

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Wydział Przyrodniczo – Technologiczny

Tomasz Roman Mikulski

**Sposoby wyboru linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego,
jako restorerów do odmian mieszańcowych opartych na systemie
męskiej sterylności MSL**

Options for selecting a line of doubled haploids of winter oilseed rape
as restorers to hybrid varieties based on the MSL male sterility system

Praca doktorska wykonana
w Katedrze Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
pod kierunkiem Prof. dr hab. Henryka Bujaka
promotor pomocniczy
dr hab. Sylwia Lewandowska, prof. Uczelni

Wrocław 2021

Dziękuję

*Panu Profesorowi dr hab. **Henrykowi Bujakowi**,*

Pani dr hab. Sylwii Lewandowskiej prof. Uczelni,

oraz Wszystkim,

którzy poświęcili mi czas, oraz przekazali cenne

wskazówki podczas pisania pracy doktorskiej.

SPIS TREŚCI

Wstęp i cel badań	4
Przegląd literatury	7
Materiał i metody	23
Materiał badawczy	23
Metody badawcze.....	23
Etap I - doświadczenia linii DH.	23
Etap II - wybór linii DH restorerów na podstawie plonowania i indeksu selekcyjnego.	24
Etap III - Ocena wartości gospodarczej mieszańców, linii restorerów i linii dopełniających.....	26
Warunki glebowe punktów doświadczalnych.....	29
Warunki klimatyczne w poszczególnych miejscowościach i latach badań	30
Wyniki.....	33
Ocena linii DH – restorerów na podstawie plonu nasion.....	33
Ocena linii DH – restorerów na podstawie indeksu selekcyjnego	33
Ocena mieszańców, których restorerami były linie DH z dwóch grup wyboru, oraz ich komponentów.....	34
Dyskusja	41
Streszczenie.....	48
Wnioski	50
Literatura	51
Tabele i wykresy	63

Wstęp i cel badań

Rzepak znany powszechnie pod nazwą „Canola”, od Canadian Oilseed Low-Acid, jest obok soi najważniejszą rośliną oleistą na świecie (Wang i in. 2010; Berrocoso i in. 2015; Bouchet i in. 2016). Obecnie rzepak uprawia się w trzydziestu krajach na świecie, na powierzchni 30 milionów hektarów, a jego roczna produkcja sięga 6 milionów ton (Cherevko 2016). W Europie uprawia się głównie ozimą formę rzepaku *Brassica napus*, a największymi producentami są Francja i Niemcy. Oczekuje się, że w Unii Europejskiej plony rzepaku w 2020 r. osiągną 2,97 t/ha, prawie 4% poniżej średniej z 5 lat. Główne kraje produkujące wykazują zmniejszone plony z powodu warunków klimatycznych (-3,5% w Niemczech, -8,5% we Francji) (<https://ec.europa.eu/jrc/sites/jrcsh/files/jrc-mars-bulletin-vol28-no7.pdf>). Według GUS (<https://stat.gov.pl/>), w Polsce powierzchnia uprawy rzepaku w ostatnich dziesięciu latach wynosi około 800.000 ha. Średnie plony rzepaku w latach 2010 - 2019 wahały się między 2,2t/ha a 2,7t/ha.

Firmy zajmujące się hodowlą rzepaku ozimego dążą do wytworzenia odmian o wysokim potencjale plonowania. W tym celu selekcionują setki nowych linii, które będą wartościowymi komponentami do tworzenia odmian mieszańcowych. Z pewnością nie jest to łatwe zadanie, nie tylko ze względu na trudne i szybko zmieniające się warunki klimatyczne (temperatura i niedobór opadów, długie okresy suszy), ale i także systematycznie postępujący efekt wzrostu średniej temperatury ziemi, który w ostatnich latach postępuje bardzo dynamicznie. Pożądanymi w hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego są linie, charakteryzujące się bardzo dobrymi cechami użytkowymi, które w efekcie mogą być wykorzystane w wielu formułach odmian mieszańcowych. Takie linie zapewniają w latach stabilne plonowanie mieszańców z nich powstałych, ale również z punktu widzenia ekonomicznego firm hodowlanych, przyczyniają się do ich finansowego sukcesu.

Niezmiernie istotnym etapem hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego jest zatem selekcja uzyskanych linii pod kątem ich wysokiej wartości cech agronomicznych. Tylko szybka, dokładna, zwracająca uwagę na szereg cech, selekcja linii w danym środowisku, ma szansę być efektywną metodą hodowli. Istnieje więc potrzeba, ciągłej modyfikacji metod hodowlanych, aby były one tańsze, wydajniejsze i pozwalały wyodrębnić linie, do tworzenia mieszańców wysoko i stabilnie plonujących i o korzystnych cechach użytkowych.

Dążenie do uzyskania jak najwyższego plonowania rzepaku zmusza hodowców do poszukiwania efektywnych metod selekcji (Krzymański i in. 1999), a czynnikiem decydującym o uzyskaniu plennych mieszańców, jest właściwy dobór komponentów

mieszańców – linii rodzicielskich wytwarzających wysokopienne potomstwo (Popławska i in. 2010). Duży plon nasion dają tylko te kombinacje między linią mateczną (sterylną) i ojcowską (przywracającą płodność), które charakteryzują się wysoką ogólną zdolnością kombinacyjną (GCA) i dają mieszańca o wysokiej swoistej wartości kombinacyjnej (SCA). Tylko niektóre kombinacje między linią mateczną (sterylną) i linią ojcowską, dają mieszańce wykazujące się wysokim efektem heterozji plonu nasion w pierwszym pokoleniu (F_1), dlatego trwają intensywne badania nad czynnikami decydującymi o ich plenności (Fried 2011; Liersch i in. 2004; Nowakowska i in. 2004, 2005). Gotowe systemy sterylności skłaniają do podjęcia badań mających na celu opracowanie metod, które pozwoliłyby na dokonywanie wyboru optymalnych komponentów rodzicielskich do tworzenia mieszańców (Woś i in. 1999). Aby odmiana plonowała dobrze w danym regionie, jej komponenty powinny być przetestowane w podobnym środowisku glebowo-klimatycznym. Proces selekcji, któremu poddawane są materiały hodowlane rzepaku pod względem specyficznych cech jakościowych, przyczynia się do ciągłego zawężania puli genetycznej tego gatunku, a wprowadzenie do hodowli linii podwojonych haploidów rzepaku ogranicza zmienność genetyczną i fenotypową wielu cech pożądaných dla celów hodowlanych (Popławska i in. 2010).

Mimo dużego rozwoju diagnostyki laboratoryjnej w ocenie rzepaku, w dalszym ciągu podstawowym kryterium wyboru najlepszej linii jest jej zachowanie się w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych. Doświadczenia polowe, pociągają za sobą duże koszty. Ponad 50% kosztów badania wartości gospodarczej odmiany (WGO), pochłania zbiór nasion, ich suszenie, czyszczenie i ważenie. Warunkiem sukcesu w hodowli jest przebadanie na wczesnych etapach, dużej ilości obiektów w zróżnicowanych środowiskach metodą, która skutecznie wyselekcjonuje linie restorery, które po przekrzyżowaniu z linią sterylną, dadzą wysoko i stabilnie plonujące mieszańce. Ważne jest, aby skuteczna decyzja selekcyjna, zapadała przed powstaniem kosztów.

Celem pracy jest próba odpowiedzi na pytanie, w jaki sposób selekcjonować linie restorery dla nowych odmian mieszańcowych rzepaku ozimego. Ponieważ linia restorer jest niezmiernie istotną, częścią składową odmiany mieszańcowej, zatem czy dla zapewnienia sukcesu hodowlanego i ekonomicznego, korzystniej będzie wybrać linie restorery przy pomocy oceny bonitacyjnej, czy wybór oprzeć wyłącznie na plonie nasion linii restorerów.

Wydaje się, że istnieją jeszcze inne czynniki, które mają wpływ na plonowanie nowych odmian mieszańcowych, niż tylko sama selekcja linii restorerów. Praca nie daje jednoznacznej odpowiedzi na pytanie, która z metod selekcji jest właściwa. Pokazuje, że

obydwie metody selekcji linii restorerów mogą być skuteczne w hodowli odmian mieszańcowych. Mając jednak na uwadze złożoność jak i ciągłość procesu hodowli, warto przyrzeć się zagadnieniu, w jaki sposób dokonywać wyboru linii restorerów w procesie hodowlanym rzepaku ozimego.

Przegląd literatury

Rzepak należy do rodzaju *Brassica*, który obejmuje zarówno rośliny oleiste, jak i warzywne (Bartkowiak-Broda 2002). Gatunki diploidalne rodzaju *Brassica* posiadają różne wielkości podstawowego zespołu chromosomów od $x = 7$ do $x = 12$ (Quiros 1995a; Quiros 1995b; Sadowki i in. 2000). Doniesienia naukowe Sadowskiego i in. (2000) potwierdzają wcześniejsze doniesienia z przeglądu literatury Prakash i Hinata (1980), które sugerowały, by trzy diploidalne gatunki *Brassica* uważać za odległe poliploidy, pochodzące od jednego przodka o pięciu, względnie sześciu chromosomach. Jak podkreśla Sadowski i in. (2000) znacząca cytogenetyczna praca Nagaharu (1935) wskazywała na genetyczne pokrewieństwo zarówno diploidalnych, jak i pochodzących od nich amfidiploidalnych gatunków uprawowych z rodzaju *Brassica*. Liczne prace badawcze prowadzone w pierwszej połowie dwudziestego wieku wskazały, iż gatunki allopoloidalne o wyższej liczbie chromosomów powstały z gatunków diploidalnych (Wojciechowski i in. 2000). Według Quiros (1995a) oraz Sadowskiego i in. (2000) w obrębie rodzaju *Brassica* najbardziej znanymi diploidalnymi gatunkami uprawnymi są: *B.campestris* (syn. *B. rapa*, $2n = 20$, genom A), *B. nigra* ($2n = 2x = 16$, genom B) oraz *B. oleracea* ($2n = 2x = 18$, genom C). Rzepak (*Brassica napus*, genomy AACC = 38) jest naturalnym allotetraploidem łączącym podstawowe zespoły chromosomów *B.campestris* (AA = 20) i *B. oleracea* (CC = 18) (Nagaharu 1935; Song i Osborn 1992; Quiros 1995a; Wojciechowski i in. 2000; Friedt 2011; Qinfei 2011). Quiros (1995a) wysunął tezę, iż rzepak jest stosunkowo młodym gatunkiem i najprawdopodobniej powstał poprzez spontaniczne krzyżowanie (hybrydyzację) międzygatunkowe rzepiku (*Brassica rapa*, syn. *Brassica campestris*) z kapustą (*Brassica oleracea*). Najprawdopodobniej hybrydyzacja ta występowała wielokrotnie i miała miejsce w południowo-zachodnim basenie Morza Śródziemnego (Quiros 1995b). Podsumowując, genom rzepaku złożony jest z dwóch genomów rodzicielskich, co wskazuje, iż każdy gen posiada przynajmniej dwie kopie pochodzące z dwóch loci, odpowiednio w genomie A i C (Olejniczak i Mikołajczyk 2013).

Według Bartkowiak-Brody (2002) do roślin oleistych należą formy jare i ozime rzepaku (*Brassica napus*) i rzepiku (*Brasica camperstis*) oraz występujące jedynie w formie jarej gorczyce: sarepska (*Brassica juncea*), czarna (*Brasicca nigra*) i abisyńska (*Brassica carinata*). Centra pochodzenia dzikich form roślin oleistych zlokalizowane są nie tylko w Azji i w basenie Morza Śródziemnego, ale także w północnej Europie (Schröder-Lembke 1989). Znany niemiecki hodowca Schröder-Lembke (1989) w pracy naukowej zatytułowanej „Die

Entwicklung des Raps- und Rübsenanbaus in der deutschen Landwirtschaft”, wspomina o cennych znaleziskach archeologicznych w miejscowości Feddersen Wierde, koło Bremy, a także w Biskupinie na obszarze Polski. Na terenie wykopalisk archeologicznych położonych w tych miejscowościach, znaleziono nasiona rzepiku łącznie z łuszczynami. Fakt, że znajdowały się one tuż obok kamieni młyńskich sugerować może, iż już w połowie epoki brązu, tj. od ok. XIV w. p.n.e., po wczesną epokę żelaza, aż do ok. V w. p.n.e., pozyskiwano olej z nasion rzepiku. Z kolei Barkowiak-Broda (2002) dodaje, iż pierwsze wzmianki o uprawie rzepiku w Indiach pochodzą już z 4000 roku p.n.e., w Chinach zaś i Japonii sprzed 2000 lat. Natomiast Krzymański (1997) podaje, iż w Polsce, znajdowano nasiona roślin oleistych z rodzaju *Brassica* już w osadach z X wieku.

Istnieje wiele hipotez na temat rozwoju uprawy rzepiku w Europie. Przykładowo według Bartkowiak-Brody (2002) gatunek ten uprawiano już w XIII wieku, zaś według Schröder-Lembke (1989) uprawa ta została zapoczątkowana w XVII wieku w Holandii, tworząc tym samym podstawę do rozwoju przemysłu olejarskiego i mydlarskiego. Z czasem Holandia stała się ważnym producentem oleju. Następnie uprawa rzepiku rozprzestrzeniła się na obszar Belgii. Jak przypuszcza Schröder-Lembke (1989), Holendrzy wywieźli rzepik w XVII wieku do Anglii. Sto lat później roślina ta była wykorzystywana tam, jako wiosenna pasza dla owiec.

Również we wschodniej Europie następowało stopniowe rozprzestrzenianie się upraw roślin oleistych. Z pracy Schröder-Lembke (1989) wynika, iż już w 1720 roku, w okolicach Lipska, uprawiano rzepik na znacznym obszarze. Autor pracy powołuje się również na świadectwo J. G. Loepolda, który wymienia rzepik opisując rolnictwo Śląska w 1750 roku: „Rzepik nie jest na tych terenach powszechny, rolnicy nie chcą go uprawiać, ponieważ w przeciwieństwie do regionu Lipska klimat jest tu za gorący”.

Uprawa roślin oleistych była w Niemczech popularna już od XVI wieku, jednakże do końca XVIII wieku olej uzyskiwany z tych roślin był produkowany jedynie na własny użytek. Z kolei w XIX wieku ceny olejów roślinnych znacznie wzrosły. Wtedy to nastąpił dynamiczny rozwój oświetlenia, lampy naftowe można było spotkać nie tylko w domach Europy Zachodniej, ale także w Polsce i Rosji (Schröder-Lembke 1989). Przypuszcza się, iż rozwój oświetlenia w Polsce musiał z czasem spowodować wzrost zapotrzebowania na surowiec, z którego można było wytwarzać olej do lamp. Z kolei Arseniuk i Oleksiak (2003) podkreślają, iż pierwsze doniesienia o uprawie rzepaku na terenach polskich pochodzą z 1811 roku. Ponadto z materiałów tych wynika, iż rzepak był już wtedy uprawiany w Kaliskiem, Warszawskiem, Sandomierskiem, Poznańskiem, Płockiem, Lubelskiem, Siedleckiem,

Łomżyńskim, Bydgoskiem, Krakowskim, a także na Kujawach. Natomiast Rutkowski (1987), dodaje, że udokumentowana historia uprawy i badań nad rzepakiem w Polsce pochodzi z 1837 roku. Z kolei pierwszy podręcznik poświęcony uprawie tego gatunku autorstwa Oczapowskiego, zatytułowany „Uprawa Roślin Fabrycznych”, pochodzi z 1837 roku, pierwsze zaś wzmianki o doświadczeniach z rzepakiem opisane zostały w „Rocznikach Gospodarstwa Krajowego”, opracowanych przez Miłosza w 1861 roku (Bartkowiak-Broda 2002).

