



## Analiza agrobotaniczna podwojonych haploidów pszenicy uzyskanych w krzyżowaniu oddalonym z kukurydzą

Justyna Guzy-Wróbelska<sup>1</sup>, Iwona Szarejko<sup>1</sup>, Małgorzata Nawrot<sup>1</sup>,  
Maria Madajewska<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Katedra Genetyki, Uniwersytet Śląski, Katowice

<sup>2</sup>Hodowla Roślin „Piast”, Łagiewniki

### Agronomic performance of wheat doubled haploids produced through wheat x maize crosses

#### Summary

Wheat x maize crosses are used as a method of wheat doubled haploid (DH) production, alternative to anther culture. The study was conducted to compare the agronomic performance of DH lines produced through wide crosses with lines obtained by the single seed descent (SSD) method from the same plant material. F<sub>1</sub> progeny of spring wheat varieties: Eta x Sigma (both Polish) and Eta x Darkhan 15 (Mongolian) were used for DH and SSD production. Doubled haploids (DH3, DH4) and SSD (F<sub>5</sub>) lines from both genotypes were evaluated for plant height, spike length, tillering, grain weight and number per plant and 1000 grain weight in a randomised, three replicated experiment. Mean performance, coefficient of variation and frequency distribution of DH and SSD lines were similar for most of the analysed traits. The comparison of the best 10% of DH and SSD lines from both crosses (selected on the basis of grain weight per plant) confirmed their similar performance. For the majority of the analysed characters, the best DH lines derived from both DH populations did not differ from better parents and check varieties. Ten percent of Eta x Sigma DH lines performed significantly better for 1000 grain weight than both parental genotypes, heterotic F<sub>1</sub> and check varieties. The results indicate that maize pollination system is an efficient method of producing high yielding homozygous lines of wheat and it may be recommended for a wide use in wheat breeding programmes.

#### Adres do korespondencji

Iwona Szarejko,  
Katedra Genetyki,  
Uniwersytet Śląski,  
ul. Jagiellońska 28,  
40-032 Katowice;  
e-mail: szarejko@edu.pl

#### biotechnologia

2 (53) 72–79 2001

#### Key words:

doubled haploids, wheat x maize crosses, wheat, *Triticum aestivum*, agronomic performance.

## 1. Wstęp

Podstawowym warunkiem wykorzystania systemu haploidalnego w hodowli roślin jest dysponowanie wydajną metodą produkcji podwojonych haploidów. Dla pszenicy najczęściej stosowaną metodą otrzymywania podwojonych haploidów były dotąd kultury pylnikowe, jednak od czasu, gdy Laurie i Bennett (1) po raz pierwszy otrzymali haploidalne zarodki pszenicy w krzyżówkach z kukurydzą, technika ta rozwinęła się w alternatywną do androgenezy drogę uzyskiwania podwojonych haploidów u pszenicy, stosunkowo tania i łatwą do zastosowania w warunkach stacji hodowli roślin (2-4). Przed wdrożeniem każdej nowej metody do programów hodowlanych konieczne jest sprawdzenie, czy otrzymane linie (w tym przypadku linie DH) stanowią równie wartościowy materiał hodowlany, co linie wyprowadzone z wykorzystaniem tradycyjnych technik hodowli. Celem przedstawianych badań było przeprowadzenie analizy cech agrobotanicznych w populacjach linii DH pszenicy (*Triticum aestivum* L.) otrzymanych na drodze krzyżowania oddalonego z kukurydzą (*Zea mays* L.) i określenie przydatności zastosowanej metody w hodowli pszenicy jarej w Polsce. Prowadzone doświadczenia miały odpowiedzieć na pytanie, czy linie DH pszenicy wyprowadzone z pokolenia  $F_1$  określonych krzyżówek różnią się pod względem cech agrobotanicznych od linii otrzymanych z tych samych materiałów metodą pojedynczego nasiona (SSD – *single seed descent*).

