větší, než je požadované množství F_3 rodin. V této generaci se zařazuje za každou desátou rodinou kontrolní (nebo rodičovská) odrůda. V této generaci je možné začít se selekcí nežádoucích rostlin a z ostatních se vyberou nejvhodnější na základě polního i laboratorního hodnocení biologických vlastností (barva semen, tvar aj.). V generaci F_3 se individuálně vysází potomstva z vybraných rostlin, přičemž každá rodina (linie) musí být dostatečně velká pro posouzení jejího

1. Schéma metody individuálního výběru (Briggs, Knowles, 1967)



Tečky představují populaci pěstovanou jako jednotlivé rostliny; spojené tečky představují rodiny či linie hodnocené jako jednotlivé rostliny; obdélníky jsou směsi (bulk); hodnoty s hvězdičkami udávají počet linií nebo rodin, z nichž pocházejí vybrané rostliny

potenciálu a pro srovnání s kontrolní odrůdou, která se zařazuje za každou desátou rodinou. Počet vybraných rostlin generace F_3 by neměl přesáhnout počet F_3 rodin. V generaci F_4 a F_5 se postupuje obdobně jako v F_3 , za postupné redukce materiálu. V generaci F_6 se přechází od hodnocení rostlin k hodnocení rodin, tím že se parcely (řádky) sklízí hromadně a začíná se s hodnocením výnosu. Od generace F_6 nebo F_7 se název „rodina“ nahrazuje „linií“. Výše uvedený způsob tedy činí 12 let selekce, z toho pět na základě jednotlivých rostlin a dalších sedm na základě populací. Tato první perioda však může činit čtyři až osm let, druhá šest až osm, celkem tedy 10 až 16 let.

Výše popsaná rodokmenová (pedigree) metoda vznikla a používala se v Evropě (Velká Británie, Švédsko) od poslední dekády minulého století. Byla úspěšná proto, že tehdejší odrůdy, které jí předcházely, vznikly hromadnou selekcí a představovaly heterogenní populace, ve kterých bylo pomocí rodokmenové selekce dosaženo rychlého pokroku. Využívala tedy značné variability dobíhajících krajových odrůd a tehdejších heterogenních odrůd. Šlechtitelé byli tehdy přesvědčeni o nevyčerpatelné variabilitě krajových odrůd, nezajímali se o uniformitu odrůd a věřili, že se dají zlepšit i fixované typy (např. linie) dalším výběrem. Tomu odpovídalo neúměrně náročné popisování botanických a morfologických znaků, které bohužel často přežívá do dneška. Neocenitelný přínos Řehoře Mendela pro praktické šlechtění spočívá zejména v tom, že vysvětlil, proč jen hybridizace a mutace mohou vytvořit novou variabilitu.

Jinou modifikaci rodokmenové metody lze popsat následovně (J e n s e n, 1988):

- F_2 - subjektivně se vybere asi 10 % rostlin z populace dvou až tří tisíc rostlin každého křížení,
- F_3 - vyseje se stejný počet semen od každé vybrané rostliny z F_2 do F_3 , subjektivně lepší potomstva se sklídí, prověří na typ zrna aj. a přesejí do F_4 ,
- F_4 - F_6 - selekce nejlepších linií podle výnosových testů se zvyšující se přesností,
- F_7 - výběr jednotlivých rostlin pro založení nových linií,
- F_8 a dále - testy na výnos a kvalitu pro téměř homozygotní linie.

Jiná modifikace (J e n s e n, 1988):

- F_2 - viz výše,
- F_3 - subjektivní výběr nejlepších řádků (potomstev) a uvnitř nich výběr nejlepších rostlin,
- F_4 - linie se pěstují v řádcích, vybere se jeden nebo více řádků, zbytek se sklídí dohromady a představuje kontrolu pro pokus v F_5 generaci,
- F_5 až F_7 - výnosové zkoušky, žádná další selekce.

Pomocí této metody se údajně ušetří dva roky.