Z czasem zapotrzebowanie na surowiec wymusiło rozwój nauki i badań nad gatunkiem *Brassica napus*. O pierwszych doniesieniach naukowych poświęconych uprawie rzepaku w XIX wieku informuje również Rudko (2011), który podkreśla, że plony w ówczesnym czasie wahały się od 5 - 11 dt/ha. Stopniowy wzrost uprawy w XIX wieku spowodował wyodrębnienie pierwszych miejscowych odmian rzepaku (Bartkowiak-Broda 2002, Schröder-Lembke 1989). Hodowca Schröder-Lembke (1989) cytując doniesienia J. Hackbartha podkreśla: „Na wschodzie była odmiana „Biewitz“ bardzo krzepka o dużej zimotrwałości, a dzięki swoim włochatym liściom wykazywała odporność na podgryzanie przez dzikie zwierzęta, równocześnie charakteryzowała się słabą plennością”. Natomiast w Turyngii uprawiano w tym czasie odmianę „Thüringische Gebirgsraps”. Na Śląsku wyłoniła się początkowo jako lokalna odmiana, a z czasem jako jedna z pierwszych odmian hodowlanych „Janetzki Schlesischer Winterraps” (Schröder-Lembke 1989). Twórcą tej odmiany był Curt Janetzki, który po sugestii prof. K. Von Rükera założył w miejscowości Prusinowice, koło Nysy, jedną z pierwszych firm w Europie zajmującą się hodowlą rzepaku ozimego (Schröder-Lembke 1989). Z kolei w 1897 roku, w miejscowości Malchow, na wyspie Poel, we wschodnich Niemczech, młody rolnik Hans Lembke poświęcił się hodowli rzepaku ozimego. Jego wielkim sukcesem była odmiana „Lembkes Winterraps“, charakteryzująca się bardzo wysokimi i stabilnymi plonami. Z czasem odmiana ta zapoczątkowała silny rozwój hodowli rzepaku ozimego w Europie i była wykorzystywana przez innych hodowców jako cenny materiał wyjściowy do hodowli (Arseniuk i Oleksiak 2003). Na uwagę zasługuje również odmiana Skrzyszowicki, wyhodowana przez polskiego hodowcę Jana Adamczyka w Stacji Hodowli Roślin Garzyn (Gdańska Hodowla Ziemniaka). Bartkowiak-Broda (2002) podaje, że w Polsce w okresie 1850-1914 wytworzono następujące odmiany: Karlikowaty, Olbrzymi Późny, Powiślański. Arseniuk i Oleksiak (2003) podkreślają, iż w 1891 roku, rolnik A. Stegler, w miejscowości Sobótka, założył hodowlę rzepaku i z czasem wyselekcjonował odmianę „Sobótka” dominującą w produkcji, szczególnie popularną w okresie międzywojennym oraz po wojnie, znaną również jako

rzepak Sobótkowski. Niewątpliwie hodowla rzepaku ozimego przyczyniała się do zwiększenia areалу uprawy tego gatunku w Polsce i Europie. Obok cenionych hodowców Lembkego, Janetzkiego, Steglera należy również wspomnieć o Hodowli Nasion S. A. Konstanty Buszczyński i Synowie. Rodzina Buszczyńskich wyhodowała, w Górcie Narodowej pod Krakowem, popularną odmianę Górczański, która przez blisko 30 lat, dokładnie od roku 1950 do 1980, dominowała w uprawie rzepaku ozimego w Polsce, a została wyparta dopiero wraz z wprowadzeniem do uprawy odmian ulepszonych (Arseniuk i Oleksiak 2003). Okres obydwu wojen światowych, a także liczne interwencje rządowe spowodowały wzrost powierzchni uprawy rzepaku, głównie w celu produkcji margaryny, określanej wówczas mianem „masła wojennego” (z niem. Kriegsbutter). Schröder-Lembke (1989) podkreśla, że zapotrzebowanie na olej podczas drugiej wojny światowej, przyczyniło się do wzrostu areálu uprawy rzepaku ozimego w Niemczech do poziomu 200.000 ha. Z pewnością tak dynamiczny wzrost wpłynął na intensywny rozwój pierwszych firm hodowlanych rzepaku. Niestety bardzo zła opinia na temat substytutu masła spowodowała, iż po zakończeniu drugiej wojny światowej zainteresowanie wykorzystaniem oleju rzepakowego, zarówno w Niemczech, jak i w Kanadzie, zmalało (Jeroch i in. 2013). Według Schröder-Lembke (1989) spadek powierzchni uprawy rzepaku ozimego w Niemczech, w okresie powojennym, mógł wynikać z importu wysokowartościowych olejów i tłuszczów z zagranicy. W efekcie zmniejszyła się także powierzchnia uprawy rzepaku w Europie. Jak podkreśla Jeroch i in. (2013) jeszcze w roku 1955, w Niemczech, rzepak uprawiano zaledwie na powierzchni 7000 ha. Z kolei według Arseniuka i Oleksiaka (2003) w Polsce, w latach 1950-1955, powierzchnia uprawy rzepaku ozimego wynosiła około 100 tysięcy hektarów. Natomiast Wałkowski i in. (2002) uważają, iż powierzchnia była znacznie wyższa tj. 146,4 tysięcy hektarów. Lata 50 i 60 XX wieku to okres intensywnej pracy poświęconej licznym metodom badawczym i hodowlanym (Arseniuk i Oleksiak 2003). Bartkowiak-Broda (2002) przytacza badania Dembińskiego, który na podstawie licznych doświadczeń udowodnił, że w warunkach Polski, przy zastosowaniu odpowiedniej agrotechniki, uprawa rzepaku jest jak najbardziej możliwa i ekonomicznie uzasadniona (Dembiński 1975). Równocześnie nasilone prace hodowlane prowadzone od 1962 roku, w Zakładzie Roślin Oleistych Poznańskiego Oddziału IHAR, pod przewodnictwem prof. J. Krzymańskiego, przyczyniły się niewątpliwie do rozwoju intensywnej hodowli rzepaku ozimego. Lityński oraz Grabiec poprzez długotrwałe prace hodowlane przyczynili się do wytworzenia odmian o polepszonej zimotrwałości.

Obecnie w Europie uprawa rzepaku, podobnie jak innych gatunków, wspomagana jest wieloma badaniami naukowymi. Postępujący rozwój agrotechniki, wprowadzanie na rynek

kolejnych środków ochrony roślin, insektycydów, nowoczesnych kombajnów, suszarni i magazynów spowodowało, że rzepak w porównaniu z burakami cukrowymi, czy ziemniakami nie był rośliną pracochłonną. Powierzchnia uprawy rzepaku ozimego w latach 70-80 tych XX wieku była dość stabilna. Aby w pełni wykorzystać potencjał rzepaku, potrzebne były dalsze prace nad ulepszeniem składu chemicznego jego nasion.

Intensywne badania nad ulepszeniem cech jakościowych rzepaku prowadzono w Polsce, podobnie jak w innych ośrodkach na świecie. Nasiona rzepaku zawierają 43-49% oleju (Krzymański 1984; Bartkowiak-Broda 2002; Bartkowiak-Broda 2008) i 21-24% białka o wysokiej wartości pastewnej (Bartkowiak-Broda 2002; Bartkowiak-Broda 2008; Jeroch i in. 2013). Śruta rzepakowa zawiera białko dobrze zbilansowane pod względem zawartości aminokwasów. Zajmuje ona drugie miejsce, spośród wielu śrut poekstrakcyjnych, po śrucie sojowej w zawartości lizyny w białku (Buraczewska i in. 1988). W nasionach rzepaku pomiędzy zawartością tłuszczu, a białka jest ujemna korelacja (Rakow 1978; Wielebski i Wójtowicz, 2004). Przed hodowlą rzepaku ozimego stoi nieustanna potrzeba doskonalenia jakości nasion, zarówno pod względem zawartości białka, jak i tłuszczu. Z ekonomicznego punktu widzenia niekorzystnym jest hodowanie odmian o wysokiej zawartości białka, kosztem wysokiej zawartości oleju w nasionach i odwrotnie (Rakow 1978). Jest jednak możliwe wyhodowanie odmian rzepaku ozimego o wysokiej zawartości białka i o wysokiej zawartości tłuszczu surowego (Rakow 1978, wyniki własne).

Liczne doświadczenia przeprowadzone na zwierzętach wykazały jednak, że znajdujące się w uprawie w latach 60 XX wieku, odmiany rzepaku, które zawierały 50% kwasu erukowego w oleju, miały niewłaściwy z punktu widzenia żywienia ludzi i zwierząt skład chemiczny (Arseniuk i in. 2003). Kwas erukowy wpływa pośrednio na uszkodzenie mięśnia sercowego (Bartkowiak-Broda 2002; Arseniuk i in. 2003; Jeroch i in. 2013). Drugim czynnikiem ograniczającym zastosowanie rzepaku w paszach były glukozytolany. Nawet nieznaczny udział (2-3%) poekstrakcyjnej śruty rzepakowej w mieszankach pełnoporcjowych oddziaływał negatywnie na produktywność swni oraz drobiu (Gebhardt i in. 1982; Smulikowska i in. 1990, 1998), ponieważ glukozytolany ograniczają pobieranie paszy oraz upośledzają funkcjonowanie gruczołu tarczycy (Henkel i Mosenthin 1989). Problemy te nie sprzyjały zwiększaniu powierzchni uprawy rzepaku i mogły być jedynie rozwiązane przez wytworzenie nowych odmian, pozbawionych tych negatywnych cech. Znaczący wpływ na zakres podejmowanych nowych badań i prac hodowlanych w poszczególnych krajach europejskich oraz Kanadzie miał I Międzynarodowy Kongres Rzepakowy w Gdańsku w 1967 roku (Jeroch i in. 2013). Poprzez międzynarodową współpracę kanadyjski uczoney prof.

Downey odkrył, że pojedyncze rośliny odmiany jarej rzepaku Liho, zawierają mocno obniżoną zawartość kwasu erukowego lub nie posiadają go wcale (Schröder-Lembke 1989). Rośliny te zostały rozmnożone i stanowiły źródło zerowej zawartości kwasu erukowego, a dalej na ich podstawie powstały pierwsze odmiany rzepaku jarego jednozerowe „0”, które od 1971 roku były uprawiane z powodzeniem w Kanadzie (Schröder-Lembke 1989). Odmiany te trafiły też do Europy, które przekrzyżowano z rzepakiem ozimym i poprzez systematyczną selekcję w kierunku zerowej zawartości kwasu erukowego, polepszenia zimotrwałości, stabilności plonowania i zdolności regeneracyjnych po zimie, wyhodowano z nich pierwsze europejskie odmiany rzepaku ozimego o niskiej zawartości kwasu erukowego zwane potocznie jednozerowe „0” (Schröder-Lembke 1989). Także w Polsce w 1961 roku z jarej odmiany Bronowski wyselekcjonowano linie o zawartości około 8% kwasu erukowego (Krzymański 1970). Poprzez krzyżowanie z zeroerukową linią odmiany Liho i selekcję, uzyskano odmiany o zmienionym składzie i proporcjach kwasów tłuszczowych (Bartkowiak-Broda 2002). Pierwszą na świecie odmianę niskoerukową Wipol zarejestrowano w Polsce w 1972 roku, cztery lata później polską odmianę bezerukową Janpol, a od 1977 roku w produkcji krajowej znajdowały się odmiany bezerukowe głównie zagraniczne, które razem z nowymi polskimi odmianami, pod koniec lat osiemdziesiątych ubiegłego wieku, wyparły zupełnie z rynku odmiany z kwasem erukowym (Jeroch i in. 2013).

Kamieniem milowym w historii hodowli rzepaku było odkrycie przez prof. J. Krzymańskiego w 1967 r. genetycznego źródła niskoglukozylanowości, którym była polska odmiana rzepaku jarego Bronowski (Aresniuk i in. 2003; Jeroch i in. 2013). Dało to początek hodowli odmian niskoglukozylanowych na całym świecie, a krzyżowanie rzepaków ozimych i jarych stało się podstawą hodowli jakościowej (Krzymański 2000). W roku 1984 zasiano w Polsce pierwsze plantacje rzepaku podwójnie ulepszonych, a pierwszą polską odmianą dwuzerową „00” była odmiana Jantar zarejestrowana w 1985 roku (Arseniuk i in. 2003).

Problem zawartości glukozylanów nie jest całkowicie rozwiązany w procesie hodowlanym. Zawartość szkodliwych w żywieniu glukozylanów jest determinowana przez genotyp rośliny i w sposób istotny modyfikowana przez warunki środowiskowe (Bartkowiak-Broda i in. 1983; Lierch i in. 2004; Piętka i in. 2005), a ich ilość ulega zwiększeniu wraz ze wzrostem dostępnej siarki (Wielebski 1997; Wielebski i Wójtowicz 1998), większej masy tysiąca nasion (Wielebski i Wójtowicz 1994) oraz mniejszej gęstości roślin na powierzchni jednego metra kwadratowego (Wielebski i Wójtowicz 2004).

Liersch i in. (2004) stwierdzili, że występuje bardzo niski efekt heterozji dla sumy glukozyolanów u mieszańców pokolenia F₁. Wynikać to może z faktu, że zawartość tych związków jest kontrolowana przez genotyp rośliny matecznej i determinowana przez co najmniej trzy pary genów działających w sposób addytywny (Kondra i Stefannsson 1970; Krzymański 1970). Piętka i in. (2005) pokazują, że występuje efekt heterozji dla zawartości glukozyolanów u poszczególnych mieszańców pierwszego pokolenia użytych w badaniach, lecz maleje on znacznie w pokoleniu F₂ i tłumaczy to zanikiem dominującego działania genów i ustaleniem ogólnej zdolności kombinacyjnej linii użytych do krzyżowań, z równoczesnym spadkiem specyficznej zdolności kombinacyjnej.

Redukcja praktycznie do zera stężenia kwasu erukowego sprawiła, że z oleju o znaczeniu technicznym uzyskano pełnowartościowy olej roślinny, wykorzystywany zarówno w żywieniu ludzi, jak i zwierząt (Trautwein i in. 1998). Produkty uboczne (śruta poekstrakcyjna, makuchy, ekspelery), powstające podczas pozyskiwania oleju z rzepaku nowych odmian, w wyniku istotnego zmniejszenia koncentracji glukozyolanów, znalazły szerokie zastosowanie w żywieniu zwierząt monogastrycznych (Jeroch i in. 2013).

Nasiona rzepaku, najważniejszej rośliny oleistej w Polsce, a także w Unii Europejskiej, są źródłem nie tylko oleju, ale także wartościowego białka (Bartkowiak-Broda 2008). W latach 1970-90 powstało wiele publikacji na temat rzepaku jako rośliny białkowej (Rakow 1978, Stefannsson 1978; Anand i in. 1978; Downey 1978; Pastuszewska i in. 1988).

Od momentu, kiedy pojawiły się odmiany „00”, hodowcy jako główny cel hodowlany postawili sobie wysoki plon nasion i tłuszczu surowego, plon białka natomiast, przestał być ważną cechą hodowlaną. Należy jednak dodać, że poekstrakcyjna śruta z rzepaku podwójnie ulepszonego ze względu na niską zawartość glukozyolanów i produktów ich rozpadu, oraz na bardzo dobry skład aminokwasowy białka, nie powinna być traktowana jedynie jako produkt uboczny lub odpadowy przemysłu olejarskiego, lecz jako cenna pasza białkowa, która może zmniejszyć znaczny deficyt białka w żywieniu zwierząt nieprzeżuwających, a więc trzody chlewnej i drobiu w Polsce (Pastuszewska i in. 1988). Śruta rzepakowa jako pasza wysokobiałkowa ma zastosowanie w żywieniu wielu gatunków zwierząt. Wyniki licznych prac eksperymentalnych świadczą, że ich udział w mieszankach dla zwierząt hodowlanych monogastrycznych jest uzasadniony i nie stwarza licznych problemów. Poekstrakcyjną śrutę rzepakową można stosować w żywieniu kur niosek, choć w tym przypadku czynnikiem limitującym udział śruty w paszy jest zawartość włókna (Jeroch i in. 2013). Wyniki przedstawione przez Jerocha i in. (2013) dowodzą, że w mieszankach paszowych dla kurcząt brojlerów możliwy jest udział 15% śruty rzepakowej, natomiast

u krów wysokoprodukcyjnych można praktycznie całkowicie zastąpić śrutę sojową śrutą rzepakową. Wiele prac badawczych z zakresu żywienia tuczników dowodzi, że śruta rzepakowa może być z powodzeniem stosowana w ich żywieniu (Buraczewska i in. 1988; Jeroch i in. 2008; Mikulski i in. 2011; Jia i in. 2012; Khajali i Smoliński 2012; Mikulski i in. 2012; Jeroch i in. 2013;). Śruta rzepakowa może być też stosowana w żywieniu królików, redukując dodatkowo niepożądany wpływ śruty słonecznikowej stosowanej w żywieniu, polegający na fermentacji w dolnym odcinku jelita grubego (Matusevičius i in. 2014).

W XXI wieku, kiedy coraz częściej mówi się o uzależnieniu Unii Europejskiej od importowanej z krajów trzecich śruty sojowej, poruszany jest również temat plonu białka w rzepaku, a samego rzepaku jako rośliny nie tylko olejowej, ale też białkowej. Hodowcy zwracają baczniej uwagę na zawartość białka w nasionach. Niestety jest ona odwrotnie skorelowana z zawartością tłuszczu (Rakow 1978). Selekcja nastawiona na procentową sumę zawartości oleju i białka w nasionach w segregującej populacji prowadzi do wyselekcjonowania linii rzepaku, których suma białka i oleju przekracza 70% (Downey 1978). Pożądane w hodowli są zatem linie, które łamią negatywną korelację między zawartością oleju i białka w nasionach. Technika hodowli polegająca na selekcji linii, przekraczającej 70%, sumie oleju i białka w nasionach, była nowym sposobem hodowli ukierunkowanej na powyższe cechy (Downey 1978). Wydaje się, że ta technika hodowli obowiązuje do dziś.

Rzepak jest w dużej mierze samopylny, ale też w pewnym stopniu obcopylny (Fried 2011). Rakow (1978) podaje, że obcopylność w rzepaku waha się między 6% a 12%. Jednak wcześniejsze badania pokazują, że obcopylność w rzepaku sięga nawet 35% (Olsson 1960). Różne sposoby zapylenia powodują, że w rzepaku można spotkać różne typy odmian. Należą do nich odmiany liniowe, hodowane metodą rodowodową oraz mieszańcowe wykorzystujące efekt heterozji (Pourdad i in. 2003; Fried 2011).

