

**ГЕНЕТИЧНО РАЗНООБРАЗИЕ В ЗАВЪРШВАЩАТА ФАЗА
НА ЕДНА СЕЛЕКЦИОННА ПРОГРАМА ПО ТВЪРДА ПШЕНИЦА**

Дечко Дечев

Институт по памука и твърдата пшеница, Чирпан

Резюме

Дечев Дечко, 2005. Генетично разнообразие в завършващата фаза на една селекционна програма по твърда пшеница.

Приложен е кластерен анализ на базата на 7 агрономични и на качеството на зърното признаци, за изследване на генетичното разнообразие между 21 сортове и линии твърда пшеница изпитани в 3 последователни години. Селекционният напредък е пряко свързан с вариабилитета наличен в генния пул и качеството на гените разпределени по родителите. Установена е генетичната отдалеченост на изследваните генотипове, чрез иерархичен кластерен анализ по Евклидово разстояние. Установени са три главни групи от генотипове твърда пшеница в завършващата фаза на селекционната програма. Тези резултати могат да бъдат използвани успешно в следващите действия по подобряване на твърдата пшеница у нас

Ключови думи: твърда пшеница, кластерен анализ, селекция

Abstract

Dechev Dechko, 2005. Genetic Diversity In End Phase Of A Durum Wheat Breeding Program.

Cluster analysis based on 7 agronomic and grain quality was used to study the genetic diversity among 21 cultivars and lines durum wheat was tested across 3 years. The genetic progress through selection is directly related to the variability present in the gene pool and the quality of the genes contributed by the parents. An agglomerative hierarchical clustering procedure based on the dissimilarity by Euclidian distance was used. By analysis on all three years data it was possibly to assess more genes controlling particular traits. It was established 3 principal groups of durum wheat genotypes with clear genetic difference. The results will be successful used to improve durum wheat breeding.

Key words: durum wheat, cluster analysis, breeding

УВОД

Генетичното разнообразие на изходния материал в селекцията на растенията е важен фактор за постигане на селекционен напредък. От голямо значение е познаването на генетичната близост и отдалеченост на родителите, включвани в комбинативната селекция. Трансгресивни разпадания могат да се очакват с по-голяма вероятност, ако се кръстосват генетично отдалечени линии и сортове. Тогава се очаква комбиниране на различни ценни гени от двата родителя в потомството (Cowan and Frey, 1987). Понастоящем се използват различни методи за анализ на генетичното

разнообразие и сходство на генотиповете, свързани с данни за произхода (коефициент на родство), данни за стойностите на морфологични и агрономични признаци и данни за молекулярната ДНК-структура на организмите. За отбелязване е обаче, че при всички случаи се завършва с кластерен анализ за визуално представяне на генетичното сходство и отдалеченост на генотиповете (Mohammadi and Prasanna, 2003). Традиционно оценката на отдалечеността е базирана главно на морфологични количествени признаци (Goodman, 1972), които имат най-голямо значение в селекционния процес.

С настоящото изследване сме си поставили за цел да определим генетичната отдалеченост на някои сортове и селекционни линии твърда пшеница от крайната фаза на селекцията и извършим групирането им по някои селекционни ценни признаци. Това ще даде възможност за по-прецизно планиране на хибридизационната програма.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИ

Изследването е проведено в полето на Института по памука и твърдата пшеница - Чирпан в периода 2002-2004 г. с участието на 21 генотипове твърда пшеница.

В изследването са включени 4 сорта на Института – Прогрес, Загорка, Белослава и А-233, и 17 напреднали линии, получени по метода на комбинативната селекция – Д-7110, Д-6971, Д-7047, Д-6911, Д-6964, Д-6953, Д-6189, Д-7018, Д-6948, Д-6977, Д-6581, Д-6913, Д-6468, Д-6976, Д-6470, Д-7048 и Д-6467. В произходът им е участвал най-разнообразен изходен материал. Ежегодно опитът е залаган като конкурсно сортоизпитване в блокова схема с 4 повторения и размер на реколтната парцелка 15 m². Изследвани са признаците: добив зърно (kg/da), дата на изкласяване от м. май, височина на растенията (cm), маса на 1000 зърна (g), хектолитрова маса (kg), мокър глутен в зърното (%) и суров протеин в зърното (%).

Използвани са общоприетите стандартни и класически методи на оценка. За статистическа обработка на данните са прилагани анализ на варианса по признаци и години, и йерархичен кластерен анализ за групиране на генотиповете по генетично сходство. За последния са използвани стандартизираните стойности за оеднаквяване на скалите по признаци. Обработката на данните е правена чрез пакет програми STATISTICA 6.

РЕЗУЛТАТИ И ОБСЪЖДАНЕ

Условията на средата, т.е. метеорологичните условия на трите години на изследване, са били в различна степен благоприятни или не за всеки отделен признак. Най-благоприятна за добива е била 2004 г., а най-неблагоприятна - 2002 г. При последната се наблюдава най-късно изкласяване, най-голяма височина на растенията. Средните стойности на признаците от трите години за отделните генотипове са поместени в Табл. 1. Вижда се, че с най-висок добив е линия Д-7110, следвана от Д-6971 и Д-7047. Последната се е проявила и с най-ранно изкласяване, а Д-6971 се е представила добре по отношение на качеството на зърното. По отношение съдържанието по протеин и глутен в зърното най-добре се представя сорт Белослава, но интерес представлява и Д-6971. Селекционен интерес представляват и линиите Д-6581 и Д-6977, които имат едро зърно и са нискостъблени.