Šlechtitelský postup odrůdy ječmene Beacon pomocí rodokmenové metody (Foster, 1987):

| Rok | Lokalita | Postup |
|-------------|----------------|--|
| 1963 | skleník | křížení Conquest x Dickson, kříženec označen C63-5 |
| 1963 | růstová komora | pěstování F ₁ rostlin C63-5 |
| 1963-1964 | Mexiko | pěstování F ₂ populace a sklizeň jednotlivých klasů z 212 vybraných rostlin |
| 1964 | pole v USA | pěstování potomstva v řádcích pod označením C63-5-1 až C63-5-212 - selekce F ₃ rostlin v 19 řádcích |
| 1964 - 1965 | Mexiko | pěstování 38 F ₄ v řádcích - včetně C63-5-74-1-1, ze které byla odvozena odrůda Beacon. Byla provedena klasová selekce vč. C63-5-74-1-1 |
| 1965 | pole v USA | pěstování F ₅ potomstva v řádcích, pak klasová selekce |
| 1965 - 1966 | Mexiko | pěstování F ₆ potomstva v řádcích |
| 1966 - 1972 | pole v USA | odrůdové zkoušky linií z F ₅ |
| 1973 | | povolení odrůdy Beacon |

Kombinované šlechtitelské metody

Jak známo, šlechtitelské metody lze rozdělit na rodokmenové (pedigree), přičemž lze u každé rostliny individuálně stanovit všechny předky, a směšovací (bulk, composite), v nichž dochází ke smíchání vybraného osiva (např. Weber et al, 1989).

Většina kombinovaných metod spočívá ve výběru F₂-rostlin nebo F₂-klasů a hodnotí se jejich řádková potomstva v F₃ až F₅ generaci. Sklízí se celé řádky (ne jednotlivé rostliny), a proto se v postupujících generacích nezvětšuje počet potomstev. Zvýší se tak pravděpodobnost, že se v raných generacích nevyloučí vhodné genotypy. Vzhledem k dostatku osiva lze dříve začít se zkouškami na kvalitu, adaptaci, výnos aj. Přirozená selekce v generacích F₃ až F₅ redukuje výskyt neadaptovaných typů v populaci.

Kombinace rodokmenové a směšovací metody (Jensen, 1988):

1. nakřížit, vypěstovat F₁, vyset F₂,
2. subjektivní selekce F₂ rostlin,
3. smíchat vybrané rostliny,
4. vypěstovat směšnou populaci do F₃ a F₄ (nejlépe do F₅) přesevem,
5. individuální hodnocení a selekce,
6. hodnocení systémem klas - řádek, zkoušky výkonu.

Vhodnější je ve třetím kroku vytvořit více směsí podle typu rostlin, výšky, ranosti, rezistence aj.

Jiná kombinovaná metoda (J e n s e n, 1988):

1. nakřížit, vypěstovat F_1 ,
2. rostliny F_2 pěstovat ve sponu, individuální výběr,
3. vyset potomstvo vybraných F_2 rostlin do řádků a subjektivní výběr nejlepších řádků, nejlepší řádky smíchat,
4. přesev směsi do F_4 a F_5 ,
5. selekce rostlin či klasů,
6. hodnocení systémem klas - řádek, zkoušky výkonu.

Jednozrnková selekce (single seed descent - SSD) vychází z toho, že mezi F_2 rostlinami v populaci je značná genetická variabilita, kterou jiné metody nevyužívají. Tento typ selekce je charakterizován tím, že z každé rostliny v F_2 generaci se vezme jedno zrnko, všechna se smíchají a společně vysejí. V F_3 generaci se tento postup opakuje a získá se F_4 generace. Častěji se však používá místo výběru zrnka z rostliny výběr zrnka z klasu.

Šlechtitelský postup odrůdy ječmene Morex pomocí jednozrnkové metody (F o s t e r, 1987):

| Rok | Lokalita | Postup |
|--------------|------------------|---|
| 1969 | skleník - podzim | křížení Cree x Bonanta |
| 1970 | skleník - zima | pěstování F_1 rostlin |
| 1970 | pole | pěstování F_2 rostlin, sklizeň jednotlivých klasů z vybraných rostlin. Jedno zrno z každého vybraného klasu dáno do směsi |
| 1970 | skleník - podzim | pěstování F_3 populace a jedno zrno z každého klasu sklizeno a dáno do směsi |
| 1971 | skleník - zima | pěstování F_4 populace a individuální sklizeň rostlin |
| 1971 | pole | pěstování F_5 potomstev v řádcích a sklizeň jednotlivých klasů z vybraných řádků |
| 1971 až 1972 | Mexiko - zima | pěstování F_6 potomstev v řádcích. Vybrané řádky sklizeny individuálně vcelku a zaslány do Minnesoty |
| 1972 | pole | první hodnocení výnosu linií z F_5 v generaci F_7 |
| 1973 až 1977 | pole | hodnocení linií ve výnosových testech |
| 1978 | | povolení odrůdy Morex |

Směšovací (bulk) metoda spočívá v pěstování F_2 populace, sestávající z několika set rostlin. Sklidí se dohromady a část sklizeného osiva se přeseje do další generace. To se opakuje nejméně do F_5 generace, kdy již došlo ke značné homozygotizaci a provede se individuální výběr.