Hodowla nowych odmian linowych metodą rodowodową trwa od 8 do 10 lat. Czas, który potrzebny jest do wyhodowania nowej odmiany, można znacząco zredukować, wykorzystując w hodowli metodę podwójnych haploidów (DH) (Cegielska-Taras 2004). Główną zaletą stosowania metod haploidalnych jest szybka i pełna homozygotyczność potomstwa. To sprawia, że wybór fenotypu o ustalonych genetycznie cechach ilościowych, a zwłaszcza jakościowych jest o wiele łatwiejszy, a zatem hodowla jest bardziej efektywna (Cegielska-Taras 2004). Do tworzenia linii rodzicielskich, mieszańców F₁ potrzebne są linie wsobne. Wytworzenie linii wsobnych poprzez samozapylenie wymaga pięciu, sześciu

pokoleń hodowli. Ten proces można zrealizować w jednym roku, wykorzystując technologię uzyskiwania linii podwojonych haploidów (DH) (Cegielska-Taras 2004).

W wyniku krzyżowania dwóch oddalonych pod względem genetycznym homozygot powstają mieszańce, które mogą się odznaczać zwiększoną masą zieloną, zwiększonym wigorem, a przede wszystkim wyższym i stabilniejszym plonem nasion w porównaniu do form rodzicielskich (Shull 1922; Girke 2002; Fried 2011). To fenomenalne zjawisko nazywa się „efektem heterozji” i zostało pierwszy raz opisane przez Shull’a w 1922 roku. Warunkiem istnienia efektu heterozji jest dominujące dziedziczenie korzystnych alleli, oraz istnienie w liniach rodzicielskich każdego z korzystnych alleli dla różnych genów. Mieszaniec zaś wyraża sumaryczną kombinację wszystkich tych pozytywnych alleli, które występują oddzielnie u każdego z rodziców (Girke 2002). Historia hodowli rzepaku ozimego w Europie wskazuje, że wszystkie odmiany i linie wykorzystywane przez hodowców w nowych programach mają podłoże genetyczne przynajmniej dwóch odmian Liho – donora zerowej zawartości kwasu erukowego i Bronowski – donora zmniejszonej zawartości glukozyolanów. Odmiany rzepaku ozimego uprawiane w Europie pochodzą od niewielu swoich przodków. Jednym z nich jest odmiana „Lembke Winterraps”, która została wykorzystana w wielu programach hodowlanych: francuskim, szwedzkim, polskim i oczywiście niemieckim (Arseniuk i in. 2003; Fried 2011). Również selekcja pod względem specyficznych cech jakościowych zawężyła pulę genów materiałów hodowlanych rzepaku, przez co zmienność genetyczna wielu cech pożądanых dla celów hodowlanych zostaje ograniczona (Nowakowska i in. 2004). W porównaniu do swoich gatunków rodzicielskich, rzepak ozimy ma bardzo ograniczoną bazę genetyczną (Qinfei i in. 2011) podobnie jak to ma miejsce w porównaniu do innych gatunków, takich jak kukurydza czy bobik (Girke 2002). Mimo to można zidentyfikować w europejskim materiale hodowlanym rzepaku ozimego, różne pulę genetyczne (Kanaak 1996) (gene pool).

Krzyżując formy o dużym potencjale plonowania, można spodziewać się silnego efektu heterozji w pokoleniu F_1 , a genetyczne oddalenie komponentów i ich właściwy dobór jest w dużej mierze przyczyną wielkości efektu heterozji odmian mieszańcowych (Girke 2002; Nowakowska i in. 2004; Alizadeh 2007; Banga i in. 2007; Radoev i in. 2007; Prajapati i in. 2007; Fried 2011).

Jak pisze Friedt (2011) hodowcy, aby poszerzyć zmienność genetyczną w materiale hodowlanym, stosują następujące techniki:

- krzyżowania oddalone,
- resynteza rzepaku,

- krzyżowania ze starymi odmianami, o wysokiej zawartości glukozyolanów i kwasu erukowego (++) ,
- krzyżowania z odmianami lub liniami rzepaku jarego i ozimego mającymi różne podłoże genetyczne,
- identyfikacja genetycznie różnych grup w aktualnie dostępnych liniach lub odmianach.

Poszerzenie zmienności genetycznej jest niezbędne w hodowli odmian mieszańcowych, gdyż duże zróżnicowanie genetyczne pomiędzy materiałami wyjściowymi gwarantuje sukces w hodowli (Frauen i in. 2003). Istnieje wiele badań potwierdzających, że odmiany mieszańcowe rzepaku charakteryzują się większym plonem nasion, nie tylko w porównaniu do swoich form wyjściowych (Grosse i in. 1996; Chaozhi i in. 2003), ale także większym i stabilniejszym plonem w latach w porównaniu do odmian liniowych (Budewing i in. 2003). Od ponad 35 lat trwają intensywne badania nad wykorzystaniem efektu heterozji w hodowli rzepaku ozimego (Grosse i in. 1996; Girke 2002; Frauen i in. 2003). Pełne i praktyczne wykorzystanie efektu heterozji w hodowli roślin polega na, z jednej strony zapobieganiu samozapłodnienia linii matecznej, a z drugiej na unikaniu niekontrolowanego zapylenia linii matecznej przez obcy pyłek (Girke 2002). W tym celu hodowcy wykorzystują systemy męskiej sterylności.

W Europie wykorzystywane są obecnie dwa systemy męskiej sterylności, cytoplazmatyczno-genowej (CMS *ogura*) oraz MSL (Męska Sterylność Lembke).

System CMS *ogura* bazuje na genowo-cytoplazmatycznej męskiej sterylności (CMS *napus*), rzodkwi oleistej, który został odkryty przez Thompsona w 1972 r. i wprowadzony do genotypu rzepaku (Bannerot i in. 1974; Rousselle 1982). Także odpowiadający mu gen restorer dla CMS *ogura* został wprowadzony do rzepaku z genotypu rzodkwi oleistej (Heyn 1976). Gen restorujący *Rfo* był bardzo blisko sprzężony z genem warunkującym wysoką zawartość glukozyolanów, co stanowiło trudność (w początkowej fazie wykorzystywania tej sterylności), w uzyskaniu mieszańców „00” (Girke 2002; Friedt 2011). Z tego powodu pierwsze odmiany oparte na systemie męskiej sterylności CMS *ogura* były mieszańcami złożonymi składającymi się z nasion sterylnej mieszańca F₁ oraz w 20% z odmiany zapylacza (Girke 2002). Przez ostatnie lata w wyniku prac badawczych i hodowlanych, nastąpił duży rozwój mający na celu poprawę jakości linii rzepaku *Rfo* poprzez redukcję zawartości glukozyolanów, do tego stopnia, że pozwoliło to na hodowanie odmian mieszańcowych całkowicie zrestorerowanych opartych na systemie CMS *ogura* o jakości „00” (Delourme i in. 1999).

System Męskiej Sterylności Lembke (MSL) powstał w wyniku spontanicznej mutacji i został zidentyfikowany w ogródku hodowlanym (Paulmann i in. 1998). Pierwsze prace nad systemem sterylności Lembke (MSL) rozpoczęły się w firmie Norddeutsche Pflanzenzucht w 1982 roku (Frauen i in. 2003). System sterylności Lembke MSL charakteryzuje się następującymi cechami (Frauen i in. 2003):

- męska sterylność pozostaje stabilna w różnych środowiskach,
- hodowla linii męsko- sterylnych jest trudna i bardzo pracochłonna,
- płodność mieszańców jest bardzo wysoka,
- wszystkie linie i odmiany liniowe są restorerami,
- system sterylności nie powoduje strat w plonie mieszańca,
- zawartość glukozyolanów jest na niskim poziomie.

System sterylności Lembke MSL jest stosunkowo młodym systemem, jeżeli chodzi o wykorzystanie w hodowli rzepaku ozimego. Pierwszymi odmianami mieszańcowymi z tym systemem zarejestrowanymi w Polsce w roku 1999 były odmiany Bufallo i Kasimir. W 2020 roku w Krajowym Rejestrze były 123 odmiany mieszańcowe rzepaku ozimego, z czego 19 to odmiany oparte na systemie Lembke MSL.

Najważniejszym celem hodowlanym rzepaku ozimego (również kryterium rejestracyjnym nowych odmian rzepaku ozimego) przeznaczonego na olej jest „jakość” to znaczy zerowa ($< 0,2\%$ od sumy wszystkich kwasów tłuszczowych) zawartość kwasu erukowego i niska zawartość glukozyolanów ($< 15 \mu\text{m}$ przy 9% wilgotności i zawartości oleju powyżej 40%) w nasionach.

Drugim bardzo ważnym celem hodowlanym jest plon nasion z hektara najlepiej powiązany z zawartością oleju surowego. Razem te dwie cechy przekładają się na plon oleju surowego z hektara powierzchni. Analiza plonów rzepaku ozimego w Polsce na podstawie danych GUS pokazuje, że średnio od roku 2000 polscy rolnicy zbierają statystycznie rocznie o $0,29 \text{ dt/ha}$ więcej nasion (Arseniuk i in. 2003) niż rok wcześniej. Za dużą część wzrostu plonu roślin uprawnych, w tym także rzepaku odpowiedzialny jest postęp hodowlany. Postęp ten może być nadal utrzymany w kolejnych latach poprzez wykorzystanie efektu heterozji w odmianach mieszańcowych (Friedt 2011). Na plon nasion składają się takie cechy jak masa, 1000 nasion, liczba nasion w łuszczyźnie, liczba łuszczyzn na pędzie głównym i pędach bocznych, oraz polepszenie indeksu żniwnego. Selekcja ukierunkowana na wszystkie te cechy spowoduje kontynuowanie wzrostu średniego plonu nasion na polach rolników w kolejnych latach.

Trzecim ważnym celem hodowlanym jest stabilność plonowania (Friedt 2011). Ogromny wpływ na plon nasion w latach mają takie cechy jak zimotrwałość, tolerancja na wiosenne przymrozki, wysokość roślin, odporność na wyleganie, odporność na osypywanie łuszczyń, termin dojrzewania roślin, odporność na suszę, jak i efektywne wykorzystanie składników pokarmowych, w tym nawożenia azotowego (Friedt 2011). Jak pokazują badania, odmiany mieszańcowe wykazują dużo większą tolerancję na stresy abiotyczne niż odmiany liniowe (Friedt 2011).

Czwartym celem hodowlanym jest odporność na choroby. Najnowsze odmiany muszą charakteryzować się odpornością na:

Phoma lingam, jest powszechnie występującą chorobą rzepaku w rejonach, gdzie jest szeroko uprawiany tj. w Europie, Australii i w obu Amerykach. (Fitt i in. 2006) Patogenem są askospory *Leptosphaeria maculans* (West i in. 1999; Fiedrow i in. 2004; Huang i in. 2005). Hodowla odpornościowa rzepaku na tego patogena bazuje na odporności pionowej (genowej) oraz poziomej (poligenowej). Odporność genowa charakteryzuje się całkowitą odpornością liści na patogena, a odporność poligeniczna, objawia się częściową odpornością w późniejszym rozwoju rośliny, co można zaobserwować na szypułkach liści i łodydze (Delourme i in. 2006). Odporność genowa na *L. maculans* występuje, gdy wirulentny allel jest dominujący w populacji patogena (Balesdent i in. 2001; Sprague i in. 2006). Genowa odporność zostaje najczęściej przełamana przez patogen, po trzech sezonach użytkowania odmiany. Jest to efektem dużych powierzchni uprawy rzepaku, co sprzyja wyselekcjonowaniu nowych wirulentnych ras patogenów. Odporność poligeniczna jest skuteczniejsza na różne rasy patogena, dlatego jest trwalsza (Delourme i in. 2006). Z uwagi na ciągłe pojawianie się nowych ras patogena musi być w procesie hodowli cały czas odnawiana, aby dostosowywać się do zmian zachodzących w populacji patogena (Marcroft i in. 2007). Spotyka się też doniesienia (Gororo i in. 2004), że możliwości budowania odporności poligenicznej rzepaku na *L. maculans* zostały już wyczerpane.

Verticilioza wywoływana jest przez patogen *Verticilium longisporum*. Pierwsze doniesienia o występowaniu tej choroby pojawiły się w końcu lat 90-tych ubiegłego wieku i pochodziły głównie z północnych Niemiec (Steinbach i in. 2005). Występowanie tej choroby jest ściśle powiązane z częstym występowaniem rzepaku w zmianowaniu. Porażeniu ulegają korzenie i łodygi (Kreye i in. 2007). Ponadto badania Kreye'a i in. (2007) wskazują, że negatywny wpływ na plon nasion rzepaku pojawia się przy zainfekowaniu 75% populacji roślin. Patogen ten ma wielu żywicieli, żyje w glebie, dlatego na rynku nie ma efektywnych

środków chemicznych do jego zwalczania. Hodowla odpornościowa rzepaku ozimego na *Verticilium longisporum* jest mało efektywna z uwagi na genetyczną i patogeniczną różnorodność w populacji patogena, a rozwiązaniem problemu może okazać się resynteza rzepaku w oparciu o materiały wyjściowe, jako źródła nowej odporności (Rygulla i in. 2007).

Sclerotinia sclerotiorum, to grzyb występuje na całym świecie, który poraża również rzepak (Jianchang i in. 2007). Objawy tej choroby na rzepaku zaczynają pojawiać się w maju na liściach, a z upływem czasu opanowują inne części rośliny (Fiedorow i in. 2004). Porażone rośliny przedwcześnie zamierają, co w konsekwencji prowadzi do obniżenia plonu nasion, a także do zmniejszenia zawartości tłuszczu i pogorszenia jego jakości (Jianchang i in. 2007; Ghasolia i in. 2007). W praktyce chorobę rzepaku wywołaną grzybem *Sclerotinia sclerotiorum* zwalcza się z użyciem środków chemicznych, ale efekty tego zabiegu nie są w pełni skuteczne (Rimmer i in. 2007). W hodowli nowych odmian, jako źródło odporności na tę chorobę wykorzystuje się częściowo odporną odmianę Zhong You 821 (Li i in. 1999).

Alternarioza rzepaku wywoływana jest przez grzyb *Alternaria brassicae*. Grzyb ten występuje powszechnie w rejonach uprawy rzepaku (Fiedorow i in. 2004; Petraitiene i in. 2007). Największe straty grzyb ten powoduje w latach o dużej wilgotności powietrza w okresie wykształcania łuszczyn i dojrzewania rzepaku (Fiedorow i in. 2004; Petraitiene i in. 2007). Porażone młode łuszczyny dojrzewają wcześniej (Verma i in. 1994; Meah i in. 1999), ulegają zniszczeniu, a starsze częściowo obumierają i przedwcześnie pękają, w wyniku czego następuje osypywanie się nasion (Fiedorow i in. 2004), nasiona zaś są słabo wykształcone (Verma i in. 1994; Meah i in. 1999). Wystąpienie choroby na rzepaku ozimym może powodować straty od 11,7% (Petraitiene i in. 2007) do 40% w plonie nasion (Grover i in. 2007). Z uwagi na brak zidentyfikowanych źródeł odporności na tę chorobę w praktycznej hodowli roślin wykorzystuje się jedynie selekcję negatywną w oparciu o obserwacje polowe.

Kiła kapustnych powodowana jest przez grzyb *Plasmodiophora brassicae* Woronin, a jej szkodliwość związana jest z częstotliwością występowania rzepaku w zmianowaniu. Największe szkody choroba ta wyrządza na glebach kwaśnych i podmokłych. Na korzeniach młodych roślin tworzą się owalne, a później palczaste narośla. Zaatakowane kiłą kapustnych rośliny rzepaku charakteryzują się gorszym rozwojem, żółknięciem liści i wcześniejszym zamieraniem (Fiedorow i in. 2004). W hodowli odpornościowej nowych odmian wykorzystuje się resyntezę nowych form rzepaku, a efektem tych prac jest odporność specyficzna na jedną z ras kiły kapustnych (Fried 2011). Wynikiem tych prac hodowlanych na niektóre rasy *Plasmodiophora brassicae* była odmiana Mendel, a pierwszą w Polsce wpisaną do Krajowego Rejestru odmianą z tym typem odporności była odmiana SY Alister.

Wirus żółtaczki rzepy (Turnip Yellow Virus, TuYV), jest przenoszony przez kilka gatunków mszyc (Graichen 1999). Porażenie wirusem TuYV następuje jesienią, co przy masowym wystąpieniu ma negatywny wpływ na przezimowanie roślin. Rośliny zainfekowane wirusem żółtaczki rzepy są przebarwione na czerwono, mają mniejszą powierzchnię asymilacyjną, co skutkuje obniżeniem plonu od 12% do nawet 34% (Smith i in. 1985, Graichen 1999, Paetsch i in. 2003).

Hodowanie odmian odpornych jest nie tylko najbardziej skutecznym sposobem ograniczenia występowania wirusa TuYV, ale również przyczynia się do ochrony środowiska (Kunrong i in. 2007). Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej pierwszą odmianę rzepaku ozimego odporną na TuYV zarejestrował w 2017 r.