## 2. Materiał i metody

Materiał wyjściowy do otrzymania populacji podwojonych haploidów oraz linii SSD stanowiło pokolenie  $F_1$  dwóch krzyżówek między odmianami pszenicy jarej: Eta x Darkhan 15 oraz Eta x Sigma. Eta i Sigma to odmiany polskie, Darkhan 15 jest odmianą mongolską. Rośliny  $F_1$  wykorzystano jako formy mateczne w krzyżówkach z kukurydzą do produkcji linii DH według metody zaproponowanej przez Suenagę i Nakajimę (5) oraz do otrzymania pokolenia  $F_2$ , z którego wyprowadzono linie SSD. Linie DH, wykorzystane do analizy cech agrobotanicznych, stanowiły trzecie lub czwarte pokolenie nasion otrzymanych w wyniku kolchicynowania haploidalnych roślin. Linie SSD stanowiły potomstwo  $F_5$  indywidualnych roślin prowadzonych metodą pojedynczego nasienia do pokolenia  $F_4$  włącznie.

Populacje linii DH oraz linii SSD wyprowadzone z tego samego materiału krzyżówkowego zostały wysiane wiosną 1999 r. na polu doświadczalnym Hodowli Roślin „Piast” w Łagiewnikach koło Kruszwicy. W doświadczeniu wykorzystano następujące linie:

Eta x Darkhan 15	63 linie DH (43 DH4 i 20DH3), 53 linie SSD ( $F_5$ );
Eta x Sigma	45 linii DH (13 DH4 i 32 DH3), 102 linie SSD ( $F_5$ ).

Ponadto, jako kontrolę włączono do doświadczenia formy rodzicielskie (odmiany Eta, Darkhan 15 i Sigma), mieszańce pokolenia  $F_1$  oraz dwie odmiany wzorcowe pszenicy jarej: Torka i Jasna.

Porównanie linii DH i SSD pochodzących z tej samej krzyżówki przeprowadzono w oparciu na doświadczeniu założonym metodą losowanych bloków, w trzech powtórzeniach. Nasiona linii DH i SSD, pokolenia  $F_1$ , form rodzicielskich oraz odmian wzorcowych wysiano w rzędach o długości 2 m, w rozstawie  $25 \times 5,5$  cm. W trakcie żniw zbierano 10 roślin z każdego rzędu stanowiącego powtórzenie, w celu przeprowadzenia pomiarów następujących cech agrobotanicznych: długość źdźbła, długość kłosa, liczba źdźbeł kłosonośnych, liczba ziaren z rośliny, masa ziaren z rośliny, masa 1000 ziaren.

Dla oceny istotności różnic parametrów struktury plonu między liniami DH i SSD, porównano średnie wartości poszczególnych cech dla populacji linii DH i SSD pochodzących z tej samej krzyżówki za pomocą testu *t* Studenta. Zanalizowano zakres zmienności poszczególnych cech struktury plonu w populacjach linii DH i SSD. Porównano także poszczególne parametry struktury plonu dla 10% najlepiej plonujących linii DH i SSD, ich form rodzicielskich, pokolenia  $F_1$ , średniej wartości cech rodziców (midparent) oraz odmian wzorcowych, stosując dla oceny istotności różnic test rozstępu LSD. Jako kryterium wyboru najlepszych linii przyjęto masę ziaren z rośliny. Obliczenia statystyczne wykonano za pomocą programu komputerowego MSTAT-C.