Šlechtitelský postup odrůdy ječmene Heartland pomocí směšovací (bulk) metody (Foster, 1987):

| Rok | Lokalita | Postup |
|--------------|---------------------|--|
| 1974 | skleník - podzim | křížení Klondike x BT 416 |
| 1975 | skleník - zima | pěstování F_1 rostlin |
| 1975 | pole | pěstování F_2 populace, sklizeň vcelku a selekce největších zrn |
| 1975 až 1976 | Brawley, Kalifornie | pěstování F_3 populace v řádcích, sklizeň rostlin vcelku, výběr největších zrn |
| 1976 | pole | pěstování F_4 populace, individuální sklizeň vybraných rostlin |
| 1977 | pole | pěstování F_5 potomstev v parcelách (od každého tři řádky) a sklizeň vybraných parcel individuálně |
| 1978 - 1983 | pole | pěstování linií odvozených z F_4 ve výnosových testech |
| 1984 | | povolení a patentování odrůdy Heartland |

Zpětné křížení slouží k přenosu jednoho či několika genů z jednoho rodiče či odrůdy, např. pro získání rezistence. Výhodou je jednoduchost a vysoká pravděpodobnost získání očekávaného výsledku.

Šlechtitelský postup odrůdy ječmene Erbet pomocí zpětného křížení (F o s t e r, 1987):

| Rok | Lokalita | Postup |
|--------------|----------------|--|
| 1958 | pole | křížení Prior x Betzes |
| 1958 až 1959 | skleník - zima | pěstování F ₁ rostlin |
| 1959 | pole | pěstování F ₂ rostlin a pro zpětné křížení s Betzes, výběr časně metajících rostlin |
| 1959 až 1960 | skleník - zima | pěstování BC ₁ F ₁ rostlin |
| 1960 | pole | pěstování BC ₁ F ₂ rostlin a druhé zpětné křížení s Betzes, výběr časté metajících rostlin |
| 1961 až 1964 | skleník a pole | opakování postupu použitého u prvního a druhého zpětného křížení (celkem šest zpětných křížení) |
| 1964 až 1965 | skleník - zima | pěstování BC ₆ F ₁ rostlin |
| 1965 | pole | pěstování BC ₆ F ₂ rostlin, výběr časně metajících rostlin |
| 1965 až 1966 | Arizona, pole | pěstování BC ₆ F ₃ potomstev v řádcích, sklizeň individuálních klasů z vybraných řádků |
| 1966 | pole | pěstování BC ₆ F ₄ potomstev v řádcích, sklizeň 39 vybraných řádků dohromady |
| 1966 až 1967 | Arizona, pole | přemnožení směsi, osivo zasláno zpět do Montany |
| 1967 až 1970 | pole | výnosové zkoušky linií vzniklých zpětným křížením |
| 1971 | | povolení odrůdy Erbet |

Šlechtění víceliniových odrůd

Víceliniové odrůdy jsou směsí čistých linií, tj. izolinií, příbuzných linií, nebo odrůd ke zvýšení rezistence k chorobám, např. rzi. Izolinie vznikají zpětným křížením, nejlépe pokud se použije několik odlišných zdrojů specifické rezistence. Používají se jako nerekurentní rodiče, jako rekurentní - pak vynikající odrůdy s chybějící rezistencí. Protože většina genů rezistence je dominantní, lze očekávat rychlý pokrok v tomto šlechtění. Počet komponent víceliniových odrůd závisí na dostupnosti odlišných genů pro rezistenci a u pšenice se za minimum považuje osm linií. Všechny komponenty tvořící víceliniové odrůdy musí mít podobnou výšku, ranost i morfo-

logické vlastnosti. Tento typ odrůd poskytuje u pšenice výnosy o 1 až 5 % vyšší než tradiční jednoliniové odrůdy (A l l a n, 1987).