Na przestrzeni lat hodowli rzepaku ozimego, wiele jego cech agronomicznych zostało polepszonych. Pęknięcie łuszczyń jako naturalny mechanizm przeżycia i rozprzestrzeniania się nasion, przez wieki udomawiania rzepaku nie zostało wyeliminowane i nadal nie daje się kontrolować (Raman i in. 2011). Osypywanie nasion jest poważnym problemem w komercyjnej produkcji rzepaku ozimego. W sezonach sprzyjających osypywaniu, straty plonu spowodowane podatnością roślin na osypywanie mogą się wahać od 10% (Price i in. 1996) do 50% (Child i in. 1989). Ponadto z osypanych nasion wyrastają samosiewy rzepaku, a nasiona mogą przeżyć w glebie wiele lat i być chwastem w następnych uprawach. Nowoczesne odmiany rzepaku ozimego powinny mieć łuszczyzny, które nie pękają w normalnych warunkach na polu, ale jednocześnie dają łatwo się wymłócić w trakcie mechanicznego zbioru kombajnem (Raman i in. 2011).

Istnieje duże zapotrzebowanie na odmiany odporne na owady powodujące straty w plonie takie jak śmietka kapuściana (*Delia radicum*), czy słodyszek rzepakowy (*Meligethes aeneus* F). Problem wdaje się istotny, szczególnie w czasach kiedy istnieją doniesienia o odporności owadów na perytroidy (Węgorzek i in. 2011) oraz w okresie wycofywania ze stosowania, przez Unię Europejską, wielu substancji aktywnych insektycydów.

Zastosowanie w praktyce znajdują również odmiany odporne na herbicydy. Jednym z celów hodowlanych jest odporność rzepaku na substancję czynną imazamoks. Na rynku rzepaku system ten znany jest jako odmiany „Clearfield”, i stanowi nowy system produkcji rzepaku ozimego, wykorzystujący połączenie odmian odpornych na herbicydy i herbicydów opartych na imazamoksie. System produkcji Clearfield zapewnia duże spektrum działania

przeciwko szerokiemu zakresowi chwastów w rzepaku ozimego. Kontroluje niektóre chwasty, które nie są dobrze zwalczane przez środki ochrony w obecnych programach odchwaszczania oraz niektóre, które mają szkodliwy wpływ na jakość oleju jak np. (*Sinapsis arvensis*). Istnieją dowody na to, że technologia ta może poprawić jakość oleju rzepakowego i może mieć znaczenie w tworzeniu określonych profili kwasów tłuszczowych w przypadku, gdy istnieje ich określona norma. Może być także bardzo użyteczna w zarządzaniu uprawami, które są szczególnie wrażliwe na zachwaszczenie (Leaper i in. 2011).

Nowa odmiana mieszańcowa może zostać w Polsce zarejestrowana przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych z siedzibą w Słupi Wielkiej, kiedy wnosi przynajmniej jedną cechę lepszą od odmian wzorcowych. Jednak podstawowym kryterium rejestracji nowej odmiany jest plon nasion. Dlatego wyżej opisane cele hodowlane są tak ważne, przy hodowli nowych odmian, ponieważ mogą się przyczyniać do polepszenia cech nowych odmian względem wzorców w badaniach rejestrowych.

Hodowla mieszańcowa rzepaku ozimego oparta na systemie MSL, składa się z kilku etapów. Jednym z nich jest wyprowadzenie nowych linii restorerów dla linii sterylnych. Konwencjonalne metody hodowli roślin w połączeniu ze współczesną biotechnologią okazały się bardzo skuteczne w udoskonalaniu roślin uprawnych.

Obecnie haploidyzacja stanowi integralną część programów hodowlanych rzepaku. Podwojone haploidy wykorzystuje się w szerokim zakresie do wytwarzania materiałów wyjściowych dla hodowli nowych odmian zarówno populacyjnych, jak i mieszańcowych (Bartkowiak-Broda i in. 2006). Dla potrzeb hodowli uzyskuje się linie podwojonych haploidów najczęściej z mieszańców F_1 lub wybranych genotypów o pożądanym cechach. Otrzymane linie DH rzepaku testowane są w doświadczeniach polowych w celu selekcji genotypów wysokoplennych o określonych cechach jakościowych (Cegielska-Taras i in. 2006).

Hodowla rzepaku ozimego poszukuje cały czas wydajnych i skutecznych metod testowania linii restorerów, jak również samych mieszańców F_1 tego gatunku. Skuteczność polega na testowaniu dużej liczby linii, w różnych środowiskach, tak aby wybrane linie restorery, zapewniały stabilne i wysokie plony odmianom mieszańcowym.

Istotną częścią programu hodowlanego odmian mieszańcowych jest skuteczne wyselekcjonowanie kombinacji rodzicielskich. Wyselekcjonowane linie z wysoką zdolnością kombinacyjną, przyczyniają się do obniżenia kosztów hodowli, są również niezwykle cennym materiałem hodowlanym, który może posłużyć do krzyżowań i powstawania nowych linii

restorerów. Zgodnie z definicją Sprague i Tatum (1942) ogólna zdolność kombinacyjna (GCA), jest średnią wartością cechy mieszańców powstałych z krzyżowania badanej formy z innymi. Swoista zdolność kombinacyjna (SCA) dwóch form rodzicielskich jest różnicą pomiędzy wartością cechy ich mieszańca i ogólną zdolnością kombinacyjną każdej z nich. Poszukiwanymi liniami w hodowli roślin są te z wysoką ogólną wartością kombinacyjną. Linie z niską ogólną wartością kombinacyjną, ale wysoką specyficzną wartością kombinacyjną, przyczyniają się też do powstawania nowych odmian, mogą mieć one jednak w całym przebiegu hodowli mniejszą wartość od linii z wysokim GCA.

Material i metody

Material badawczy

Materiałem wyjściowym do otrzymania linii DH z przeznaczeniem na restorery były rośliny pokolenia F₁ rzepaku ozimego wytworzone z materiałów hodowlanych firmy NPZ-Lembke. Wywodziły się z dwóch różnych pul genetycznych tzw. puli wschodniej i zachodniej. Przygotowanie roślin-dawców mikrospor oraz kulturę mikrospor połączoną z kolchicynowaniem *in vitro* prowadzono według metodyki opisanej przez Cegielską-Taras i Szałę (1997). Prawidłowo wykształcone haploidalne zarodki uzyskane z mikrospor po 19-28 dniach prowadzenia kultury, zostały wyłożone na pożywkę stałą na szalki Petriego o średnicy 9 cm. Następnie płytki Petriego umieszczono na okres 14 dni w temperaturze 1°C przy 8-godzinnym oświetleniu. Po tym czasie hodowlę przeniesiono do inkubatora z regulowaną temperaturą 24°C z 16-godzinnym oświetleniem. Po 4-6 tygodniach, kiedy rośliny były dobrze ukorzenione, zostały przesadzone do doniczek. Dalszy rozwój roślin odbywał się w szklarni, aż do zbioru nasion.

Metody badawcze

Etap I - doświadczenia linii DH.

Nasiona 165 linii DH z przeznaczeniem na restorery wysiano w doświadczeniach polowych w celu określenia ich wartości gospodarczej (WGO). Założono pięć równoległych, jednopowtórzeniowych doświadczeń polowych o numerach 1371, 1372, 1373, 1374, 1375, (odpowiednio w tab. 4,5,6,7,8), gdzie w każdym z nich badano 36 obiektów, z których 33 były liniami DH-restorerami, trzy pozostałe zaś stanowiły wzorce, którymi były odmiany populacyjne: Trinity, ES Valegro oraz Arot. Doświadczenia założono w 2015 roku w pięciu miejscowościach Gola, Gołębin, Kochcice, Malchow i Howedissen, w tym w trzech z nich (Gola, Gołębin, Malchow) zastosowano system plot in plot, ograniczający w znacznym stopniu efekt brzegowy. Wielkość poletek do zbioru w zależności od doświadczenia mieściła się w przedziale od 10,5 m² do 13,3 m². Poszczególne doświadczenia założono na polach o wyrównanych warunkach glebowych. Rozmieszczenie linii – restorerów na każdym polu doświadczalnym było losowe, co umożliwiło traktowanie doświadczeń w poszczególnych lokalizacjach, jako powtórzenia. Przykładowy schemat rozlosowania obiektów w doświadczeniu przedstawia rycina 1.

32	5	9	29	20	31
21	26	30	10	1	13
36	15	12	4	23	24
6	14	3	19	34	27
7	11	25	18	2	35
22	16	17	28	33	8

Rycina 1. Przykład rozmieszczenia obiektów w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z 36 obiektami (33 linie DH + 3 odmiany wzorcowe)

Obiekty wysiane w doświadczeniach oceniano pod względem następujących cech:

- zdolność kiełkowania nasion użytych do siewu wyrażoną w procentach,
- porażenie przez choroby przed zbiorem (w skali bonitacyjnej od 1 do 9, gdzie 1 to chory, 9 to zdrowy), jako sumę objawów chorobowych występujących na łodygach roślin (*Phoma lingam*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Verticillium longisporum*),
- osypywanie nasion z łuszczyń (w skali bonitacyjnej od 1 do 9), oceniono dwa tygodnia po zbiorze, jako liczbę kielków nasion osypanego rzepaku, skiełkowanych na poletku,
- ocena wartości gospodarczej linii – restorera w skali od 1 do 9, jako subiektywna ocena hodowcy,
- plon nasion w kg/poletka przy wilgotności 9%, zbiór wykonano kombajnem firmy Haldrup.

Etap II - wybór linii DH restorerów na podstawie plonowania i indeksu selekcyjnego.

Na podstawie wyników doświadczeń ze wszystkich lokalizacji doświadczeń (tab. 14), wybrano 8 linii, które charakteryzowały się wyższym plonem nasion w porównaniu do średniej odmian wzorcowych. W tym celu przeprowadzono analizy statystyczne dla plonu nasion linii DH – restorerów stosując następujący model matematyczny:

$$Y_{ijk} = \mu + r_i + b_{ij} + g_k + e_{ijk}$$

gdzie:

Y_{ijk} - jest obserwacją k -tego genotypu w j -tym bloku oraz i -tej replikacji,

μ - jest średnią ogólną,

r_i jest efektem i -tej replikacji (miejscowości),

b_{ij} - jest efektem j -tego bloku w i -tej replikacji,

g_k - jest efektem k -tego genotypu,

e_{ijk} - jest efektem błędu obserwacji Y_{ijk} (przyjęto założenie, że błędy są niezależne i mają rozkład normalny ze średnią równą zero i wariancją σ^2).

Wariancja błędu jest kombinacją interakcji genotyp \times miejscowość i wariancji błędu wewnątrz miejscowości. W doświadczeniach polowych z liniami DH, gdzie miejscowości są traktowane jako replikacje, genotypowa wariancja (VG) i interakcja genotyp \times środowisko (VGE) są uwikłane, dlatego do obliczenia odziedziczalności wykorzystano składnik VG (Bernardo 2010). Ponieważ, ze względu na brak ortogonalności, nie można było zastosować tego samego układu doświadczalnego, z taką samą liczbą bloków, we wszystkich miejscowościach, dlatego zastosowano układ wierszowo-kolumnowy. W każdej miejscowości zastosowano wierszowo-kolumnowe rozmieszczenie, gdzie v obiektów rozlosowano w układzie $p \times q$ składającym się z p wierszy i q kolumn. W takim układzie do obliczania średnich poprawianych można zastosować cztery typy klasyfikacji:

- a) klasyfikacja genotypów względem wierszy,
- b) klasyfikacja genotypów względem kolumn,
- c) klasyfikacja wierszy względem kolumn,
- d) klasyfikacja genotypów względem wierszy przez kolumny.

Następnie założono, że wszystkie trzy klasyfikacje (a, b i c) mogą być nieortogonalne, gdzie $Y_{ij(m)}$ jest obserwacją jednostki doświadczalnej występującej w i -tym wierszu i j -tej kolumnie, w której znalazł się m -ty genotyp. Do obliczenia średnich obiektowych w każdej miejscowości zastosowano model:

$$Y_{ij(m)} = \mu + p_i + c_j + g_m + e_{ij(m)}$$

gdzie:

$i = 1, \dots, p; j = 1, \dots, q; m = 1, \dots, v,$

μ - jest średnią ogólną,

p_i - jest efektem i -tego wiersza,

c_j - jest efektem j -tej kolumny,

g_m - jest efektem m -tego genotypu,

$e_{ij(m)}$ - są losowymi błędami, dla których przyjęto założenie, że są niezależne i mają rozkład normalny ze średnią zero i wariancją σ^2 .

W celu obliczenia średnich obiektowych oraz oszacowania komponentów wariancji poprzez miejscowości przyjęto założenie, że efekty genotypów były losowe, ponieważ

doświadczenia nie były replikowane, a analizę przeprowadzono poprzez miejscowości. Takie podejście pozwoliło wyznaczyć korelacje między wydajnością genotypów w różnych miejscowościach. Wszystkie obliczenia wykonano w procedurze JMP z pakietu SAS.

Wybór linii DH restorerów na podstawie indeksu selekcyjnego cech użytkowych w skali 1-9.

Drugą grupę linii DH – restorerów stanowiły te, które miały najwyższą wartość indeksu selekcyjnego, wyrażoną, jako suma cech użytkowych (porażenie przez choroby przed zbiorem, osypywanie nasion z łuszczyzny, potencjał plonowania) ocenionych w skali bonitacyjnej, przy czym założono, że wyborowi podlegają tylko te linie, których ocena „potencjał linii ojcowskiej” nie była mniejsza niż 7,0, a zdolność kiełkowania nie mniejsza niż 95%.

$$\text{Index selekcyjny} = x1+x2+x3$$

gdzie:

$x1$ - porażenie przez choroby przed zbiorem,

$x2$ - osypywanie nasion z łuszczyzn,

$x3$ - potencjał plonowania linii DH – restorera.

Celem uzyskania mieszańców w sierpniu 2015 roku, każda wybrana linia DH – restorer, została wykorzystana jako zapylacz dla dwóch linii męsko sterylnych MSL. Dobór komponentów do krzyżowania został dokonany na podstawie wieloletniego doświadczenia własnego. Aby zapewnić wysoki efekt heterozji linie DH – restorery z tzw. w NPZ puli wschodniej posłużyły, jako zapylacze dla linii matecznych z puli zachodniej MSL3C, MSL4C, MSL5C oraz MSL6C i odwrotnie linie mateczne z tzw. w NPZ puli wschodniej MSL1C, MSL2C MSL7C zostały przekrzyżowane z liniami restorami z puli zachodniej.

Etap III - Ocena wartości gospodarczej mieszańców, linii restorerów i linii dopełniających

Ocenę wartości gospodarczej mieszańców uzyskanych z przekrzyżowania linii MSL z wybranymi liniami DH restorerami z dwóch grup, przeprowadzono na podstawie dwóch doświadczeń 1137 oraz 1138 (tab. 18 i 19). Do doświadczenia 1137, trafiły mieszańce powstałe na skutek skrzyżowania linii MSL z liniami DH wybranymi ze względu na wysoki plon nasion. W doświadczeniu 1138 były badane mieszańce powstałe z linii sterylnej MSL oraz z linii DH wybranymi metodą indeksu selekcyjnego. Założono dwa doświadczenia z 16

mieszkańcami oraz z dwiema odmianami wzorcowymi, którymi były Atora oraz Kuga. Doświadczenia 1137 oraz 1138 (tab. 18 i 19), zostały założone w dwóch powtórzeniach w miejscowości Malchow, w trzech powtórzeniach w miejscowościach Gola oraz Głubczyce, oraz czterech powtórzeniach w miejscowości Gołębin.

Równolegle w tych samych miejscowościach, zostało wykonane doświadczenie 1139 (tab. 20), jako jednopowtórzeniowe w miejscowości Malchow, trzypowtórzeniowe w miejscowościach Gola i Głubczyce, oraz czteropowtórzeniowe w miejscowości Gołębin. Celem tego doświadczenia była ocena wartości gospodarczej w/w mieszkańców z doświadczeń 1137 i 1138 (tab. 18 i 19) oraz ich efektów heterozji w odniesieniu do komponentów rodzicielskich mieszkańców.

W skład doświadczenia 1139 (tab. 20) wchodziły linie:

- restorery wybrane na podstawie plonowania,
- restorery wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego,
- linie dopełniające do linii MSL,
- linie restorery mieszkańców Atora (08|2|13-40101), oraz Kuga (08|2|13-5957).

Wyniki doświadczeń 1137, 1138 (tab. 18 i 19) posłużyły do analizy wariancji dla ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) linii DH oraz testerów, a także SCA uzyskanych mieszkańców według modelu (Bernardo 2010):

Źródło zmienności	Stopnie swobody	Wartości oczekiwane średnich kwadratów (EMS)
Doświadczenie	$s - 1$	
Powtórzenia (w dośw.)	$(r-1)s$	
GCA linii sterylnych	$(f-1) s$	$V_E + rV_{MF} + rmV_F$
GCA restorerów	$(m-1)s$	$V_E + rV_{MF} + rfV_M$
SCA	$(m-1)(f-1)s$	$V_E + rV_{MF}$
Błąd połączony (oddtworzony)	$(mf-1)(r-1)s$	V_E

gdzie:

s - liczba doświadczeń,

r - liczba powtórzeń w doświadczeniach,

f - liczba linii sterylnych MSL,

m - liczba linii DH restorerów,

EMS - wartości oczekiwane średnich kwadratów,

V_M - komponent wariancyjny linii DH,

V_F - komponent wariancyjny linii MSL,
 V_{MF} - komponent wariancyjny interakcji,
 V_E - komponent wariancyjny błędu.