### 3. Wyniki

Z porównania średnich wartości cech struktury plonu dla populacji linii DH i SSD wyprowadzonych z tego samego materiału, a także zakresu i współczynników zmienności dla poszczególnych cech wynika, że populacje linii DH i SSD były do siebie bardzo zbliżone (tab. 1). Średnie dla populacji linii DH i SSD otrzymanych z pokolenia  $F_1$  Eta x Darkhan 15 nie różniły się statystycznie pod względem żadnej z badanych cech. Obie populacje reprezentowały także prawie identyczny zakres zmienności dla poszczególnych cech struktury plonu oraz podobne wartości współczynnika zmienności. Podobnie, linie DH i SSD wyprowadzone z krzyżówki Eta x Sigma nie wykazywały istotnych różnic między średnimi dla populacji we wszystkich analizowanych cechach, z wyjątkiem masy 1000 ziaren, która była nieco wyższa dla linii SSD (tab. 1). Zakres zmienności dla analizowanych cech był w obu populacjach podobny, jedynie dla długości źdźbła oraz liczby ziaren z rośliny był nieznacznie przesunięty w stronę niższych wartości w populacji DH.

Tabela 1

Porównanie cech struktury plonu populacji linii DH i SSD wyprowadzonych z tego samego materiału krzyżówkowego

Krzyżówka	Populacja	Parametry cechy	Długość źdźbła (cm)	Długość kłosa (cm)	Liczba źdźbeł kłosonośnych	Liczba ziaren z rośliny	Masa ziaren z rośliny (g)	Masa 1000 ziaren (g)
Eta x D15 <sup>+</sup>	DH	x ± SD zakres CV	73,2 ± 1,3 58,0-90,2 10,27	8,2 ± 0,1 6,3-10,2 13,64	2,6 ± 0,3 1,8-3,6 20,91	89,1 ± 2,1 58,0-125,6 22,48	2,4 ± 0,0 1,6-3,5 23,49	27,4 ± 0,4 20,4-37,0 13,71
	SSD	x ± SD zakres CV	72,3 ± 1,0 57,7-88,5 10,84	8,4 ± 0,1 6,3-10,2 14,26	2,7 ± 0,4 1,6-3,7 20,50	91,3 ± 5,1 61,1-111,2 18,62	2,6 ± 0,2 1,7-3,3 20,43	28,3 ± 0,7 22,0-35,7 13,36
Eta x Sigma	DH	x ± SD zakres CV	59,8 ± 2,0 36,9-74,9 13,27	9,2 ± 0,5 7,0-11,1 12,91	2,3 ± 0,2 0,7-3,3 23,12	93,3 ± 5,9 10,4-126,1 34,30	2,6 ± 0,2 0,1-4,0 42,11	26,3 ± 0,2* 10,4-39,9 25,52
	SSD	x ± SD zakres CV	64,5 ± 2,4 50,2-81,4 11,84	9,1 ± 0,3 7,2-11,8 10,42	2,3 ± 0,3 1,4-3,1 19,88	98,7 ± 3,1 30,0-140,6 24,02	2,8 ± 0,1 0,4-4,1 28,11	28,3 ± 0,8* 11,5-37,0 15,22

\* Średnie dla populacji DH i SSD istotnie różne dla P = 0,05

<sup>+</sup>D15 – Darkhan 15.

W hodowli roślin większe znaczenie niż średni plon linii wyprowadzonych z określonej krzyżówki, ma plonowanie linii najlepszych. Dla pełniejszego scharakteryzowania wartości hodowlanej linii DH, porównano średnie wartości poszczególnych cech obliczone dla 10% najlepszych linii DH i 10% linii SSD, przyjmując jako kryterium wyboru tych linii masę ziaren z rośliny. W doświadczeniu tym uwzględniono także rośliny pokolenia F<sub>1</sub>, z którego wyprowadzono badane linie, formy rodzicielskie, średnią rodziców oraz odmiany wzorcowe. Ponieważ linie DH i SSD wyprowadzone z poszczególnych krzyżówek rosły w oddzielnych blokach, obliczenia statystyczne przeprowadzono osobno dla krzyżówki Eta x Darkhan 15 (uwzględniając odmiany rodzicielskie i wzorcowe) i osobno dla krzyżówki Eta x Sigma.