Šlechtitelský postup víceliniové odrůdy pšenice Crew (A l l a n, 1987):

| Rok | Postup |
|-----------|--|
| 1967 | křížení odrůdy Omar (P ₁) náchylné ke rzi s devíti rodiči odolnými ke rzi (P ₂ až P ₁₀) s odlišnými geny pro rezistenci |
| 1968 | zpětné křížení (BC ₁) odrůdy Omar s F ₁ rostlinami devíti populací |
| 1969 | pěstování BC ₁ F ₁ rostlin devíti populací, BC ₂ odrůdy Omar s 20 až 30 rostlinami BC ₁ F ₁ z populací z P ₉ a P ₁₀ |
| 1970 | pěstování BC ₁ F ₂ potomstva populací z P ₂ až P ₈ , selekce 300 až 400 klasů z každé populace. Vypěstování BC ₂ F ₁ rostlin s rezistencí z P ₉ a P ₁₀ a hromadné (bulk) křížení obou těchto populací |
| 1971 | inokulace BC ₁ F _{2:3} klasových potomstev z P ₂ až P ₈ populací směsným inokulem rzi. Výběr 10 až 25 rezistentních řádků z každé populace a jejich křížení s jednou ze dvou linií, náchylných ke rzi (= P ₁₁ , P ₁₂). Pěstování generace BC ₂ F ₂ s rezistencí typu P ₉ a P ₁₀ a selekce 300 až 400 klasů z každé |
| 1972 | pěstování BC ₂ F ₁ rostlin P ₂ až P ₈ populací a hromadná sklizeň každé zvlášť. Pěstování 300 klasových potomstev v řádcích generace BC ₂ F _{2:3} populace P ₉ . Selektce 25 linií s rezistencí ke rzi a křížení s P ₁₂ . Pěstování 300 BC ₂ F _{2:3} klasových potomstev v řádcích s P ₁₀ rezistencí a selekce z nich |
| 1973 | pěstování BC ₂ F ₂ rostlin P ₂ až P ₈ , výběr 200 až 300 z nich. Pěstování BC ₃ F ₁ rostlin s rezistencí P ₉ a hromadná sklizeň |
| 1974 | pěstování BC ₂ F ₂ klasových potomstev z P ₂ až P ₈ a inokulace rzí. Selektce 15 až 35 linií s rezistencí ke rzi. Pěstování F ₂ rostlin BC ₃ s P ₉ rezistencí a výběr 300 klasů |
| 1975 | pěstování 15 až 35 BC ₂ F _{2:4} linií z populací P ₂ až P ₈ a P ₁₀ na parcelách na jedné lokalitě. Hromadná sklizeň rostlin uvnitř parcel s rozdílnou reakcí na rezistenci. Pěstování 300 BC ₃ F _{2:3} klasových potomstev s P ₉ rezistencí a výběr rezistentních 40 linií |
| 1976 | pěstování 40 BC ₃ F _{2:4} linií s rezistencí P ₉ na parcelách, hromadná sklizeň odolných rostlin |
| 1977 | testování rezistentních tří až osmi linií BC ₂ až BC ₃ F _{2:5} z populací P ₂ až P ₁₀ ; v polních pokusech s opakováními na jedné lokalitě |
| 1978 | testování dvou až čtyř BC ₂ až BC ₃ F _{2:6} linií na více lokalitách, selekce jedné linie z každé populace - morfologicky podobných |
| 1979 | smíchání stejného množství osiva devíti linií z P ₂ až P ₁₀ ; začlenění i odrůdy Faro |
| 1980-1982 | oficiální zkoušky a povolení |

Šlechtění dihaploidů je u ječmene nejvhodnější tak, že se *H. vulgare* opylí pylem *H. bulbosum*. Šlechtitel kastruje F_1 rostliny pocházející z křížení dvou rodičů *H. vulgare* a opylí bliznu pylem *H. bulbosum*. Vyvíjející se haploidní embryo musí být pěstováno na umělém médiu, aby přežilo. Haploidní rostlina se může převést na diploidní úroveň ošetřením oxidem dusíku nebo kolchicinem. Hlavní výhodou je získání homozygotních linií v jedné generaci a výnosové zkoušky mohou začít ihned, jakmile je k dispozici dostatek osiva.

Šlechtitelský postup odrůdy ječmene Mingo pomocí dihaploidní metody (Foster, 1987):

| Datum | Lokalita | Postup |
|-------------------------|----------------|--|
| leden 1974 | růstová komora | křížení Vanier x Laurier, embryo F_1 přeneseno na kultivační médium |
| březen až prosinec 1974 | růstová komora | pěstování F_1 rostlin a opylení <i>H. bulbosum</i> , embryo s haploidním počtem chromozómů dopěstována do semenáčků. Zdvojení počtu chromozómů u semenáčků a sklizeň 200 dihaploidních zrn |
| leden 1975 | růstová komora | rozmnožení dihaploidních rostlin |
| 1975 | pole | 14 dihaploidních linií ve výnosových zkouškách |
| 1976 | pole | sedm dihaploidních linií v dalších zkouškách |
| 1977 - 1978 | pole | rozsáhlé zkoušky jedné linie |
| 1979 | | povolení a patentování odrůdy Mingo |