Ponadto obliczono wariancję addytywności (σ_a^2) i wariancję dominowania (σ_d^2) wg następujących wzorów:

$$\sigma_a^2 = 2*(V_M + V_F),$$

$$\sigma_d^2 = 4*V_{MF},$$

gdzie:

$$V_{MF} = (EMS_{MF} - EMS_E)/r,$$

$$V_F = (EMS_F - EMS_{MF})/rm,$$

$$V_M = (EMS_M - EMS_{MF})/rf.$$

Ponadto obliczono wartość wariancji wyjaśnianej przez GCA i SCA wg wzorów:

$$\text{Wariancja GCA} = V_{GCA}/(V_{GCA} + V_{SCA}) * 100,$$

$$\text{Wariancja SCA} = V_{SCA}/(V_{GCA} + V_{SCA}) * 100.$$

Zakładając brak efektów epistatycznych obliczono odziedziczalność:

$$h^2 = VA/VP = VA/(VA + VD)$$

gdzie:

VA – wariancja addytywna (σ_a^2),

VD – wariancja dominowania (σ_d^2),

VP – wariancja fenotypowa.

Dopasowanie zastosowanego modelu statystycznego do danych doświadczalnych oszacowano, na podstawie współczynnika determinacji R^2 .

W przypadku doświadczeń 1137, 1138 (tab. 18 i 19) oraz 1139 (tab. 20) zastosowano te same metody statystyczne jak w drugim etapie badań z tym, że w każdej miejscowości przypisano wierszowo-kolumnowe rozmieszczenie, dla obliczenia efektów obiektowych w ramach powtórzeń w różnych lokalizacjach. Wielkość poletek do zbioru doświadczeń

trzeciego etapu badań wynosiła między 10,5 m² a 13,3 m². Obiekty zostały ocenione pod względem plonu nasion (dt/ha przy wilgotności 9%).

Warunki glebowe punktów doświadczalnych

Doświadczenia porównawcze z liniami DH w sezonie 2015/16, zostały założone w Niemczech w dwóch miejscowościach Malchow i Eckendorf, oraz w Polsce w trzech miejscowościach Gola, Głubczyce i Gołębin.

Doświadczenia z mieszancami testowymi w sezonie 2016/17 zostały założone w Niemczech w jednej miejscowości Malchow oraz w Polsce w trzech miejscowościach: Gola, Gołębin i Głubczyce.

MALCHOW

Miejscowość położona jest we wschodnich Niemczech w landzie Meklemburgia-Pomorze Przednie, na wyspie Poel na Morzu Bałtyckim, nieopodal miasta Wismar. Doświadczenia zakładane były na glebach kompleksu żytniego bardzo dobrego (2015/16 r.) oraz żytniego słabego (2016/17 r.), na stanowiskach kolejno po grochu i pszenicy ozimej. Odczyn (pH) gleby w pierwszym i drugim roku doświadczeń był zbliżony do obojętnego.

ECKENDORF

Miejscowość położona w landzie Nadrenia Północna-Westfalia. Doświadczenia zakładane były na glebach kompleksu pszennego bardzo dobrego na stanowiskach po pszenicy ozimej. Odczyn gleby (pH) był lekko kwaśny.

GOLA

Miejscowość położona w Wielkopolsce w powiecie gostyńskim. Doświadczenia zakładane były na glebach kompleksu żytniego dobrego (2015/16 r.) oraz żytniego bardzo dobrego (2016/17 r.), na stanowiskach po pszenicy ozimej. Odczyn (pH) gleby w pierwszym i drugim roku doświadczeń był lekko kwaśny.

GOŁĘBIN

Miejscowość położona w Wielkopolsce w powiecie kościańskim. Doświadczenia zakładane były na glebach kompleksu zbożowo-pastewnego słabego (2015/16 r.) oraz żytniego łubinowego (2016/17 r.), na stanowiskach po pszenicy ozimej. Odczyn (pH) gleby w pierwszym roku doświadczeń był zbliżony do obojętnego, a w następnym roku kwaśny.

GLUBCZYCE

Miejscowość położona w województwie opolskim w powiecie głubczyckim. Doświadczenia zakładane były na glebach kompleksu pszennego dobrego na stanowisku po pszenicy ozimej. Odczyn gleby (pH) był lekko kwaśny.

Warunki klimatyczne w poszczególnych miejscowościach i latach badań

Miesięczne sumy opadów oraz średnie temperatury na tle wielolecia w sezonach wegetacyjnych w miejscowościach przedstawiają tabele 1 i 2, oraz wykresy 1-5.

MALCHOW

W sezonie wegetacyjnym 2015/16, miesięczne sumy opadów na tle średniej z wielolecia nie różniły się znacząco. Jedynie w październiku zanotowano mniejszą ilość opadów, nie miało to jednak wpływu na wschody i pełną obsadę roślin na poletkach doświadczalnych. Warto odnotowania jest, że w miesiącach listopad i luty, zaobserwowano dwukrotnie większą sumę opadów w porównaniu do średniej z wielolecia, dlatego w ciągu całego okresu wegetacji, suma opadów była większa o 58,9 mm w porównaniu do sumy opadów z wielolecia.

Średnie temperatury w sezonie 2015/16 poza miesiącami listopad i grudzień, gdzie odnotowano wyższe średnie temperatury od średnich z wielolecia, nie różniły się znacząco. W następnym sezonie wegetacyjnym miesiące sierpień i wrzesień charakteryzowały się znacznie obniżoną sumą opadów na tle wielolecia. Nie spowodowało to jednak pogorszenia wschodów roślin, które były dobre a poletka dobrze wyrządowane.

W miesiącach czerwiec i lipiec wystąpiły intensywne opady deszczu, co w znacznym stopniu przyczyniło się do opóźnienia dojrzewania i utrudniło zbiory. Suma opadów za sezon 2016/17 była wyższa o 157,8 mm w porównaniu z sumą opadów z wielolecia.

Miesiące sierpień, wrzesień, grudzień, marzec, maj oraz czerwiec były cieplejsze od średniej z wielolecia w tych miesiącach, co w przypadku tych dwóch ostatnich miesięcy przy dużej sumie opadów, było korzystne dla wzrostu i rozwoju rzepaku.

ECKENDORF

W sezonie wegetacyjnym 2015/16 miesiące sierpień, listopad oraz luty, charakteryzowały się wyższą sumą opadów od średniej z wielolecia. W miesiącach styczniu i czerwcu, odnotowano ponad dwukrotnie wyższą sumę opadów w porównaniu ze średnią z wielolecia, co w całym okresie wegetacyjnym spowodowało przekroczenie o 109,8 mm opadów w porównaniu do średniej sumy z wielolecia.

Średnia temperatur w miesiącach listopad i grudzień w sezonie 2015/16 była wyższa od średnich temperatur tych miesięcy w porównaniu do wielolecia. Pozostałe miesiące charakteryzowały się podobną do wielolecia średnią temperatur.

Cały sezon wegetacyjny 2016/17 w miejscowości Eckendorf był bardzo suchy. Suma opadów za ten sezon wegetacyjny była niższa o 141 mm od sumy opadów z wielolecia. Zwłaszcza grudzień i kwiecień były suche. Należy zauważyć również, że w miesiącu październiku spadło ponad cztery razy mniej deszczu w porównaniu do średniej dla tego miesiąca z wielolecia, co w połączeniu z wyższą o 3,4°C temperaturą tego miesiąca od średniej z wielolecia powodowało okresowe niedobory wody. Miesiąc lipiec charakteryzował się zwiększoną ilością opadów.

GOLA

Suma opadów, jak i ich rozkład, w poszczególnych miesiącach w sezonie wegetacyjnym 2015/16 nie różniły się znacząco od wielolecia. Wspomnieć jedynie należy o lipcu, w którym odnotowano o 61,4 mm więcej opadów w porównaniu do średniej sumy za ten miesiąc z wielolecia.

Suma średnich temperatur w sezonie wegetacyjnym 2015/16 była wyższa o 14,9 °C od sumy średniej z wielolecia, a przyczyną takiego stanu rzeczy były wysokie średnie temperatury w miesiącach od lutego do czerwca, w porównaniu do średnich z wielolecia. Warto wspomnieć, że luty był o 4°C cieplejszy od lutego z wielolecia.

W sezonie wegetacyjnym 2016/17 odnotowano o 93,8 mm niższe opady deszczu w porównaniu do sumy opadów w wieloleciu. We wszystkich miesiącach oprócz października i lutego, zanotowano mniejsze opady. Warto tu nadmienić, że w październiku spadło, o 84,7 mm mniej deszczu w porównaniu do średniej z wielolecia za ten miesiąc.

Suma średnich temperatur w sezonie 2016/17 była bardzo zbliżona do sumy średnich temperatur z wielolecia. Jedynie w styczniu odnotowano średnią temperaturę niższą o 1,6 °C od średniej z wielolecia, jednak nie miało to negatywnego wpływu na przezimowanie roślin.

GOŁĘBIN

W miesiącach od sierpnia do stycznia i w maju w sezonie 2015/16 odnotowano niższe sumy opadów w porównaniu do sumy opadów w tych miesiącach z wielolecia. Cały sezon był suchy, a suma opadów była niższa o 94,6 mm w porównaniu do sumy opadów z wielolecia. Jedynie w czerwcu i lipcu suma opadów znacząco odbiegała od sumy opadów w tych

miesiącach z wielolecia i była odpowiednio wyższa w czerwcu o 28,4 mm, a w miesiącu lipcu o 50,4 mm.

Średnie temperatury w poszczególnych miesiącach, z wyłączeniem października, były wyższe od wielolecia. Warto wspomnieć, że temperatura w styczniu była o 3,2 °C wyższa od średniej za styczeń w wieloleciu. Sezon wegetacyjny 2015/16 charakteryzował się wyższą sumą średnich temperatur o 22,9 °C od sumy średnich temperatur w wieloleciu.

Kolejny sezon wegetacyjny był bardzo suchy, suma opadów wyniosła 575,3 mm i była mniejsza o 151,4 mm w porównaniu do średniej z wielolecia. W miesiącu styczniu spadło tylko 15,5 mm deszczu, co w połączeniu z suchymi miesiącami od marca do lipca miało wpływ na okresowe niedobory wody. W całym sezonie 2016/17 średnie temperatury w poszczególnych miesiącach nie odbiegały znacząco od średnich temperatur z wielolecia.

GLUBCZYCE

Suma opadów w Głubczycach w sezonie wegetacyjnym 2016/17 była o 87,1 mm niższa od sumy opadów z wielolecia. Po bardzo mokrym kwietniu, gdzie suma opadów była trzykrotnie większa od sumy w wieloleciu i wyniosła 124,5 mm, kolejne, czyli maj, czerwiec i lipiec były miesiącami suchymi, z opadami znacznie poniżej sumy opadów na tle wielolecia. Średnia temperatura w sezonie 2016/17 w Głubczycach była na poziomie wielolecia, dzięki czemu, przy niższych opadach w miesiącach maju do lipcu, susza nie wystąpiła.

Należy wspomnieć, że w styczniu odnotowano średnią temperaturę -4,4 °C co było znacznie niższą temperaturą w porównaniu do wielolecia.

Wyniki

Ocena linii DH – restorerów na podstawie plonu nasion

W pierwszym etapie badań plonowanie 165 wybranych linii DH – restorerów sprawdzono w 4 jednopowtórzeniowych doświadczeniach w 4 lokalizacjach: Malchow, Hovedissen, Gola, Gołębin (tabele 4, 5, 6, 7, 8 nr doświadczeń 1372 – 1375). W każdym doświadczeniu uczestniczyły 33 linie DH restorery oraz 3 wzorce, którymi były odmiany populacyjne Arot, ES Valegro i Trinity. W tabelach przedstawiono wyniki plonowania z poszczególnych lokalizacji oraz średnią dla plonu z 4 miejscowości. Średnie zostały wyliczone z zastosowaniem metody najmniejszych kwadratów, z uwzględnieniem zastosowanego modelu obserwacji.

Wyniki tych doświadczeń opracowano statystycznie zgodnie z metodą ANOVA. Średnie kwadraty z analizy wariancji, dla plonu nasion dla wszystkich doświadczeń, przedstawiono w tabeli 3. Wyniki tych analiz pozwoliły na weryfikację hipotez zerowych, o braku zróżnicowania linii DH oraz miejscowości. Ponieważ doświadczenia polowe z liniami DH – restorerami były zakładane w 4 miejscowościach w jednym powtórzeniu dlatego średnie kwadraty dla linii DH – restorerów oraz miejscowości testowano w stosunku do interakcji linia x miejscowość. Obliczone wartości statystyki F, pokazały istotne zróżnicowanie linii pod względem plonu nasion w każdym doświadczeniu. Podobnie istotne różnice wystąpiły w plonowaniu linii DH – restorerów w poszczególnych miejscowościach.

Obliczone wartości współczynnika determinacji (R^2), które wynoszą od 0,69 do 0,79, świadczą o dobrym dopasowaniu zastosowanego modelu statystycznego. Ponadto policzono także współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie (h^2) dla plonu nasion oddzielnie dla każdego z doświadczeń i przyjmują one wysokie wartości mieszczące się granicach od 0,70 do 0,79. Wartości te świadczą o dużym zróżnicowaniu genetycznym badanych linii DH - restorerów rzepaku. Małe różnice w odchyleniu standardowym (od 5,12 do 6,34) wskazują, że plony analizowanych linii były dość mocno skupione wokół średniej (tab. 3).

Ocena linii DH – restorerów na podstawie indeksu selekcyjnego

Wybrane do badań 165 linii DH – restorerów oceniono równolegle w każdym doświadczeniu i miejscowości (nr dośw. 1371 – 1375 tab. 9, 10, 11, 12, 13) na podstawie indeksu selekcyjnego. Indeks ten obejmował ocenę bonitacyjną w skali 1 - 9, na który składał się potencjał plonowania, sumaryczne porażenie roślin przez choroby, osypywanie się nasion

przed zbiorem (wzór indeksu selekcyjnego str. 26). Dodatkowo po zbiorze określono zdolność kiełkowania, która była brana pod uwagę przy wyborze linii do dalszych badań.

Celem wyboru linii DH - restorerów do tworzenia mieszańców w tabeli 14 w oparciu o uzyskane wyniki (tab. 4, 5, 6, 7, 8; nr. dośw. 1371 – 1375) zestawiono średnie plony nasion w dt/ha, wraz z odmianami wzorcowymi z serii jednopowtórzeniowych doświadczeń porównawczych (tab. 4, 5, 6, 7, 8 i 9, 10, 11, 12, 13 pod nr. dośw. 1371 – 1375) oraz wartości indeksu selekcyjnego wraz z ocenami bonitacyjnymi cech (osypywanie nasion przed zbiorem, sumaryczne porażenie chorobami oraz zdolność kiełkowania nasion). Dane te posłużyły do wyboru linii DH restorerów, jako zapylaczy do odpowiednich linii męskosterylnych MSL.

Zastosowano dwa kryteria wyboru linii DH – restorerów. Jednym z nich był plon nasion linii DH restorera, a drugim indeks selekcyjny (tab. 14). Posługując się każdą z tych metod, wybrano ze 165 linii DH – restorerów po 8 najlepszych linii.

Kolorem czerwonym (tab. 14) oznaczono linie DH restorery, które charakteryzowały się najwyższym plonem nasion. Natomiast kolorem niebieskim oznaczono linie, które charakteryzowały się najwyższą wartością indeksu selekcyjnego. Warto zaznaczyć, że tylko linia 15|74|13-84610 badana w doświadczeniu nr 1373 (tab. 11) spełniała oba kryteria wyboru.

Ocena mieszańców, których restorerami były linie DH z dwóch grup wyboru, oraz ich komponentów.

Doświadczenia z mieszańcami uzyskanymi z krzyżowań w układzie top cross linii sterylnych MSL, zapylanymi liniami DH restorerowymi, założono w czterech miejscowościach.

W doświadczeniu nr 1137 (tab. 18), jako zapylacze uczestniczyły linie DH restorery wybrane na podstawie wysokiego plonu. Natomiast w doświadczeniu 1138 (tab. 19) jako zapylacze użyto linie DH restorerowe wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego.

Każda linia DH restorer (wybrana na podstawie wysokiego plonu nasion i wysokiej wartości indeksu selekcyjnego) została wykorzystana do przekrzyżowania z dwoma liniami sterylnymi MSL przy zachowaniu zasady, że komponenty rodzicielskie pochodzą z przeciwstawnych pul genetycznych wschodnich i zachodnich.

Wyniki z analiz wariancji, z mieszańcami tab. 18 (nr dośw. 1137), w którym zapylaczami były linie DH wybrane na podstawie plonu nasion oraz linie DH wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego tab. 19 (nr dośw. 1138) przedstawiono w tabeli 15. Metodyka założenia doświadczeń (dwa powtórzenia w czterech miejscowościach) umożliwiła

testowanie istotności zróżnicowania plonowania mieszańców oraz wpływu lokalizacji doświadczenia na plon za pomocą średniego kwadratu błędu. Wystąpiło wysoce istotne zróżnicowanie badanych mieszańców. Wykazano istotne różnice w plonowaniu mieszańców pomiędzy miejscowościami. Natomiast nie odnotowano istotnej interakcji linia x miejscowość, co świadczy, że mieszańce się nie rejonizowały.