W przeprowadzonym porównaniu potwierdzono wniosek, że linie DH pszenicy wyprowadzone na drodze krzyżowania z kukurydzą można uznać za wartościowy materiał hodowlany. Dziesięć procent najlepszych linii DH nie różniło się od 10% najlepszych linii SSD pod względem żadnej z analizowanych cech struktury plonu, tak dla populacji pochodzących z krzyżówki Eta x Darkhan 15, jak i Eta x Sigma (tab. 2 i 3). Jedyna statystycznie udowodniona różnica dotyczyła długości źdźbła u linii otrzymanych z krzyżówki Eta x Sigma, gdzie 10% najlepszych linii DH charakteryzowało się mniejszą wysokością niż najlepsze linie SSD.

Tabela 2

Porównanie cech struktury plonu dla 10% najlepszych linii DH i SSD wyprowadzonych z pokolenia F<sub>1</sub> krzyżówki Eta x Darkhan 15, form rodzicielskich oraz odmian wzorcowych (doświadczenie rządowe)

Genotyp	Parametr cechy	Długość źdźbła (cm)	Długość kłosa (cm)	Liczba źdźbeł kłosonośnych	Liczba ziaren z rośliny	Masa ziaren z rośliny (g)	Masa 1000 ziaren (g)
Linie DH	x ± SD	81,8 ± 1,2 <sup>a</sup>	8,1 ± 0,3 <sup>bc</sup>	3,1 ± 0,4 <sup>ab</sup>	105,1 ± 0,5 <sup>abc</sup>	3,3 ± 0,2 <sup>abc</sup>	31,5 ± 1,4 <sup>a</sup>
Linie SSD	x ± SD	80,9 ± 1,7 <sup>a</sup>	8,0 ± 0,2 <sup>c</sup>	2,8 ± 0,6 <sup>ab</sup>	94,4 ± 16,0 <sup>c</sup>	3,0 ± 0,4 <sup>b</sup>	31,6 ± 1,4 <sup>a</sup>
Eta	x ± SD	64,0 ± 5,1 <sup>e</sup>	9,4 ± 0,5 <sup>a</sup>	2,2 ± 0,6 <sup>b</sup>	98,2 ± 12,1 <sup>bc</sup>	2,4 ± 0,4 <sup>c</sup>	24,8 ± 2,0 <sup>c</sup>
D15	x ± SD	83,0 ± 5,4 <sup>a</sup>	6,3 ± 0,3 <sup>d</sup>	3,6 ± 0,6 <sup>a</sup>	84,0 ± 12,1 <sup>c</sup>	2,6 ± 0,4 <sup>bc</sup>	30,8 ± 1,2 <sup>a</sup>
Midparent	x ± SD	73,5 ± 1,8 <sup>bc</sup>	7,8 ± 0,0 <sup>c</sup>	2,9 ± 0,5 <sup>ab</sup>	91,1 ± 4,2 <sup>c</sup>	2,5 ± 0,2 <sup>c</sup>	27,8 ± 0,8 <sup>b</sup>
F <sub>1</sub> Eta x D15 <sup>+</sup>	x ± SD	80,4 ± 4,7 <sup>ab</sup>	8,0 ± 0,4 <sup>c</sup>	3,2 ± 0,6 <sup>a</sup>	102,5 ± 16,9 <sup>abc</sup>	3,2 ± 0,6 <sup>abc</sup>	31,6 ± 2,1 <sup>a</sup>
Jasna	x ± SD	65,9 ± 3,9 <sup>de</sup>	8,4 ± 0,2 <sup>bc</sup>	2,8 ± 0,6 <sup>ab</sup>	122,2 ± 25,9 <sup>ab</sup>	3,4 ± 0,8 <sup>ab</sup>	27,8 ± 1,4 <sup>b</sup>
Torka	x ± SD	72,9 ± 3,6 <sup>cd</sup>	8,7 ± 0,5 <sup>b</sup>	3,1 ± 0,3 <sup>a</sup>	126,0 ± 20,7 <sup>a</sup>	4,0 ± 0,5 <sup>a</sup>	32,3 ± 2,0 <sup>a</sup>

Wartości w każdej kolumnie oznaczone tą samą literą (a, b, c, d, e) nie różnią się istotnie dla P = 0,05,

<sup>+</sup>D15 = Darkhan 15.