Rekurentní selekce umožňuje zvýšení frekvence požadovaných alel v populaci. Široce se používá u cizosprašných rostlin a byla navržena i pro samosprašné rostliny (Hallauer, 1986). Její použití u samosprašných rostlin se v posledních letech rozšířilo, poněvadž bylo třeba rozšířit genetickou bázi používanou v rodokmenové selekci. Její úspěšnost byla potvrzena u sóje, ovsa, tabáku, pšenice jarní, ječmene ozimého aj. Jedná se o cyklickou šlechtitelskou metodu, jejíž nevýhodou u samosprašných rostlin je malé množství osiva v každém cyklu po prokřížení.

U ječmene ozimého popsali D e l o g u et al. (1988) následující úspěšný systém rekurentní selekce:

1. křížení šesti odrůd s jinou odrůdou v prvním cyklu (C_0),
2. křížení F_1 dialelním způsobem,
3. přemnožení do F_2 (tj. C_0F_2),
4. křížení nejlepších linií v druhém cyklu (C_1) dialelním způsobem,
5. přemnožení do F_2 (tj. C_1F_2) atd.

Výše uvedený postup zvýšil v důsledku vyššího počtu zrn/m^2 výnos ze $772 g/m^2$ v prvním cyklu na $1079 g/m^2$ v druhém cyklu. V dalším cyklu selekce je možné rozšířit genetický základ vkřížením nových genetických zdrojů (germplasm) a celý postup je ulehčen využitím geneticky kontrolované nebo chemicky indukované pylové sterility pro jednodušší křížení. V každém cyklu selekce se nejlepší linie homozygotizují přesevem do dalších generací a představují hotová novošlechtění (začíná se zavádět termín *candivar*, tj. *candidate pro variety* nebo *cultivar*). Šlechtitelský cyklus rekurentní selekce pokračuje za případné infúze nových linií. Tato metoda, obdobně jako šlechtění víceliniových odrůd, vytváří odrůdy méně homogenní a nemusí vždy odpovídat požadavkům na registrované odrůdy podle připravovaného zákona.

Poděkování

Děkuji ing. A. H a n i š o v é, CSc., ze Šlechtitelské stanice Stupice, za kritické posouzení a za připomínky k této práci.

L i t e r a t u r a

- ALLAN, R. E.: Wheat. In: FEHR, W. R.: Principles of cultivar development. 2nd Vol. New York, Mac Millan 1987 : 699-748.
- BRIGGS, F. N. - KNOWLES, P. F. 1967: Introduction to plant breeding. New York - Amsterdam - London, Reinhold Publ. Corp. 1967 : 426 s.
- DELOGU, G. - LORENZONI, C. - MAROCCO, A. - MARTINIELLO, P. - ODOARDI, M. - STANCA, A. M.: A recurrent selection programme for grain yield in winter barley. Euphytica, 37, 1988 : 105-110.
- FOSTER, A. E.: Barley. In: FEHR, W. R.: Principles of cultivar development. 2nd Vol. New York, Mac Millan 1987 : 83-125
- HALLAUER, A. R.: Compendium of recurrent selection methods and their application. CRC Rev. Pl. Sci. 3, 1986 : 1-33.

CHLOUPEK, O.: Vliv způsobu opylení na pčnicinářskou produktivnost potomstev vojtěšky. Rostl. Vyr., 32, 1986 : 833-839.

JENSEN, N. F.: Plant breeding methodology. New York, Wiley 1988 : 676 s.

WEBER, W. E. - QUALSET, C. O. - WRICKE, G. 1989: Selection strategies for the improvement of autogamous species. In: BROWN, H. D. - CLEGG, M. T. - KAHLER, A. C. - WEIR, B. S. (Eds.): Plant population genetics, breeding, and genetics resources. Massachusetts, Sinauer, Sunderland : 299-316.

O. Chloupek (University of Agriculture, Brno, Czech Republic)

Methods of breeding of autogamous plants

The review comprises some of successful textbooks and original papers and is intended for practical breeders, and students. The review contains pedigree method, combination of pedigree and bulk methods, single seed descent, bulk, backcross, breeding of multilines, dihaploids and recurrent selection with examples of breeding.