Zróżnicowanie genetyczne mieszańców w plonowaniu badanych w doświadczeniach nr 1137 (tab. 18) i nr 1139 (tab. 19) przedstawiono, jako współczynnik odziedziczalności w szerokim sensie (h^2), a jego wysokie wartości 0,95 i 0,94 odpowiednio w obu doświadczeniach świadczą o ich dużym zróżnicowaniu genetycznym (tab. 15). Wysokie wartości współczynnika determinacji R^2 (0,95 i 0,94 odpowiednio w doświadczeniach nr 1137 i 1138) świadczą o tym, że zastosowany model matematyczny w wysokim stopniu odzwierciedla dane uzyskane z pomiarów polowych.

W doświadczeniu 1137 (tab.18) średni plon mieszańców z 4 miejscowości wynosił 48,15 dt/ha i nie różnił się istotnie od średniego plonu wzorców (Kuga i Atora). Najlepiej plonującemu mieszańcowi 16|74|91-8286 (oznaczony, jako genotyp 12) z plonem 51,83 dt/ha niewiele zabrakło, aby istotnie przekroczyć średni plon mieszańców, a obliczona wartość $NIR_{0,05}$ wyniosła 3,94 dt/ha.

Plonowanie mieszańców, w których zapylaczami były linie DH – restorery wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego przedstawiono w tabeli 19 (dośw. 1138). Średni plon mieszańców wynosił 45,88 dt/ha i był nieistotnie niższy od średniego plonu wzorców 47,48 dt/ha (Atora i Kuga).

Porównując średnie wyniki plonowania mieszańców zapylonych liniami DH – restorerami wybranymi na podstawie plonu (tab. 18) i indeksu selekcyjnego (tab. 19) stwierdzono, że wyższe plony osiągały mieszańce z zapylaczami wybranymi na podstawie plonu (48,15 dt/ha), niż mieszańce wybrane metodą indeksową (45,88 dt/ha). Odnosząc te wyniki do wzorców (Atora i Kuga) w doświadczeniach z tab. 18 i 19 (nr dośw. 1137 i 1138) średnia plonowania mieszańców z zapylaczami wybranymi na podstawie plonu, nie różniła się istotnie w plonowaniu od średniej odmian wzorcowych. Zapylacze wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego tworzyły mieszańce, których średnie plonowanie również nie różniło się istotnie od średniej plonowania dla odmian wzorcowych.

W celu oceny wpływu komponentów mieszańca na jego plon założono doświadczenie z liniami DH restorerami wybranymi na podstawie plonowania i indeksu selekcyjnego oraz z wykorzystywanymi liniami dopełniającymi MSL B (tab. 20, nr dośw. 1139). Wzorcami

w tym doświadczeniu były linie restorerowe 08|2|13-40101 i 08|2|13-5957 odpowiednio dla mieszańców wzorcowych Atora i Kuga (tab. 20, nr dośw. 1139). Średni plon badanych obiektów wynosił dla: linii DH restorerów 42,76 dt/ha, linii dopełniających MSL B, 41,83 dt/ha i wzorców 43,56 dt/ha. Żadna z linii DH restorerów, linii dopełniających MSL B praktycznie nie wyróżniała się pod względem plonowania wśród pozostałych. Również pod względem plonowania żadna linia DH restorer nie różniła się istotnie od średnich plonów linii restorerów (08|2|13-40101 i 08|2|13-5957) wzorców Atora i Kuga. Podobnie jak w innych doświadczeniach najwyższe plony badane obiekty (tab. 20) osiągnęły w Głubczycach (50,43 dt/ha) z uwagi na dobre warunki środowiska. W pozostałych miejscowościach (Malchow, Gola, Gołębin) plony były istotnie niższe w odniesieniu do plonu uzyskanego w Głubczycach. Natomiast średnie plony nasion badanych obiektów w miejscowościach Malchow, Gola, Gołębin nie różniły się istotnie.

Wyniki z analiz wariancji, (nr dośw. 1139), w którym badane były wszystkie wybrane dwoma metodami linie DH oraz linie dopełniające MSL B, przedstawiono w tabeli 16.

Wpływ komponentów mieszańca (linii DH restorerów i linii MSL) na ogólną wartość kombinacyjną (GCA) oraz na specyficzną wartość kombinacyjną (SCA) dla plonu nasion łącznie dla mieszańców, w których restorerem była linia DH wybrana na podstawie plonu (tab. 18 nr dośw. 1137) oraz indeksu selekcyjnego (tab. 19 nr dośw. 1138) wyliczono na podstawie wzorów str. 28, a wyniki przedstawiono w tabeli 17. Nie stwierdzono istotnego wpływu na wartości GCA linii DH restorerów wybranych dwoma metodami, oraz linii matecznej MSL.

W tabeli 17 przedstawiono średnie kwadraty z analizy wariancji dla GCA i SCA z doświadczeń 1137 (tab. 18) oraz 1138 (tab. 19). Wykazano istotne zróżnicowanie badanych mieszańców pod względem tych parametrów. Analizując średnie kwadraty dla GCA i SCA, wykazano istotną ogólną wartość kombinacyjną dla linii DH restorerów wybranych na podstawie plonu i indeksu. Nie stwierdzono istotnego wpływu linii matecznych na wartości SCA i GCA.

Porównanie wariancji addytywności do wariancji dominowania wykazało, iż w kształtowaniu plonu nasion mieszańców większy udział posiadają efekty addytywności (0,66) niż dominowania (0,34).

Analiza wariancji wykazała, że w badanych mieszańcach istotny wpływ na ich plonowanie miała specyficzna zdolność kombinacyjna (SCA). Analiza proporcji GCA (49%) do SCA (51%) wykazała nieco wyższy wpływ SCA na kształtowanie się plonu nasion.

Oszacowany na podstawie oczekiwanych średnich kwadratów z analizy wariancji współczynnik odziedziczalności wyniósł 0,65.

Celem wyliczenia efektów heterozji oraz ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA) w tabeli 21 zestawiono średnie plony linii DH restorerów z tabeli 20, oraz par mieszańców uzyskanych z tą linią z tabeli 18 (nr dośw. 1137). Natomiast w tabeli 22 przedstawiono średnie plony linii DH restorerów wybranych na podstawie indeksu selekcyjnego oraz par mieszańców uzyskanych z tą linią z tabeli 19 (nr dośw. 1138). Zasadę doboru komponentów do krzyżowania opisano w rozdziale Materiał i metody.

Średni plon linii DH, które były restorerami wybranymi na podstawie plonu wynosił 43,39 dt/ha (tab. 21), a w oparciu o indeks plonowania był nieco niższy i wynosił 42,41 dt/ha (tab. 22). Wariancja plonowania poszczególnych linii DH restorerów, oszacowana na podstawie wariancji, dla restorerów wybranych na podstawie plonowania wynosiła 1,05, a dla restorerów wybranych w oparciu o indeks plonowania linii była nieco większa i wynosiła 1,39.

Efekty heterozji mieszańców przedstawiono, jako różnicę średniego plonu par mieszańców i odpowiadającego im linii DH restorera wybranego na podstawie plonowania (tab. 21) i indeksu selekcyjnego (tab. 22). Z uwagi na praktyczny brak zróżnicowania pomiędzy liniami MSL B (dośw. 1139) można efekt heterozji odnieść jedynie do wpływu restorera. Analizując wielkość wariancji dla par mieszańców zapyłanych liniami wybranymi na podstawie indeksu selekcyjnego stwierdzono, że była większa i wynosiła 1,50 (tab. 22) w porównaniu do wariancji plonu par mieszańców zapyłanych restorerami wybranymi na podstawie plonowania 1,07 (tab. 21).

Średni efekt heterozji dla plonu nasion mieszańców, których restorer był wybrany na podstawie plonowania wynosił, 4,92 dt/ha a jego wartość wahała się od 7,42 dt/ha dla mieszańca zapyłonego linią wzorcem 08|2|13-40101 do 3,24 dt/ha dla mieszańca przekrzyżowanego DH restorerem 15|74|13-85026. Natomiast wariancja dla tych efektów heterozji wynosiła 1,66.

Natomiast średni efekt heterozji dla plonu nasion mieszańców przekrzyżowanych linią DH restorer wybraną na podstawie indeksu plonowania (tab. 22) wynosił 3,80 dt/ha a jego rozpiętość wahała się od 5,23 dt/ha dla mieszańca zapyłonego restorerem 15|74|13-84829 do 2,58 dt/ha dla mieszańca, którego restorerem była linia 15|74|13-80901. Obliczona wartość wariancji dla efektów heterozji wynosiła 0,77.

Ogólną zdolność kombinacyjną (GCA) wyliczono jako różnicę w plonowaniu średniej dwóch mieszańców przekrzyżowaną z daną linią DH, a średnią plonowania wszystkich

mieszkańców z grupy wybranej ze względu na plon nasion i na podstawie indeksu selekcyjnego. Ogólną zdolność kombinacyjną (GCA) dla linii MSL wyliczono, jako różnicę pomiędzy jej średnim plonem mieszkańców, w których w skład wchodziła, a średnią plonowania wszystkich mieszkańców z danej grupy wyboru linii DH.

Analizując ogólną zdolność kombinacyjną (GCA) dla linii wybranych na podstawie plonu stwierdzono, że najwyższą podobnie, jak w przypadku efektów heterozji wartością GCA wykazał się mieszaniec, którego restorerem była linia wzorzec 08|2|13-40101 oraz 15|74|13-84949. Uwagę zwraca niski efekt GCA (0,15) dla najlepiej plonującego restorera 08|2|13-5957. Na diagramie 6 przedstawiono w dt/ha efekty heterozji mieszkańców w porównaniu z każdą linią DH restorerem wybraną na podstawie plonowania.

Średni efekt heterozji dla mieszkańców, których restorer był wybrany na podstawie indeksu selekcyjnego wynosił 3,80 dt/ha, a jego maksymalna wartość wynosiła 5,23 dt/ha dla mieszkańca przekrzyżowanego restorerem 15|74|13-84829. Minimalny efekt heterozji (2,58) odnotowano dla mieszkańca zapylonego restorerem 15|74|13-80901.

Natomiast najwyższy efekt GCA 1,62 osiągnęła linia wzorcowa 08|2|13-5957, ale tylko nieco gorszy wynik (1,35) osiągnęła linia (15|74|13-84602). Warto zauważyć, że mieszkańce z linią 15|74|13-80901 wykazały najniższy efekt heterozji (2,58), dodatkowo linia ta charakteryzowała się również najniższym efektem GCA (-2,52).

Obliczone wartości wariancji dla GCA, plonowania par mieszkańców (1,50) oraz wariancja linii restorerów (1,39) były wyraźnie wyższe (tab. 22) od tych wartości, które wystąpiły w przypadku wykorzystywania krzyżowania linii MSL z restorerami wybranymi na podstawie plonu nasion (tab. 21).

Na diagramie 7 przedstawiono w dt/ha efekt heterozji mieszkańców w porównaniu z każdą linią DH restorerem wybraną na podstawie plonowania.

Następnie określono wpływ linii MSL przekrzyżowanych restorerami wybranymi na podstawie plonowania (tab. 23) i indeksu selekcyjnego (tab. 24) na efekty heterozji i ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA). Dobór par linii do krzyżowania zawiera rozdział Materiał i metody. Zestaw linii dopełniających MSL B (tab. 23 i 24) różnił się tylko linią MSL2B.

Efekty heterozji mieszkańców przedstawiono, jako różnicę średniego plonu mieszkańca i odpowiadającej mu linii dopełniającej MSL B. Średni plon mieszkańców z liniami MSL, które tworzyły mieszkańce z restorerami wybranymi na podstawie plonu wynosił 48.50 dt/ha i był nieco wyższy od średniego plonu mieszkańców powstałych z przekrzyżowania linii MSL restorerami wybranymi na podstawie indeksu selekcyjnego (45.80 dt/ha).

Natomiast większa wariancja dla plonu nasion mieszańców wystąpiła przy krzyżowaniu linii MSL restorerami wybranymi na podstawie plonu nasion (2,63, tab. 23). Wykorzystywanie, jako zapylaczy restorerów wybranych w oparciu o indeks selekcyjny, zaowocowało obniżeniem wariancji do 2,41 (tab. 24). Wśród linii dopełniających dla linii MSL C krzyżowanych z restorerami wybranymi na podstawie plonu, średni efekt heterozji ich mieszańców wyniósł 6,69 dt/ha a maksymalną wartość osiągnęły mieszańce z linią MSL6B (8,40 dt/ha). Natomiast (tab. 23) maksymalną wartością GCA charakteryzowała się linia MSL7B.

Tabela 24 zawiera wyniki dla linii dopełniających MSL, przekrzyżowanych restorerami wybranymi na podstawie indeksu selekcyjnego na efekty heterozji ich mieszańców i ogólnej wartości kombinacyjnej (GCA). Średni efekt heterozji dla tej grupy mieszańców wyniósł 3,96 dt/ha, a maksymalna wartość sięgnęła 5,93 dt/ha dla mieszańców z linią MSL5B. Również ta linia miała najwyższą wartość GCA wynoszącą 1,11.

W tabeli 25 oraz na wykresie 8 zestawiono średnie plony wszystkich form ojcowskich (linie DH) wybranych na podstawie plonu, linii matecznych (MSL) oraz uzyskanych mieszańców. Średni plon linii dopełniających form matecznych wyniósł 41,81 dt/ha, linii restorerujących 43,39 dt/ha, natomiast średni plon wszystkich mieszańców wyniósł on 48,32 dt/ha, co świadczy o wyraźnym efekcie heterozji uzyskanych mieszańców.

W tabeli 26 oraz na wykresie 9 zestawiono średnie plony wszystkich form ojcowskich (linie DH) wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego, dopełniających do linii matecznych oraz uzyskanych mieszańców. Średni plon linii dopełniających (MSL) wyniósł 41,81 dt/ha, linii restorerujących (DH) 42,41 dt/ha, natomiast średni plon wszystkich mieszańców z tej grupy wyniósł 46,20 dt/ha. Heterozja mieszańców, których restorerem były linie DH wybrane ze względu na wysoką wartość indeksu w porównaniu ze średnią plonu linii rodzicielskich, wyniosła 9,73%

Celem oszacowania wpływu plonu nasion linii DH restorerów wybranych na podstawie ich plonowania, na plon nasion i efekt heterozji mieszańców (tab. 27) oraz wpływu plonu nasion restorerów wybranych w oparciu o indeks selekcyjny (tab. 28) na ich efekt heterozji wyliczono stosowne współczynniki korelacji. Jak wynika z tabeli 27 i 28 większą korelacją między plonem linii DH a plonem mieszańców wykazały się restorery wybrane na podstawie indeksu selekcyjnego.

W doświadczeniu 1138 (tab. 19) nie stwierdzono istotnej statystycznie korelacji między plonowaniem linii DH wybranymi na podstawie indeksu selekcyjnego, a efektami

heterozji mieszańców. Korelacja między plonowaniem linii DH wybranych na podstawie indeksu selekcyjnego, a plonem mieszańców w skład których wchodziły, wyniosła 0,66 i była istotna statystycznie na poziomie $\alpha = 0,05$.

Z kolei w doświadczeniu 1137 wystąpiła istotna (na poziomie $\alpha = 0,05$) korelacja między plonowaniem linii DH a plonowaniem mieszańców. W tymże doświadczeniu wystąpiła istotna statystycznie (na poziomie $\alpha = 0,05$) ujemna korelacja $r = - 0,49$ między plonem linii DH a efektami heterozji ich mieszańców.

Dyskusja

Hodowla rzepaku ozimego, na przestrzeni ostatnich kilkudziesięciu lat bardzo się zmieniała. Jeszcze kilkanaście lat temu, dominującymi odmianami rzepaku ozimego w Europie były odmiany liniowe (Ogrodowczyk i in. 2013). Obecnie w badaniach rejestrowych, jak i na polach produkcyjnych, uprawia się głównie odmiany mieszańcowe. Dynamizm procesu hodowli rzepaku ozimego wymusza, ciągłe korekty w programach hodowlanych. Bardzo istotną częścią procesu hodowli jest właściwy dobór linii komponentów do nowych odmian mieszańcowych. Dobór linii w procesie hodowlanym powinien zapewnić nowe odmiany, ale również materiał wyjściowy do dalszej hodowli, która w ciągu następnych lat będzie bardziej efektywna, a nowe odmiany lepiej dostosowane do ciągle zmieniających się warunków klimatycznych.

Uzyskanie wysokoplennych odmian mieszańcowych rzepaku ozimego opartych na systemie sterylności MSL-Lembke jest możliwe poprzez selekcję linii podwojonych haploidów (DH), łączących w sobie wiele korzystnych cech struktury plonu (Renard i in. 1997, Frauen i in. 2003). Hodowlę odmian mieszańcowych można zatem przyspieszyć poprzez wykorzystanie metody otrzymywania podwojonych haploidów (Bartkowiak-Broda 1998, Kruczkowska 1998). Zastosowanie w hodowli linii DH pozwala w znacznym stopniu skrócić cykl uzyskiwania nowych odmian oraz ograniczyć liczbę ocenianych mieszańców (Szała i in. 2000, Cichy 2005).