Двуфакторният анализ на варианса за генотипове и среди /години/ е даден в Табл. 2. Установени са доказани генотипни различия за всички признаци с изключение на датата на изкласяване, където над 90 % от общото вариране се е дължало на условията на годините, като при това имаме и доказано взаимодействие "генотип-среда". За отбелязване е, че недоказано взаимодействие "генотип-среда" се установява за височина на растенията, маса на 1000 зърна, хектолитрова маса и протеин в зърното, което се различава от наше предишно изследване (Дечев, 2004).

Таблица 1. Средни стойности на признаците при генотипове твърда пшеница (2002-2004 г.)

Table 1. Mean values of traits for durum wheat genotypes (2002-2004)

№ по ред	Генотипове Genotypes	Добив Yield kg/da	Дата на изкласяване Heading data м. май /May	Височина Height, cm	Маса на 1000 зърна 1000 kernel weight g	Хектолитрова маса Test weight kg	Глутен Gluten %	Протеин Protein %
1	Д-7110	492.1	17.7	87.3	47.5	77.7	26.5	16.4
2	Д-6971	488.2	18.3	85.0	49.9	79.0	30.3	17.4
3	Д-7047	483.3	16.1	83.7	51.3	78.5	28.3	16.7
4	Д-6911	461.1	17.7	86.3	51.3	77.7	29.7	16.4
5	Д-6964	448.9	18.7	90.0	51.5	79.1	30.5	16.9
6	Д-6953	418.1	17.3	94.7	47.5	78.5	29.7	17.1
7	Д-6189	409.6	17.3	87.0	49.4	78.4	28.5	16.1
8	Д-7018	429.2	17.7	87.0	49.4	78.7	29.1	16.9
9	Д-6948	425.9	17.7	93.0	49.0	77.9	29.3	16.8
10	Д-6977	445.7	19.3	82.3	52.3	79.3	30.1	16.8
11	Д-6581	414.4	18.3	81.1	52.2	78.1	30.2	16.6
12	Д-6913	453.9	17.7	89.0	52.2	79.0	29.3	16.3
13	Д-6468	406.0	18.3	88.3	49.9	77.7	29.2	16.7
14	Д-6976	442.1	18.7	82.2	49.8	78.6	29.1	16.7
15	Д-6470	394.7	17.0	90.0	48.1	78.2	28.9	16.3
16	Д-7048	433.0	17.7	89.7	49.1	78.1	30.0	17.7
17	Прогрес	382.9	16.7	91.7	57.1	79.2	29.9	17.3
18	Загорка	367.9	16.3	90.0	50.6	77.7	30.2	17.2
19	А-233	358.1	20.0	119.7	45.9	78.9	30.2	16.9
20	Белослава	361.2	17.7	83.3	45.1	78.4	35.1	18.1
21	Д-6467	416.0	18.3	94.6	48.3	77.2	30.1	16.6
Средно		426.2	17.8	89.3	49.9	78.4	29.8	16.7
LSD p=0.05		19.9	0.8	3.8	1.1	1.2	0.9	0.6

Таблица 2. Анализ на варианса на изследваните признаци по генотипове и години
Table 2. ANOVA of traits by genotypes and years

№ по ред	Признаци Traits	Източници на вариране		
		Генотипове Genotypes G	Среди Environments години/years E	Взаимодействие Interaction G x E
1	Добив зърно Yield	**	**	**
2	Дата на изкласяване Heading data	NS	**	**
3	Височина на растението Plant height	**	**	NS
4	Маса на 1000 зърна 1000 kernel weight	**	**	NS
5	Хектолитрова маса Test weight	**	**	NS
6	Мокър глютен / Gluten	**	**	**
7	Протеин в зърното Grain Protein content	**	**	NS

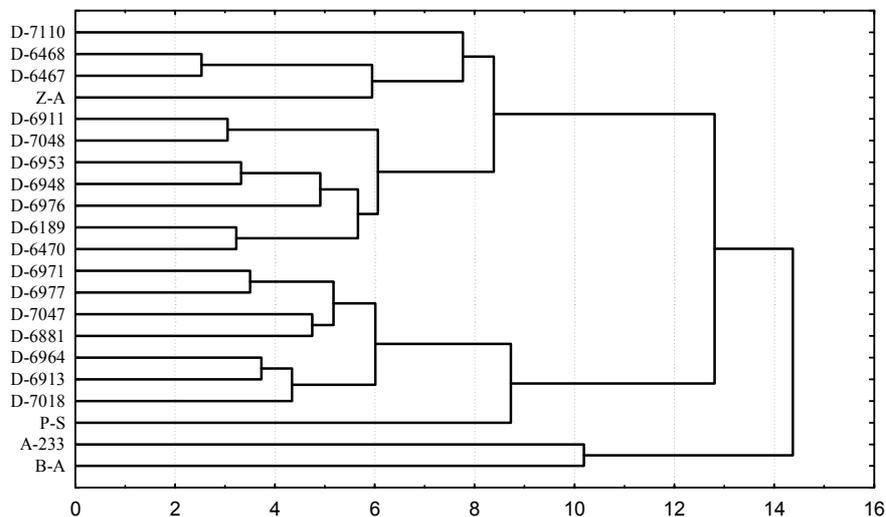
** P ≤ 1 %; NS – недоказан/not significant