W przypadku krzyżówki Eta x Darkhan 15, wybrane linie DH nie różniły się istotnie od lepszej formy rodzicielskiej i obu odmian wzorcowych pod względem liczby źdźbeł kłosonośnych, liczby i masy ziaren z rośliny i masy 1000 ziaren, a odmianę Jasna masą 1000 ziaren nawet przewyższały (tab. 2). Wartość tej cechy u najlepszych linii DH przewyższała istotnie wartość dla średniej rodziców (midparent).

Dziesięć procent najlepszych linii DH wyprowadzonych z krzyżówki Eta x Sigma przewyższało istotnie obie formy rodzicielskie i jedną z odmian wzorcowych pod względem masy 1000 ziaren. Co istotne, wzrost masy 1000 ziaren u wybranych linii DH nie był związany ze spadkiem ich liczby z rośliny, gdyż dla tego parametru struktury plonu nie zaobserwowano statystycznie istotnych różnic w stosunku do wszystkich badanych odmian. Podobnie, nie stwierdzono różnic między najlepszymi liniami DH a badanymi odmianami dla masy ziaren z rośliny. Pod względem masy 1000 ziaren najlepsze linie DH dorównywały także pokoleniu F<sub>1</sub> krzyżówki Eta x Sigma, które wykazywało istotny heterozyjny wzrost wartości tej cechy w stosunku do form rodzicielskich (tab. 3). Pod względem masy ziaren z rośliny, drugiej cechy w stosunku do której stwierdzono heterozję, najlepsze linie DH wykazywały wartości pośrednie między heterozyjnym F<sub>1</sub> a średnią dla rodziców (midparent). Linie DH nie ustępowały także odmianom wzorcowym pod względem innych parametrów, jak długość kłosa, czy liczba źdźbeł kłosonośnych.

Tabela 3

Porównanie cech struktury plonu dla 10% najlepszych linii DH i SSD wyprowadzonych z pokolenia F<sub>1</sub> krzyżówki Eta x Sigma, form rodzicielskich oraz odmian wzorcowych (doświadczenie rządowe)

Genotyp	Parametry cechy	Długość źdźbła (cm)	Długość kłosa (cm)	Liczba źdźbeł kłosonosnych	Liczba ziaren z rośliny	Masa ziaren z rośliny (g)	Masa 1000 ziaren (g)
Linie DH	x ± SD	61,8 ± 3,0 <sup>bc</sup>	9,4 ± 0,9 <sup>ab</sup>	2,7 ± 0,4 <sup>a</sup>	114,2 ± 18,6 <sup>a</sup>	3,7 ± 0,7 <sup>ab</sup>	32,7 ± 0,7 <sup>a</sup>
Linie SSD	x ± SD	72,7 ± 4,4 <sup>a</sup>	9,8 ± 0,2 <sup>a</sup>	2,6 ± 0,2 <sup>a</sup>	121,6 ± 4,7 <sup>a</sup>	3,8 ± 0,1 <sup>ab</sup>	31,3 ± 0,9 <sup>ab</sup>
Eta	x ± SD	66,5 ± 3,8 <sup>b</sup>	9,4 ± 0,6 <sup>ab</sup>	2,3 ± 0,5 <sup>a</sup>	110,1 ± 16,0 <sup>a</sup>	3,0 ± 0,4 <sup>b</sup>	27,4 ± 1,4 <sup>c</sup>
Sigma	x ± SD	59,8 ± 4,3 <sup>c</sup>	9,1 ± 1,0 <sup>ab</sup>	2,5 ± 0,5 <sup>a</sup>	113,6 ± 20,5 <sup>a</sup>	3,3 ± 0,6 <sup>b</sup>	28,6 ± 2,0 <sup>bc</sup>
Midparent	x ± SD	62,9 ± 2,1 <sup>bc</sup>	9,2 ± 0,3 <sup>ab</sup>	2,4 ± 0,4 <sup>a</sup>	111,6 ± 8,0 <sup>a</sup>	3,2 ± 0,3 <sup>b</sup>	28,2 ± 0,8 <sup>c</sup>
F <sub>1</sub> Eta x Sigma	x ± SD	65,5 ± 3,6 <sup>bc</sup>	9,2 ± 0,6 <sup>ab</sup>	2,9 ± 0,5 <sup>a</sup>	135,9 ± 20,6 <sup>a</sup>	4,3 ± 0,6 <sup>a</sup>	31,9 ± 1,7 <sup>a</sup>
Jasna	x ± SD	65,6 ± 3,4 <sup>bc</sup>	8,4 ± 0,3 <sup>b</sup>	2,9 ± 0,5 <sup>a</sup>	110,3 ± 15,7 <sup>a</sup>	3,0 ± 0,6 <sup>b</sup>	27,2 ± 1,5 <sup>c</sup>
Torka	x ± SD	72,9 ± 3,9 <sup>a</sup>	8,6 ± 0,4 <sup>b</sup>	2,9 ± 0,7 <sup>a</sup>	109,8 ± 15,1 <sup>a</sup>	3,6 ± 0,6 <sup>ab</sup>	32,4 ± 1,7 <sup>a</sup>