Badane 165 linii DH restorerów wykazały się istotnie dużym zróżnicowaniem pod względem plonu nasion. O podobnych wynikach w zróżnicowaniu linii DH pod względem plonu nasion donosi Szała i in. (2000). Wiele z badanych linii restorerów plonowało wyżej od populacyjnych odmian wzorcowych, co pokazuje przydatność badanego materiału do dalszych prac hodowlanych (Adamska i in. 2000, Szała i in. 2000). Sposób wyboru linii DH na podstawie plonu nasion, okazał się łatwy jednak dość kosztowny. Cena za poletko w doświadczeniu wartości gospodarczej odmian (WGO) waha się od 90 do 130 PLN netto, z czego około 50% kosztów pochłania zbiór nasion.

Idea wyboru linii restorerów na podstawie indeksu selekcyjnego polega na szybkim i przejrzystym sposobie oceny linii i ich wartości hodowlanej. Indeks selekcyjny ma ułatwiać podejmowanie decyzji w krótkim czasie, przy jednoczesnym skumulowaniu w ocenie wielu cech i obniżaniu kosztów. Zastosowany indeks selekcyjny skupiał w sobie ocenę porażenia roślin przez choroby, osypywanie nasion z łuszczyń, oraz potencjał plonowania w skali 9-stopniowej. Każda z tych cech, miała równą wagę. W przyszłości w zależności od

docelowego przeznaczenia mieszańca dla konkretnego środowiska, można poszczególnym cechom składającym się na indeks selekcyjny, nadać różne wagi.

Porażenie roślin przez choroby jest powiązane z plonem nasion (Mączyńska 2000). Jak pokazały wyniki badań, jednak nie wszystkie linie, na których nie obserwowano objawów chorób, charakteryzowały się wysokim poziomem plonowania, co może być związane z terminem dojrzałości roślin. Rośliny zdrowe dłużej posiadają zielone łodygi przed zbiorem, stąd ich dojrzałość jest często późniejsza niż linii porażonych przez choroby, a przez to podczas zbioru trudniej się omłacają. Problem ten dotyka bardzo często doświadczeń z dużą liczbą obiektów różniących się znacznie od siebie terminem dojrzewania. W hodowli rzepaku ozimego w warunkach Polski selekcjonuje się odmiany wczesnie dojrzewające. Wczesny zbiór rzepaku ozimego jest ważny w gospodarstwach wielkoobszarowych ze względu na żniwa innych gatunków.

Pod względem bonitacyjnej oceny łuszczyn na osypywanie, analizowane linie różniły się znacznie. Najważniejszymi czynnikami decydującymi o wielkości strat spowodowanych osypywaniem są: genotyp rośliny, czynniki uprawowe (nawożenie, obsada roślin na m², technologia zbioru), przebieg warunków pogodowych w czasie dojrzewania i zbioru roślin rzepaku, a także stopień porażenia roślin przez niektóre choroby i szkodniki. Wymienione czynniki zazwyczaj współdziałając ze sobą utrudniają efektywną selekcję genotypów odpornych na osypywanie (Lóf 1961). Wyniki uzyskane w pracy wykazały, że łuszczyny, które były dobrze oceniane pod względem tej cechy, nie zawsze zapewniały wysokie plony, znaleziono również linie, które miały łuszczyny podatne na otwieranie, a mimo to dobrze plonujące, niejednokrotnie lepiej niż odmiany wzorcowe.

Tylko jedna linia z 165 przebadanych, została zakwalifikowana do następnego etapu badań, ponieważ charakteryzowała się wysokim plonem, jak również wysoką wartością oceny indeksowej. To pokazuje, jak trudno jest znaleźć linie, które są zdrowe, doskonale agronomicznie dostosowane do regionu gdzie są uprawiane, a jednocześnie plonujące lepiej niż odmiany wzorcowe (Adamska i in. 2000).

Bardzo istotnym czynnikiem w doborze linii do kolejnego etapu badań, była zdolność kiełkowania. Cecha ta jest bardzo ważna w procesie hodowli rzepaku ozimego, ponieważ w warunkach Europy Wschodniej materiał siewny przeznaczony do siewów, często zostaje wytworzony w roku poprzedzającym siewy. Odmiany zachowujące wysokie wartości kiełkowania, są pożądane przez firmy sprzedające materiał siewny. Ogranicza to straty firm poniesione przez obniżenie wartości kiełkowania. Zdolność kiełkowania może mieć również istotny wpływ na rozwój roślin w pierwszych dniach po siewie. Rośliny lepiej kiełkujące,

mają lepszy wigor jesienny, a w warunkach Europy Wschodniej jest on ważnym czynnikiem przygotowującym rośliny do lepszego zimowania. Wieloletnia selekcja rzepaku ozimego pod kątem niskiej zawartości glukozyolanów i kwasu erukowego mogła mieć negatywny wpływ na zdolność kiełkowania nasion (Hanzing i in. 2018). Wigor i wschody nasion są uwarunkowane poligenicznie i mają niską dziedziczność, na którą silny wpływ mają nie tylko gęstość siewu i jednorodność nasion (Powell i in., 1991; TeKrony i Egli, 1991; Ellis, 1992; Hampton i Scott, 2011), ale także środowisko, w jakim dojrzewały nasiona roślin matecznych, temperatura podczas siewu, dostępność wody w czasie wschodów (Hatzig i in., 2015). To sprawia, że jest to szczególnie trudna cecha do poprawiania w procesie hodowli. Badane linie DH restorery charakteryzowały się dużą zmiennością pod względem zdolności kiełkowania. Niektóre z badanych linii DH restorerów charakteryzowały się wysokim plonem nasion, przy jednoczesnej niskiej wartości kiełkowania. Wyniki badań wielu autorów (Wielebski i in. 1998, Wielebski i in. 2001; Jankowki i in. 2007) potwierdzają istotną interakcję plonu nasion rzepaku ozimego z zagęszczeniem łąnu. Celem selekcji na poziomie 95% zdolności kiełkowania, było wybranie linii, które dobrze kiełkują, ale też w świetle przedstawionej literatury, charakteryzują się dobrym wigorem jesiennym i dobrze przygotowują się do zimy. Zdolność kiełkowania na poziomie 95% miała też w zamyśle autora rozprawy odrzucić linie, które poprzez mniejsze zagęszczenie roślin na poletku, mogły plonować lepiej niż ich potencjał genetyczny. Wydaje się, że konsekwentna selekcja linii o dobrej zdolności kiełkowania, w dłuższej perspektywie czasu, może przynieść korzyści.

Wartości indeksu selekcyjnego linii DH restorerów wahały się w szerokim zakresie. Indeksowa metoda wyboru linii na tym etapie badań wydaje się poprawna. Koszty doświadczenia analizowanego w oparciu o indeks selekcyjny są niższe niż doświadczenia, w którym linie należy zebrać, wymłucić, zważyć nasiona i ocenić ich wilgotność (WGO). Koszty jednego poletka doświadczalnego w przypadku zastosowania metody indeksowej są niższe około 40% do 50%. Selekcja linii DH restorerów w oparciu o indeks selekcyjny umożliwia, przy tych samych kosztach, przebadanie większej liczby obiektów. Metoda ta jednak wymaga jednak dużego doświadczenia hodowcy przy selekcji linii.

W kolejnym roku badań porównano dwie grupy linii DH restorerów (wybrane na podstawie plonu i indeksu selekcyjnego), jak również mieszańce, jakie zostały z nimi utworzone. Średni plon dla linii DH restorerów wybranych na podstawie plonu nasion wyniósł 43,39 dt/ha, a lini wybranych metodą indeksową 42,40 dt/ha. Wariancja dla plonu nasion linii DH wybranych na podstawie indeksu selekcyjnego (1,39) była wyższa w porównaniu z wariancją linii DH restorerów wybranych w oparciu o plon nasion. Linie DH

restorery wykorzystywane w programach hodowlanych rzepaku ozimego, są wysoce jednorodne. Dalszy rozwój hodowli rzepaku zależy od utrzymania dużej zmienności linii restorerów w pulach genowych firm hodowlanych. Wydaje się zatem, że metoda wyboru materiałów hodowlanych w obrębie firmy hodowlanej, gwarantująca większą zmienność jest bardziej korzystna. Selekcja linii DH, zawężona tylko do plonu nasion, mimo że jest to cecha bardzo złożona, powoduje zawężenie zmienności w obrębie linii DH restorerów.

Zmienność plonu nasion mieszańców, dla których linie DH restorery wybrano metodą indeksową, była wyższa w porównaniu do wariancji plonu mieszańców krzyżowanych z liniami DH restorerami wybranymi na podstawie ich plonowania. Jednak żaden z mieszańców z obu grup nie różnił się istotnie od średniego plonu odmian wzorcowych (Atora i Kuga). Sukces w hodowli roślin zależy od ilości przetestowanych materiałów w zróżnicowanych środowiskach (Baenzinger i in. 2002). Metoda selekcji restorerów w oparciu o indeks selekcyjny, umożliwia pracowanie na materiale bardziej zmiennym. Większa zmienność restorerów wybranych na podstawie indeksu selekcyjnego, z punktu widzenia efektywnej hodowli roślin, dostosowanej do zmieniających się warunków klimatycznych, w przyszłości będzie miała pozytywne znaczenie. W hodowli rzepaku ozimego należy zwracać uwagę na zmienność materiałów hodowlanych, ponieważ wieloletnie wykorzystanie mało zróżnicowanej puli genowej u współcześnie uprawianych odmian populacyjnych, znacznie utrudnia znaczący postęp w hodowli mieszańców heterozyjnych tego gatunku (Łuczkiwicz i in. 2012). W hodowli odmian mieszańcowych szczególną uwagę przywiązuje się do doboru komponentów rodzicielskich do krzyżowań. Linie rodzicielskie powinny charakteryzować się dobrymi właściwościami agronomicznymi, ale również powinny zapewniać wysoki efekt heterozji mieszańcom z nich powstałym, ponieważ heterozja jest efektywną metodą zwiększającą plon nasion (Wang i in. 2009).

Wszystkie badane mieszańce, wykazały się dodatnim efektem heterozji w plonie nasion w porównaniu do linii DH restorerów, jak i do linii MSL B, bez względu na to, jakim sposobem linie restorery były wybrane. Efekt heterozji mieszańców z dwóch porównywanych grup, względem linii MSL B był większy w porównaniu do linii restorerujących DH. Wynika to stąd, że linie DH restorery plonowały lepiej w porównaniu do linii MSL B. W hodowli odmian mieszańcowych opartych na systemie MSL, bardziej czasochłonna jest selekcja nowych linii matecznych, skutkiem tego firmy hodowlane dysponują ich mniejszą ilością i dlatego są one wykorzystywane w wielu kombinacjach. Postęp hodowlany linii DH będących liniami restorerami jest większy niż u linii MSL. Może to zatem tłumaczyć, gorsze

plonowanie linii matecznych a co za tym idzie większe efekty heterozji mieszańców w porównaniu do linii matecznych męskosterylnych MSL.

Badania nad heterozją u rzepaku są opisane w wielu publikacjach. Wiele z nich opisuje jej pozytywny efekt na plon nasion (Paulmann i Frauen 1991, Qian i in. 2007, Radoev i in. 2008, Azizinia i in. 2011). Badane mieszańce różniły się efektem heterozji w plonie nasion w zależności od linii DH restorera, jak i linii MSL, które wchodziły w ich skład. Średni efekt heterozji dla mieszańców skrzyżowanych z liniami DH restorerami wybranymi na podstawie plonu nasion w porównaniu do średniej plonu linii rodzicielskich w przeliczeniu na procenty wyniósł 13,42%. Wyliczony tak samo efekt heterozji dla plonu nasion mieszańców zrestorerowanych liniami DH wybranymi metodą indeksową wyniósł 9,73%. Woś i in. (1998) wykazali, że średni efekt heterozji mieszańców w porównaniu do rodziców wyniósł 25%. Krzymański i in. (1994) donoszą, że średni efekt heterozji badanych mieszańcowych wyniósł 24,7% w porównaniu ze średnią rodziców, a średni efekt heterozji na poziomie 10% dla plonu nasion mieszańców F_1 wykazał Kudła (1996), a Popławska i in. (2010) na poziomie 14,61%. Wprawdzie efekt heterozji mieszańców, wytworzonych z liniami DH wybranymi na podstawie indeksu selekcyjnego, liczony w stosunku do obu form rodzicielskich był niższy, ale mając na uwadze ciągłość procesu hodowli, metoda ta zapewnia większą zmienność, co w hodowli ma ogromne znaczenie.

Wykazano dodatnią korelację pomiędzy plonem linii DH restorera a plonem mieszańców, bez względu na to, w jaki sposób linie zostały wybrane. Współczynnik korelacji plonu nasion linii DH wybranymi na podstawie plonu nasion ze średnim plonem ich mieszańców wyniósł $r^2 = 0,49$, zaś w przypadku korelacji plonu linii wybranych metodą indeksową z ich średnim plonem mieszańców wyniósł $r^2 = 0,66$. Obliczone wartości współczynnika korelacji świadczą o tym, że istnieją inne czynniki warunkujące plon mieszańców niż tylko plon komponentów mieszańców co potwierdza walory indeksu selekcyjnego. Wykazano również dodatnią korelację plonu linii MSL B z plonem ich mieszańców. Badając zależności między plonem nasion mieszańców F_1 a plonem linii matecznej, linii ojcowskiej i średnim plonem rodziców Popławska i in. (2010) stwierdzili, że uzyskane dla analizowanych materiałów współczynniki korelacji przyjmują nieistotne wartości.

W pracy wykazano również ujemną korelację plonu linii DH restorera z efektami heterozji mieszańców, w skład których wchodziły. Dla linii DH wybranych według plonu nasion korelacja wynosiła ($r^2 = -0,49$) a dla linii wybranych metodą indeksową ($r^2 = -0,03$).

Najważniejszym etapem w hodowli odmian mieszańcowych jest identyfikacja kombinacji linii rodzicielskich dających duży efekt heterozji (Nowakowska i in. 2005). Konkurencja na rynku nasion wymusza na hodowcach rzepaku znaczne przyśpieszenie prac mających na celu uzyskiwanie nowych lepszych odmian o różnych korzystnych cechach (Matuszczak 2013). Rodzice posiadający różne allele dla większości loci warunkujących daną cechę powinni dawać mieszańce z większym efektem heterozji (Liu i in. 1999). Stale zwiększający się plon odmian mieszańcowych może odbywać się głównie w wyniku ustawicznej poprawy plonowania linii rodzicielskich, czyli poprzez nieaddytywny składnik plonu odmiany mieszańcowej. Popławska i in. (2010) stwierdza, że największe znaczenie dla uzyskania wysokiego plonu i efektu heterozji w plonie nasion, ma liczba łuszczyn na roślinie i liczba nasion w łuszczynie. Troyer (2006) dochodzi do wniosku, że procentowy udział heterozji w odmianach mieszańcowych kukurydzy, zmniejsza się nieznacznie w ciągu ostatnich lat o około 2% na dekadę, ponieważ procentowa zwyżka plonu w liniach rodzicielskich zachodzi szybciej niż w mieszańcach. Wydaje się zatem, że aby w przyszłości zachować wysoki efekt heterozji w mieszańcach rzepaku ozimego, należy skoncentrować prace hodowlane na heterozyjnym składniku plonu, czyli systematycznym gromadzeniu pozytywnych alleli, gwarantujących zwyżkę efektu heterozji. W świetle przedstawionej literatury, jak i przeprowadzonych badań wynika że selekcja linii DH restorerów oparta tylko na podstawie plonu nasion może wykluczać taką możliwość, co nie znaczy, że mieszańce otrzymane z wykorzystaniem linii wysoko plonujących nie będą osiągały plonów na wysokim poziomie. Linia 15|74|13-84610, była wybrana do dwóch grup restorerów. Badane mieszańce zrestorerowane tą linią, nie plonowały istotnie lepiej od odmian wzorcowych. Linia ta wykazała się ujemnymi wartościami efektów GCA. Mieszańce zrestorerowane tą linią wykazały dodatnie wartości efektów heterozji. Być może zatem sposób wyboru linii nie ma istotnego znaczenia. Ważne jest jednak testowanie dużej liczby restorerów ze sterylnymi liniami MSL i na podstawie plonowania mieszańca, jego efektu heterozji w porównaniu do linii komponentów, jak i wartości efektów GCA samej linii, dokonywać ich selekcji. Do podobnych wniosków w swojej pracy dochodzą Adamska i in. (2007).

Wariancje GCA i SCA dla wszystkich badanych mieszańców były na podobnym poziomie, choć wariancja dla SCA była nieznacznie większa i wyniosła 51,4. Jeżeli istnieją czynniki odpowiadające za plon mieszańca inne niż plon nasion linii rodzicielskich, skupienie się tylko na selekcjonowaniu linii według plonu nasion może długofalowo powodować redukcję addytywnej wariancji GCA. Linie o wysokiej wartości GCA są pożądane, ponieważ

ułatwiają proces nowych odmian będąc doskonałym materiałem wyjściowym do krzyżowań, jak również dają wiele wysokoplennych mieszańców.