Сега в изследването са включени значително по-голям брой генотипове, което вероятно води до този резултат, а и годините на изследване са различни – вероятно

с по-малки различия между тях. Във всички случаи се наблюдава доказано влияние на условията на средата, като тяхното участие в общото вариране е от 30 до 90 %. Доказаното взаимодействие “генотип-среда” при добив зърно от декар и съдържание на мокър глутен представлява 28.0 и 29.4 % съответно, което е съизмеримо с това на генотиповете. При тези признаци за по-точен отбор са необходими наблюдения в по-дълъг период, или оценка на фенотипната стабилност на линиите и сортовете.

Въз основа на стойностите на седемте наблюдавани признака е проведен кластерен анализ за групиране на генотиповете по генетично сходство. Като мярка за отдалеченост е използвано евклидовото разстояние. Прилаганият метод за групиране е по Ward (Ward, 1963). При този метод се оформят сравнително хомогенни групи с малък варианс по евклидово разстояние. Той е подходящ при изследване на сравнително голям брой генотипове, както е нашия. Резултатите от проведените йерархичен кластерен анализ е представен на Фигура 1 във вид на дендрограма.

Поради доказаното наличие на взаимодействие ГЧЕ за някои признаци, в условията на всяка година се наблюдава различно групиране на генотиповете твърда пшеница по сходство и различие. Това явление показва, че различните генотипи имат различаващи се генетични формули, определящи изражението на всеки признак. Явлението е известно като “преопределяне на генетичната формула на признака” при промяна на условията на средата (Дражавцев и Аверянова, 1983). По тази причина ние смятаме, че при провеждане на кластерен анализ върху резултатите от трите години на изследване едновременно получаваме много по-точно групиране на генотиповете. По този начин в групирането участват реакциите на повече гени по всеки признак и до известна степен се оценява и фенотипната стабилност на генотиповете по признаци. Самото използване на данните от фенотипните прояви на генотиповете твърда пшеница по най-важните селекционни признаци е особено благоприятно поради това, че в селекционния процес се води отбор на генотип по фенотип.



Фиг. 1. Дендрограма на 21 генотипове твърда пшеница
Fig. 1. Dendrogram for 21 durum wheat genotypes

От фиг. 1 се вижда, че на ниво близо 90 % от първото разделяне на участниците се наблюдават 3 групи генотипове. Още в първото разделяне се отделят генотиповете A-233 и Белослава, които са уникални от останалите и като такива се явяват генетически най-отдалечени. Останалото генетично разнообразие в изследваните генотипи по наблюдаваните признаци оформя две големи групи, като в едната участва

сорт Загорка, а в другата сорт Прогрес, като последният сорт се различава от останалите членове в неговата група. Подобно разнообразие е получено и при нашия кластерен анализ, правен преди 10 години в същата селекционна програма (Дечев и др. 1994). Това показва, че при водене на селекционния процес при твърдата пшеница в нашата селекционна програма се получават линии, които са отзивчиви на различни условия на средата и при съчетано отглеждане дават по-голяма стабилност на добива от тази култура. Резултатите от кластерния анализ могат да бъдат успешно използвани и при планирането на родителските двойки в хибридизационната програма.

ЛИТЕРАТУРА

- Дечев, Д. 2004.** Оценка на някои признаци и генотипове твърда пшеница в условията на различни години. "Растениевъдни науки", 41, 495-498
- Дечев, Д.; Г. Генов,; Ж. Желев, 1994.** Генетична отдалеченост в една селекционна програма на твърдата пшеница. Актуални проблеми в земеделието в Южна България, Ст. Загора, 24-27
- Драгавцев, В.А., А.Ф. Аверянова, 1983.** Переопределение генетических формул количественных признаков пшеницы в разных условиях среды. Генетика, 19: 1811-1817
- Cowen, N.M. and K.Y.Frey, 1987.** Relationship between genealogical distance and breeding behavior in oats. Euphytica 36: 413-424
- Goodman, M.M., 1972.** Distance analysis in biology. Syst. Zool. 21: 174-186
- Mohammad, S.A. and B.M. Prasanna, 2003.** Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. Crop Sci. 43: 1235-1248.
- Ward, J.H 1963.** Hierarchical grouping to optimize an objective function. J.Am.Stat.Assoc. 58: 236-244
- Yan W. and I. Rajcan 2002.** Biplot analysis sites and trait relation of soybean in Ontario. Crop Sci. 42: 11-20.