Pokyny pro autory

Časopis uveřejňuje práce, které jsou výsledkem původních vědeckých výzkumů, a krátká sdělení z oblasti genetiky a šlechtění rostlin, tzn. genetické zdroje, cytologii, genetiku, fyziologii, genetickou rezistenci a toleranci vůči abiotickým stresům, patogenům, případně pesticidům, metodologii a metody šlechtění včetně biotechnologie. Kompilační práce (review paper) budou uveřejňovány pouze po vyžádání redakční radou. V rubrikách jsou uveřejňovány aktuality z vědeckého života, recenze knih, téze doktorských prací a životní jubilea.

Práce jsou uveřejňovány v češtině, slovenštině nebo angličtině. Rukopisy musí být doplněny krátkým a rozšířeným souhrnem.

Autor je plně odpovědný za původnost práce a za její věcnou i formální správnost. K práci musí být přiloženo prohlášení autora o tom, že práce nebyla publikována jinde.

O uveřejnění práce rozhoduje redakční rada časopisu, a to se zřetelem k lektorským posudkům, vědeckému významu a přínosu a kvalitě práce.

Rozsah vědeckých prací nemá přesáhnout 10 stran psaných na stroji včetně tabulek, obrázků a grafů. V práci je nutné používat jednotky odpovídající soustavě měrových jednotek SI (ČSN 01 1300).

Technická úprava rukopisu

Úprava rukopisu má odpovídat státní normě ČSN 88 0220 (formát A4, 30 řádek na stránku, 60 úhozů na řádku, mezi řádky dvojitě mezery). Ilustrace, grafy, tabulky a fotografie se dodávají zvlášť, neodlepují se. Na zadní straně se vyznačí tužkou pořadové číslo obrázků nebo grafu. Texty k obrázkům a grafům se dodávají na zvláštním listě. Tabulky se číslují zvlášť římskými číslicemi. Na všechny tabulky a obrázky musí být odkazy v textu.

Vlastní úprava vědecké práce

Název práce (titul) nemá přesahovat 85 úhozů. Je nutné vyvarovat se v názvu obecných frází jako: Studie o ... Příspěvek k ... Pokus o ..., každý zaslaný článek musí být samostatnou prací, nemohou být publikovány články na pokračování, označené např. I., II. atd. stejně tak jsou vyloučeny podtitulky článků.

Jména autorů se uvádějí bez titulů s celým křestním jménem. Pod jméno se uvede adresa autora s PSČ, při více autorech adresy všech.

Souhrn - rozšířený

v angličtině (u prací v češtině nebo slovenštině) nebo český (slovenský) u prací v angličtině

Je povinnou součástí česky a slovensky psaných prací a sdělení. Rozšířený souhrn musí poskytnout základní informaci o použitých metodách (např. odkazem na literární pramen). Jsou v něm komentovány výsledky práce, uvedeny odkazy na tabulky, obrázky a nejdů-

ležitější literaturu. Rozsah souhrnu je asi dvě stejnopisné strany. Souhrn může být zaslán již v angličtině.

Souhrn - krátký

Souhrn musí vyjádřit všechno podstatné, co je obsaženo ve vědecké práci, nemá ji však nahradit. Nesmí překročit rozsah 170 slov. Je třeba, aby byl psán celými větami a ne telegrafickým způsobem.

Klíčová slova (KEY words, index terms)

Připojují se po vynechání řádku pod souhrn. Klíčovým slovem rozumíme substantivum, které je nutné pro věcné zařazení předložené práce. Klíčová slova se řadí směrem od obecnějších výrazů ke konkrétním. Začínají malým písmem a oddělují se středníkem. Jejich počet závisí na povaze práce a neměl by klesnout pod tři a převýšit dvanáct slov.

Úvod

Má obsahovat hlavní důvody, proč byla práce uskutečněna a velmi stručnou formou stav studované otázky. Je nutné se v něm vyhnout rozsáhlým historickým přehledům. Uvádí se bez nadpisu, je možné v něm uvést k práci se vztahující autory, přičemž se doporučuje co nejnižší počet autorů. Musí v něm být jasně formulovány cíle práce.

Materiál a metody

Pokusy v polních podmínkách u znaků vykazujících interakce s prostředím je třeba opakovat v prostoru a čase. Model pokusu musí být popsán podrobně a výstižně. Použité metody statistické analýzy by měly být adekvátní modelu. Metody se popisují pouze tehdy, jsou-li původní, jinak postačuje citovat autora metod a uvádět jen případné odchylky. V této kapitole je popsán pokusný materiál. Popis metod by měl umožnit, aby kdokoli z odborníků mohl podle něho a při použití uvedených citací práci opakovat.

