

Charakterystyka zmienności fenotypowej linii DH oraz mieszańców rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) pod względem cech struktury plonu

The characteristics of phenotypic variation in DH lines and hybrids of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) including yield related traits

Agnieszka Dobrzycka^{✉1}, Joanna Wolko¹, Jan Bocianowski², Kamila Nowosad³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Poznaniu

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

✉ e-mail: a.m.dobrzycka@gmail.com

Podczas hodowli jakościowej rzepaku (*Brassica napus* L.), najważniejszym etapem otrzymywania mieszańców heterozyjnych, charakteryzujących się wysokim plonem oraz dobrymi cechami jakościowymi, jest dobór zróżnicowanych linii rodzicielskich o dużym dystansie genetycznym. Celem niniejszych badań była ocena zmienności wybranych cech plonotwórczych w populacji linii podwojonych haploidów (DH) oraz dwóch populacjach mieszańców, wytworzonych przy użyciu linii CMS *ogura*. Obserwacje fenotypowe obejmowały analizę: długości kwitnienia, wysokości roślin, liczby rozgałęzień na roślinie, liczby łuszczyń na roślinie, długości łuszczyń, liczby nasion w łuszczyńce, masy tysiąca nasion i zawartości tłuszczu w nasionach. Dla ocenionych wartości powyższych parametrów przeprowadzono analizę wariancji oraz analizę korelacji, z uwzględnieniem podziału na grupy obiektów.

Słowa kluczowe: podwojone haploidy, zmienność fenotypowa, hodowla mieszańcowa, rzepak ozimy

During the qualitative breeding of rapeseed (*Brassica napus* L.), the most important stage of obtaining heterotic hybrids, characterized by high yield and good qualitative features, is the selection of diversified parental lines with a large genetic distance. The aim of this study was to assess the variability of selected yielding traits in the population of doubled haploid lines (DH) and two populations of hybrids, produced using the CMS *ogura* line. Phenotypic observations included analysis of: flowering duration, plant height, number of branches per plant, number of siliques per plant, silique length, number of seeds per silique, thousand seed weight, and oil content in seeds. For the above parameters, the analysis of variance and correlation analysis were performed, considering the groups of genotypes.

Key words: doubled haploids, phenotypic variation, hybrid breeding, winter oilseed rape

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) w ciągu ostatnich 30 lat stał się bardzo ważną rośliną uprawną. Rosnące znaczenie tej rośliny wiąże się z coraz szerszym wykorzystaniem nasion rzepaku na cele spożywcze, paszowe oraz do produkcji biopaliw. Programy hodowlane koncentrują się głównie na otrzymywaniu odmian o wysokim plonie nasion oraz dobrych cechach jakościowych. Wzrost plenności uzyskuje się między innymi poprzez hodowlę odmian mieszańcowych pokolenia F₁, w którym występuje zjawisko heterozji. Dobór zróżnicowanych linii rodzicielskich o dużym dystansie genetycznym jest najważniejszym etapem otrzymywania mieszańców heterozyjnych. W Polsce hodowla odmian mieszańcowych opiera się głównie na systemie męskiej sterility CMS *ogura*, którego główną zaletą jest jej stabilność.

Celem niniejszych badań była ocena zmienności wybranych cech plonotwórczych w populacji linii podwojonych haploidów (DH) oraz

dwóch populacjach mieszańców, wytworzonych przy użyciu linii CMS *ogura*.

Materiał roślinny wykorzystany w badaniach obejmował 182 obiekty: 60 linii DH, 60 mieszańców pojedynczych (CMS×DH), 60 mieszańców trójliniowych (CMS/DH×*Rfo*) oraz linię rodzicielską CMS *ogura* i linię restorującą *Rfo*, dobrane pod kątem dużego dystansu genetycznego względem linii DH. Linie DH wyprowadzono z mieszańca F₁ pomiędzy linią o wysokiej zawartości tłuszczu a linią o wysokim plonie nasion. Mieszańce pojedyncze powstały z krzyżowania linii CMS *ogura* z liniami DH, a mieszańce trójliniowe z krzyżowania otrzymanych męskosterylnych mieszańców pojedynczych z linią restorującą *Rfo*. Doświadczenie polowe prowadzono przez dwa sezony wegetacyjne (2014/15 i 2015/16) w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Obserwowane cechy fenotypowe to: długość kwitnienia, wysokość roślin, liczba rozgałęzień na roślinie,

liczba łuszczyń na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce, masa tysiąca nasion i zawartość tłuszczu w nasionach. Dla ocenianych cech fenotypowych przeprowadzono analizę wariancji oraz analizę korelacji. W celu określenia różnic w zmienności cech pomiędzy poszczególnymi grupami, analizy te przeprowadzono z uwzględnieniem podziału na grupy obiektów.

Dla poszczególnych grup obiektów wykonano analizę zmienności. Stwierdzono dużą zmienność obserwowanych cech (współczynniki zmienności od 5,12% do 49,80%), a analiza wariancji wykazała, że wydzielone grupy obiektów są pod względem tych cech istotnie zróżnicowane. Czas kwitnienia był najdłuższy w grupie mieszańców CMS×DH, a najkrótszy u roślin *Rfo*. Największą wysokością charakteryzowały się rośliny CMS/DH×*Rfo*, a najmniejszą linia restorująca *Rfo*, która jednocześnie posiadała największą liczbę rozgałęzień oraz łuszczyń na roślinie.

Linia ta osiągała jednak najniższe wartości dla cech takich jak długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce oraz masa tysiąca nasion. Największą masę tysiąca nasion obserwowano w grupie mieszańców CMS×DH oraz u linii CMS *ogura*. Najniższą zawartością tłuszczu w nasionach charakteryzowała się grupa linii DH, a najwyższą — mieszańce CMS/DH×*Rfo* oraz linia CMS *ogura*.

Istotne statystycznie dodatnie korelacje zaobserwowano pomiędzy wysokością roślin a liczbą nasion w łuszczyńce i zawartością tłuszczu, jak również pomiędzy liczbą rozgałęzień a liczbą łuszczyń na roślinie, pomiędzy zawartością tłuszczu a liczbą łuszczyń na roślinie i liczbą nasion w łuszczyńce oraz pomiędzy długością łuszczyń a liczbą nasion w łuszczyńce. Korelacje ujemne stwierdzono pomiędzy masą tysiąca nasion a wysokością roślin i liczbą nasion w łuszczyńce. Siła korelacji w obrębie obserwowanych cech była zróżnicowana między poszczególnymi grupami obiektów.

Sponsorzy konferencji Dzień Młodego Naukowca 2018