Wartości w każdej kolumnie oznaczone tą samą literą (a, b, c) nie różnią się istotnie dla P = 0,05.

#### 4. Dyskusja

W hodowli roślin ostatecznym kryterium przydatności określonej metody jest ocena materiałów hodowlanych uzyskanych w doświadczeniu polowym. Przeprowadzone w prezentowanej pracy porównanie linii DH i SSD wyprowadzonych z tych samych krzyżówek wykazało, że obie badane populacje nie różnią się pod względem analizowanych cech struktury plonu i reprezentują podobny zakres zmienności dla poszczególnych cech agrobotanicznych. Wśród 10% najlepszych linii DH uzyskanych z krzyżówki polskich odmian Eta i Sigma znaleziono formy dorównujące wzorcowej odmianie pszenicy pod względem liczby i masy ziaren z rośliny, a pod względem masy 1000 ziaren nawet istotnie ją przewyższających. Linie DH pszenicy otrzymane na drodze krzyżowania z kukurydzą były dotychczas przedmiotem niewielu analiz i w piśmiennictwie światowym można znaleźć tylko kilka informacji na temat ich plonowania. Suenaga (2) zademonstrował wysoki potencjał plonowania podwojonych haploidów wyprowadzonych z heterozyjnych mieszańców pszenicy i możliwość wyselekcjonowania linii DH o korzystnych parametrach (linii wcześniejszych i krótszych niż obie formy rodzicielskie), a plonujących na poziomie heterozyjnego pokolenia F<sub>1</sub>. Z kolei Inagaki i wsp. (6) w dwuletnim doświadczeniu polowym porównali plonowanie wyselekcjonowanych linii DH oraz linii wyprowadzonych z tego samego materiału metodą pojedynczego nasienia (SSD) i metodą rodowodową (PS). Autorzy, podobnie jak w tej pracy, nie obserwowali różnic w plonowaniu podwojonych haploidów i linii wyprowadzonych tradycyjnymi metodami hodowlanymi w przypadku, gdy formy rodzicielskie krzyżówki, z której wyprowadzono analizowane linie, miały podobne pochodzenie genetyczne. Natomiast linie DH wyprowadzone

z krzyżówki odległych genetycznie form pszenicy wytwarzały niższy plon niż linie SSD czy PS. Autorzy sugerują, że dla uzyskania niezbędnego postępu genetycznego, konieczne jest w takim przypadku zwiększenie liczebności populacji DH użytych do selekcji. Podobny wniosek formułują Ma i wsp. (7), którzy przeprowadzili porównanie cech agrobotanicznych linii DH pszenicy otrzymanych na drodze krzyżowania z kukurydzą, linii DH wyprowadzonych z kultur pylnikowych oraz linii SSD pochodzących z tego samego materiału.