Výsledky

Doporučuje se nepoužívat k vyjádření kvantitativních hodnot tabulek a dát přednost grafům, anebo tabulky shrnout v statistickém hodnocení naměřených hodnot. Numerické výsledky by se neměly opakovat v textu. Tato část práce by neměla obsahovat teoretické závěry ani dedukce, ale pouze faktické nálezy.

Diskuse

Obsahuje shodnocení práce, diskutuje se o možných nedostatcích a práce se konfrontuje s výsledky dříve publikovanými (požaduje se citovat jen ty autory, kteří mají k publikované práci bližší vztah), pokud mají souvislost nebo jsou s předloženou prací nějak srovnatelné. Je přípustné spojení v jednu kapitolu Výsledky a diskuse.

Literatura

Musí odpovídat státní normě ČSN 01 0197. Citace se řadí abecedně podle jména prvních autorů: příjmení (verzálkami), zkratka jména, plný název práce, úřední zkratka časopisu, ročník, rok vydání, číslo, první stránka, poslední stránka; u knih je uvedeno místo vydání, vydavatel a rok. Odkazy na literaturu v textu uvádějí jméno autora a rok vydání. Do seznamu se zařadí jen práce citované v textu. Na práce v seznamu musí být odkaz v textu.

Adresa autora(ů)

Na zvláštním listě uvede autor plné jméno (i u spoluautorů), akademické, vědecké a pedagogické tituly a podrobnou adresu pracoviště s PSC.

Používání zkratek

Pokud autor používá v práci zkratek jakéhokoliv druhu, je nutné, aby byly alespoň jednou vypsaný, aby se předešlo omylům. V názvu práce a v souhrnu je lépe zkratek nepoužívat.

Při statistickém hodnocení pokusných dat musí být dodržovány ustálené termíny a značení, odpovídající mezinárodním zvyklostem.

V experimentální práci je většina **statistických charakteristik** výběrových a doporučuje se je značit latinskými písmeny na rozdíl od populačních parametrů, které je vhodné značit řeckými písmeny. Obecný požadavek je, aby pokusy byly dostatečně dokumentovány, tzn. uvádět jejich rozsah, počet opakování a počet pozorovaných jednotek. Pokusný materiál by měl být charakterizován průměry (\bar{x} , \bar{y} ,...), středními chybami průměrů ($s_{\bar{x}}$, $s_{\bar{y}}$,...) uváděnými samostatně, nebo spolu s průměry ve tvaru: $\bar{x} \pm s_{\bar{x}}$, $\bar{y} \pm s_{\bar{y}}$,... Je vhodné dodržet zásadu udávat průměry o jedno desetinné místo přesněji než původní pozorování, směrodatné odchylky a střední chyby o dvě místa přesněji.

Pro nejběžněji používané statistické charakteristiky doporučujeme užívat tyto symboly: n - počet pozorování; x , y - průměry; s - směrodatná odchylka; s^2 - rozptyl; s_x - střední chyba průměru x ; a , b - koeficienty regresní přímky; b_i koeficienty při vícenásobné regresi; r - koeficient korelace.

Tabulky analýzy rozptylu musí být uvedeny ve tvaru; Zdroj proměnlivosti; Stupeň volnosti DS; Průměrný čtverec, nebo použít mezinárodní zkratku MS (uvádět na 2 až 3 desetinná místa přesněji než byla zaznamenána původní pozorování); Případně složky rozptylu; Významnost jednotlivých průměrných čtverců označit hvězdičkovou symbolikou, případně uvedením hladiny významnosti (* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$); Hladiny významnosti všech ostatních statistických testů (t -testu, F -testu apod.) rovněž zapisovat touto symbolikou.

V genetických studiích uvádět kromě koeficientu dědivosti (h^2), resp. koeficientu vnitrotřídní korelace (r) vždy i odhad chybového rozptylu. Pro interpretačně důležité statistiky uvádět jejich odhad intervalem spolehlivosti.

Práce zpracované textovým editorem na PC by měly být do redakce zaslány i na disketě. Pro využití v redakci je vhodný editor T 602 (výstupní kód KEYBCS2), v případě použití jiného editoru převést do ASCII kódu. Při psaní neuzívat enter na každé řádce, ale pouze pro oddělení odstavce.