W porównaniu do stosunkowo nielicznych doniesień na temat plonowania linii DH pszenicy uzyskanych w krzyżówkach z kukurydzą, analiza agrobotaniczna linii otrzymanych na drodze androgenezy była przedmiotem większej liczby badań (8-11). W wielu przypadkach średni plon linii otrzymanych w kulturach pylnikowych był niższy niż średni plon linii uzyskanych tradycyjnymi metodami hodowlanymi, nawet, jeśli nie obserwowano różnic dla poszczególnych cech agrobotanicznych, jak odporność na choroby, długość okresu wegetacyjnego czy zawartość białka w ziarnie. Przyczyną negatywnej oceny części linii DH pszenicy otrzymanych w kulturach pylnikowych mogła być zmienność gametoklonalna indukowana w warunkach kultury *in vitro*, prowadząca w rezultacie do obniżenia płodności linii DH (9,12). Poziom tej zmienności w znacznej mierze związany jest z warunkami prowadzenia kultury i może być modyfikowany przez zmianę takich czynników, jak skład pożywek, czas trwania kultury czy sposób regeneracji roślin – przez stadium kalusa lub bezpośrednio embriogenezę (13). Linie DH pszenicy otrzymane na drodze androgenezy, lecz nie w kulturach pylnikowych, a w kulturach izolowanych mikrospor, gdzie regeneracja przebiega bez stadium kalusa, wykazywały wysoką wierność genetyczną w stosunku do formy wyjściowej i nie różniły się od niej pod względem parametrów struktury plonu (14). Prezentowana w pracy metoda otrzymywania podwojonych haploidów pszenicy poprzez krzyżowanie z kukurydzą nie generowała ani zmian genetycznych na poziomie DNA, ani istotnych zaburzeń w segregacji alleli (badania własne – Guzy i in., w przygotowaniu), co znalazło odzwierciedlenie w normalnym plonowaniu tych linii.

Badania przedstawione w pracy finansowane były przez KBN w ramach grantu PO6A 029 09.

## Literatura

1. Laurie D. A., Bennett M. D., (1986), *Can. J. Genet. Cytol.*, 28, 313-316.
2. Suenaga K., (1994), *Bull. Natl. Inst. Agrobiol. Resour.*, 9, 83-139.
3. Matzk F., Mahn A., (1994), *Plant Breed.*, 113, 125-129.
4. de V. Pienaar R., Horn M., Lesch A. J. G., (1997), *Wheat Inf. Serv.*, 85, 49-51.
5. Suenaga K., Nakajima K., (1989), *Plant Cell Rep.*, 8, 263-266.
6. Inagaki M. N., Varughese G., Rajaram S., van Ginkel M., Mujeeb-Kazi A., (1998), *Theor. Appl. Genet.*, 97, 550-556.
7. Ma H., Busch R. H., Riera-Lizarazu O., Rines H. W., Dill-Mackay R., (1999), *Theor. Appl. Genet.*, 99, 432-436.

8. Winzeler H., Schmidt J., Fried P. M., (1987), *Plant Breed.*, 99, 41-48.
9. Baenziger P. S., Wesenberg D. M., Smail V. M., Alexander W. L., Scheffer G. W., (1989), *Plant Breed.*, 103, 101-109.
10. Mitchell M. J., Busch R. H., Rines H. W., (1992), *Crop Sci.*, 32, 1446-1451.
11. Skinnies H., Bjornstad A., (1995), *Cereal Res. Commun.*, 23, 267-273.
12. Marburger J. E., Jauhar P. P., (1989), *Plant Breed.*, 103, 73-80.
13. Karp A., (1989), *Newsletter IAPTC*, 58, 2-11.
14. Hu T., Kasha K. J., (1997), *Can. J. Plant Sci.*, 77, 549-554.