OBSAH – CONTENTS

| | |
|--|----|
| Š í p V., Š k o r p í k M.: Performance trials with spring wheat lines isogenic for the dwarfing genes – Hodnocení blízce izogenních linií pšenice jarní s geny krátkostébelnosti | 1 |
| Č e r n ý J., Š a š e k A., Š p u n a r J.: Hordein protein electrophoresis identification of two-rowed winter barleys from two-rowed spring barleys and multi-rowed winter barleys – Rozlišení dvouřadých ozimých ječmenů od dvouřadých jarních ječmenů a víceřadých ozimých ječmenů pomocí elektroforézy hordeinových bílkovin | 11 |
| Š u š k a M.: Isoenzymes from pea (<i>Pisum</i>) leaves and their use in cultivar identification – Isoenzymy listů hrachu (<i>Pisum</i>) a jejich využití při identifikaci odrůd | 27 |
| U ž í k M.: Výkonnosť syntetikov z rodinného polycrossu a topcrossu pri d'ateline lúčnej – The performance of synthetics derived from family polycross and topcross in red clover | 35 |
| Š u b o v á D.: Efektívnosť kritérií veľkosť a počet klíčnych pórov pre znak neredukované peľové zrná a jeho variabilita u dihaploidných klonov zemiaka – Efficiency of criteria size and number of germ pores for a trait unreduced pollen and its variability in potato dihaploid clones | 47 |

AKTUALITY – NEWS

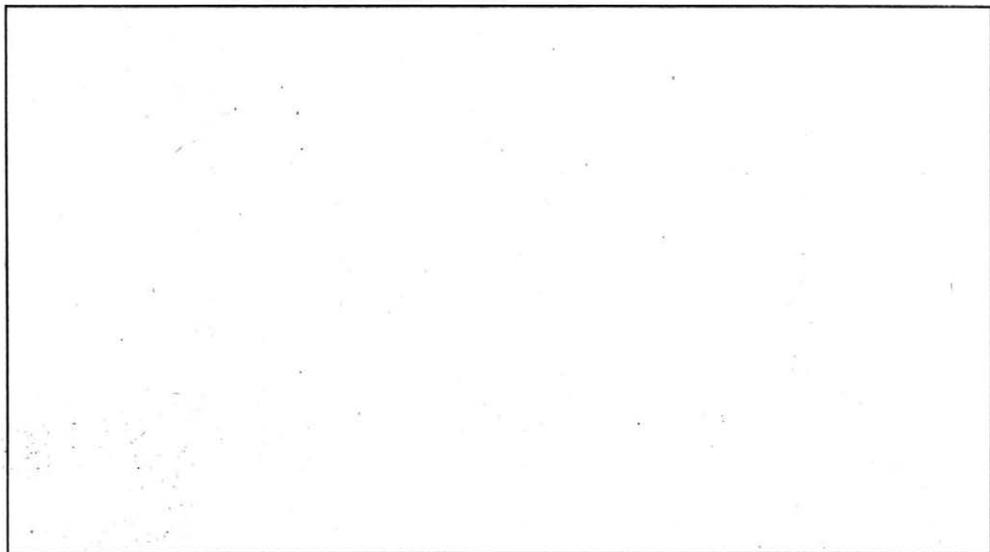
| | |
|--|----|
| Le b e d a A., K ř í s t k o v á E.: Genetická variabilita rodu <i>Cucumis</i> a její využití ve šlechtění – Genetic variability of the <i>Cucumis</i> genus and its utilization in plant breeding | 59 |
|--|----|

PŘÍLOHA – SUPPLEMENT

| | |
|--|----|
| Ch l o u p e k O.: Metody šlechtění samosprašných rostlin – Methods of breeding of autogamous plants | 67 |
|--|----|

Z VĚDECKÉHO ŽIVOTA

| | |
|---|----|
| P e t r o v i c J.: Doc. Ing. Ludovít Čermín, CSc., šesťdesiatročný | 46 |
|---|----|



Vědecký časopis GENETIK A ŠLECHTĚNÍ ♦ Vydává Česká akademie zemědělských věd a Slovenská akadémia pôdohospodárskych vied – Ústav zemědělských a potravinářských informací ♦ Vychází čtyřikrát ročně ♦ Redaktorka RNDr. Marcela Braunová ♦ Redakce: 120 56 Praha 2, Slezská 7, telefon 02/25 10 98 ♦ Sazba a tisk ÚZPI Praha ♦ © Ústav zemědělských a potravinářských informací, Praha 1993.

Rozšiřuje PNS. Informace o předplatném podá a objednávky přijímá každá administrace PNS, doručovatel tisku a Administrace centralizovaného tisku, Kafkova 19, 160 00 Praha 6