Przedstawione wyniki pokazują jasno, że efekt heterozji można uzyskać, krzyżując linie MSL z restorerami wybranymi na podstawie plonu ale też ta metoda prowadzi do zawężania puli genetycznej w firmie hodowlanej stosującej taką selekcję. Ze względu jednak na ciągłość hodowli, szukanie nowych linii o dobrej wartości kombinacyjnej w pierwszym etapie hodowli, wybór linii DH restorerów powinno się opierać, na indeksie selekcyjnym, który zapewnia także możliwość przebadania szerszego materiału. Końcowy etap wyboru linii restorerów, a zwłaszcza linii podwojonych haploidów (DH) do krzyżowań z liniami MSL może uwzględniać ich plonowanie.

Przedstawione wyniki nie pokazują jasno, która z metod wyboru linii komponentów odmian mieszańcowych jest bardziej skuteczna. Głównym zadaniem hodowcy jest tworzenie nowych, wysoko plennych odmian. Rolnik wybiera odmianę do siewu ze względu na jej wysoki plon nasion, stabilność plonowania oraz cenę materiału siewnego. W 2020 roku odmiana mieszańcowa rzepaku ozimego Herakles, której jestem twórcą restorera i kombinacji, została wpisana do Krajowego Rejestru przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych z siedzibą w Słupi Wielkiej, a linia restorer użyta w tym mieszańcu, została wyselekcjonowana ze względu na wysoki plon nasion.

W przedstawionej pracy pokazano, że wysoki plon linii komponentów mieszańców może zapewnić odmiany mieszańcowe wysoko plonujące. Odmiana Herakles jest tego doskonałym przykładem. Ze względu jednak na ciągłość hodowli, szukanie nowych linii o dobrej wartości kombinacyjnej, lepiej jest jednak skupić się na heterozyjnych składnikach plonu. W 2020 roku zostało zgłoszonych do Badań Rejestrowych w wielu krajach Europy 10 nowych mieszańców rzepaku ozimego, w których jestem twórcą linii restorerujących. Połowa z nich składa się z linii restorerów, które zostały wyselekcjonowane metodą indeksową. Hodowla odmian mieszańcowych rzepaku jest stosunkowo młodą metodą hodowli. Istnieje zatem potrzeba ciągłego poszukiwania nowych schematów hodowli odmian mieszańcowych, która będzie uwzględniać wiele jej aspektów. Metod hodowli wysokoplennych i stabilnie plonujących mieszańców, jest wiele, co pokazują mieszańce, których jestem współautorem. Materiał wyjściowy do hodowli charakteryzuje się małą zmiennością, dlatego uważam, że zawężanie go jeszcze bardziej selekcyjując komponenty wyłącznie na podstawie plonu, może mieć negatywny wpływ na wyniki przyszłej hodowli heterozyjnej rzepaku.

Streszczenie

W pracy porównano dwie metody wyboru linii podwojonych haploidów (DH), jako restorerów do hodowli mieszańców rzepaku ozimego opartej na systemie męskiej sterylności MSL-Lembke. Spośród 165 linii DH, wybrano 8 linii na podstawie wysokiego plonu nasion, a kolejne 8 linii na podstawie wartości indeksu selekcyjnego, gdzie największą rolę odegrały doświadczenie i subiektywna ocena fenotypowa hodowcy.

W kolejnych etapach badań oceniono dwie grupy mieszańców uzyskanych z udziałem wybranych linii przywracających płodność (restorerów). Porównano zmienność linii DH w zależności od sposobu selekcji. Następnie oceniono plon nasion mieszańców oraz ich efekt heterozji względem linii rodzicielskich.

Linie wybrane metodą indeksową wykazały większą zmienność niż linie wybrane na podstawie plonu nasion.

Mieszańce z liniami DH jako restorerami wybranymi na podstawie wysokiego plonu nasion posiadały większy efekt heterozji niż mieszańce uzyskane z restorerami wybranymi z wykorzystaniem metody indeksowej.

Żadna z metod selekcji linii podwojonych haploidów używanych w hodowli odmian mieszańcowych rzepaku ozimego jako restorery, nie okazała się lepsza, a przedstawione wyniki pokazują ciągłą potrzebę doskonalenia schematów hodowli.

Summary

The paper compares two methods of selecting doubled haploid (DH) lines as restorers in winter oilseed rape hybrid breeding based on the MSL-Lembke male sterility system. Out of 165 DH lines, 8 lines were selected based on high seed yield, and another 8 lines based on selection index values, with experience and subjective phenotypic assessment of the breeder playing the most important role.

In subsequent stages of the study, two groups of hybrids obtained with the participation of selected fertility restorer lines were assessed. The variability of DH lines was compared depending on the selection method. Then, the yield of hybrid seeds and their heterosis effect with respect to the parent lines were assessed.

The lines selected by the index method showed higher variability than the lines selected on the basis of the seed yield.

Hybrids with DH lines as restorers selected on the basis of high seed yields had a higher heterosis effect than hybrids obtained with restorer selected using the index method.

None of the methods for selecting doubled haploid lines used in breeding hybrid varieties of winter oilseed rape as restorers has proved to be better, and the presented results show a continuing need to improve breeding patterns.

Wnioski

1. Linie podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego użyte jako restorery w systemie męskiej sterylności MSL-Lembke, dają perspektywę wyhodowania nowych odmian mieszańcowych o wysokim potencjale plonowania.
2. Wybór linii restorerów na podstawie indeksu selekcyjnego nie powodował takiego zawężenia zmienności linii, jak ich wybór na podstawie plonu nasion, o czym świadczą wartości współczynników zmienności, które były wyższe w przypadku pierwszego sposobu selekcji linii.
3. Mieszańce uzyskane z udziałem linii wybranych za pomocą metody indeksów selekcyjnych charakteryzowały się większą zmiennością plonu nasion.
4. Mieszańce otrzymane z liniami restorującymi wybranymi na podstawie ich plonowania charakteryzowały się większym efektem heterozji plonu nasion niż uzyskane z liniami wybranymi z wykorzystaniem indeksu selekcyjnego.
5. Wyniki uzyskane w pracy, jak również doniesienia literaturowe potwierdzają, że żadna z zastosowanych metod selekcji linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego jako restorerów w mieszańcach opartych na męskiej sterylności MSL nie jest lepsza. Wartości efektów heterozji mieszańców w stosunku do ich komponentów rodzicielskich, jak i wartości efektów ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej dla plonu nasion mocno zmieniają się w trakcie kolejnych lat hodowli. Istnieje zatem potrzeba, stałej optymalizacji metod hodowli odmian mieszańcowych, w tym wyboru linii rodzicielskich, uwzględniając wiele czynników mających wpływ na wartości kombinacyjne i efekt heterozji na każdym jej etapie.
6. Wykorzystując metodę wyboru linii podwojonych haploidów, które będą wykorzystywane jako restorery, czyli formy przywracające płodność w mieszańcach rzepaku ozimego, na podstawie wartości ich indeksu selekcyjnego, należy zastanowić się, czy wszystkie cechy uwzględniane w konstrukcji indeksu selekcyjnego powinny mieć taką samą wartość selekcyjną.

Literatura

1. Adamska E., Cegielska-Taras T., Kaczmarek Z., 2000. Analiza plonu wybranych linii DH rzepaku ozimego na podstawie dwuletniej serii doświadczeń wielokrotnych. Biuletyn IHAR, 216, 469-476.
2. Adamska E., Szała L., Cegielska-Taras T., Kaczmarek Z., 2007. Multidimensional GCA and SCA effects in doubled haploid lines of winter rape in the analysis of yield structure characteristics and oil content of F1 line × tester crosses. Rośliny Oleiste XXVII, 98-108.
3. Alizadeh K., 2007. Combining ability in brassica oilseed crops. The 12th International Rapeseed Congress, I: 45-47.
4. Anand R., Malik S., 1978. Oil and meal quality of cultivates brassicas and their wild relatives. 5th International Rapeseed Conference, 1, 150-154.
5. Arseniuk E., Oleksiak T., 2003. Polski rzepak. Rzepak nowe wyzwania. Wydawca Biznes-Press sp. z o.o., Warszawa, czerwiec 2008 r.
6. Azizinia S., 2011. Combining ability analysis of yield component parameters in winter rapeseed genotypes (*Brassica napus* L.). J Oilseed Brassica, 2(2), 67-75.
7. Baenziger P. S., Shelton D. R., Shipman M. A. 2002. Breeding for end use quality; reflections on the Nebraska experience. Vironment. Bedl Z., Langa L., Kluwer. J., Graybosch RIn: Wheat in Global En academic Publishers, Dordrecht: 255 — 262.
8. Banga S., Kaur G., Khosla G., Salisbury P., Wratten N., Burton W., Singh D., Cowling W., 2007. Germplasm diversity and heterosis in oilseed rape (*Brassica napus* L.). The 12th International Rapeseed Congress, I, 8-10.
9. Bannerot H., Bouldard L., Cauderon Y., Tempé J., 1974. Transfer of cytoplasmic male sterility from *Raphanus sativus* to *Brassica oleracea*. Proc. Eucarpia Meeting – Cruciferae, 52-54.
10. Bartkowiak-Broda I., 1988. Odmiany mieszańcowe rzepaku-osiągnięcia i perspektywy. Rośliny Oleiste, XIX, 359-370.
11. Bartkowiak-Broda I., 2002. Wzajemny związek postępu w agrotechnice i hodowli rzepaku ozimego. Rośliny Oleiste, XXIII, - 1, 61-71.
12. Bartkowiak-Broda I., 2008. Najnowsze kierunki hodowli rzepaku w Polsce. Rzepak nowe wyzwania. Wydawca Biznes-Press sp. z o.o., Warszawa,
13. Bartkowiak-Broda I., Krzymański J, Ogrodowczyk M., 1983. Inheritance of glucosinolate content and composition in seeds of winter rapeseed (*Brassica napus* L.). Proc. 6th Intern. Rapeseed Congress, Paris, France, I, 305-310.

14. Bartkowiak-Broda I., Mikołajczyk K., Spasibionek S., Cegielska-Taras T., 2006. alternative plants for sustainable agriculture. IGR PAN, 129-139.
15. Bernardo R., 2010. Breeding for Quantitative Traits in Plants. Stemma Press, Woodbury, MN, 160-163.
16. Berrocoso, J. D., Rojas, O. J., Liu, Y., Shoulders, J., González-Vega, J. C., Stein, H. H. 2015. Energy concentration and amino acid digestibility in high-protein canola meal, conventional canola meal, and soybean meal fed to growing pigs. J. Anim. Sci. 93, 2208–2217. doi: 10.2527/jas.2014-8528.
17. Bouchet, A .-S., Laperche, A ., Bissuel-Belaygue, C., Snowdon, R., Nesi, N., Stahl, A . 2016. Nitrogen use efficiency in rapeseed. A review. Agron. Sustain. Dev. 36:38. doi: 10.1007/s13593-016-0371-0.
18. Budeiwing S., Leon J., 2003. Higher yield stability for oilseed rape hybrids? The 11th International Rapeseed Congress. Proceedings 1, 347-349.
19. Buraczewska L., Buraczewski S., Pastuszewska B., Grala W., 1988. Skład wartości pokarmowej rzepaku „00” oraz śrutu rzepakowej jako składnika uzupełniającego pasze w białko i aminokwasy niezbędne. IHAR Zeszyty Problemowe – Rośliny Oleiste, cz. II, 363-379.
20. Cegielska-Taras T., 2004. Doubled haploids in oilseed rape (*Brassica napus* L.) breeding. Rośliny Oleiste, XXV, 345-352.
21. Cegielska-Taras T., Bartkowiak-Broda I., 2006. Postęp i status produkcji podwojonych haploidów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Biotechnologia 4 (75), 107-115.
22. Cegielska-Taras T., Szała L., 1997. Regeneracja roślin z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Rośliny Oleiste, XVIII (1), 21-30.
23. Chaozhi M., Gertsson B., Tuveesson S., Bengtsson L., Dayteg C., Tingdong F., 2003. Sees yield of self-incompatibility hybrids (*Brassica napus*) in China and Sweden. The 11th International Rapeseed Congress. Proceedings 1, 362-364.
24. Cherevko, G. 2016. Rapeseed Growing for Energy Purposes in Ukraine. Roczniki Naukowe Stowarzyszenia Ekonomistów Rolnictwa i agrobiznesu 18 (3), 29–34.
25. Child R.D., Evans D.E., 1989. Improvement of recoverable yields in oilseed rape (*Brassica napus*) with growth retardants. Aspect Appl. Biol., 23, 135-143.
26. Cichy H., Budzianowski G., Cegielska-Taras T., Szała L., 2005. Odmiana rzepaku ozimego wyhodowana przy u życia podwojonych haploidów. Rośliny Oleiste,; XXVI, 589-593.

27. Delourme R., Chevre a .M., Brun H., Rouxel T., Balesdent M.H., Dia J.S., Salisbury P., Renard M., Rimmer S.R., 2006. Major gene and polygenic resistance to *Laptosphaeria maculans* in oilseed rape (*Brassica napus*). European Journal of Plant Pathology, 114, 41-52.
28. Delourme R., Eber F., Renard M., 1999. Breeding double low restorer lines in radish cytoplasmatic male sterility of rapeseed (*Brassica napus* L.). Proc. 10th Int. Rapeseed Congress, Canberra, Australia.
29. Dembiński F. 1975. Rośliny Oleiste. Państwowe Wyd. Rolnicze i Leśne, Warszawa. Wyd. III.
30. Downey R.K., 1978. Breeding for quality. 5th International Rapeseed Conference, 1, 106-112.
31. Eggers U ., Blaut E., Baudis H., Lehammn J., Röpcke A .M., Witer C., 2011. Hans Lembke. Pflanzen züchten war sein Leben. Museumverein Insel Poel e. V.
32. Ellis R.H., 1992. Seed and seedling vigour in relation to crop growth and yield. Plant Growth Regul. 11, 249-255.
33. Fiedorow Z., Gołębnik B., Weber Z., 2004. Choroby roślin rolniczych. Wydanie III uzupełnione, 117-118.
34. Frauen M., Noack J., Paulmann W., Grosse F. 2003. Development and perspectives of MSL-hybrids in winter oilseed rape in Europe. The 11th International Rapeseed Congress. Proceedings 1: 316-318.
35. Frauen M., Noack J., Paulmann W., Grosse F. 2003. Development and perspektives of MSL-hybrids in winter oilseed raps in Europe. The 11thInternational Rapeseed Congress. Proceedings, 1, 316-318.
36. Friedt C. 2011. Winterraps. Das Handbuch für Profis. 17-52.
37. Gebhardt G., Jerdoch H., Berger H., 1982. Untersuchungen zum Futterwert und zum Einsatz von Könerleguminosen und Rapsextraktionschrot in der Fütterung monogastrische Nutztiere. Tagungsbericht Sektion Tierproduktion und Veterinärmedizin der Karl-Marx-Universität Leipzig, 241-261.
38. Ghasolia R.P., Shivpuri A., 2007. Morphological and pathological variation in rapeseed and mustard isolates of *sclerotinia sclerotiorum* from Rajasthan. The 12th International Rapeseed Congres. IV, 119-120.
39. Girke A ., 2002. Neue Genpools aus resynthetisiertem Raps (*Brassica napus* L.) für die Hybridzüchtung. Praca doktorska Uniwersytet Giessen.: 4-10.

40. Gororo N., Salisbury P., Marcroft S., 2004. Dunkeld and Raibow; A tale of two canola cultivars. Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, Brisbane, Queensland Australia.
41. Graichen K. 1997. Wasserrüben vergilbungsvirus. Ertrag- und Qualitätsminderungen beim Winterraps. Raps 15 (4): 156-158.
42. Graichen K. 1999. Häufig verkannt: Die Wasserrübenvergilbung an Winterraps. – Der Pflanzenarzt 9-10: 8-10.
43. Graichen K. 1994. Nachweis von Resistenz gegenüber dem Turnip yellows luteovirus (TuYV) in Winterraps und verwandten Arten. Vorträge für Pflanzenzüchtung 30: 132-143.
44. Grosse F., Leon J., Dipenbrock W. 1996. Ertragsbildung und Ertragsstruktur bei Winterraps (*Brassica napus* L.) II. Vergleich zwischen Elternlinien und deren F1- und F2- Generationen. J. Agronomy & Crop Science 169: 94-103.
45. Grover A., Joshi R., Blumwald E. 2007. Introduction of defense genes in *Brassica juncea* against *Alternaria brassicae*. The 12th International Rapeseed Congress. IV: 226-228.
46. Hammond K.E., Lewis B.G., Musa T.M. 1985. A systemic pathway in the infection of oilseed rape plants by *Leptosphaeria maculans*. Plant Pathology 34: 557-565.
47. Hampton, J. G., Scott, D. J. 2011. Effect of seed vigour on garden pea production. N. Z. J. Agric. Res. 25: 289-294.
48. Hatzig S., Breuer F., Nesi N., Ducournau S., Wagner M. H., Leckband G., Abbadi A., Snowdon R. J., 2018. Hidden Effects of Seed Quality Breeding on Germination in Oilseed Rape (*Brassica napus* L.). Frontiers in Plant Science, April 2018, Volume 9, Article 419: 1-13
49. Hatzig S.V., Frisch M., Breuer F., Nesi N., Ducournau S., Wagner M.H. 2015. Genome-wide association mapping unravels the genetic control of seed germination and vigor in *Brassica napus*. Front. Plant Sci. 6-221.
50. Henkel H., Mosenthin R., 1989. Rapssaaten und Rapsprodukte in der Tierernährung. Übers. Tierernährung, 1: 139-190.
51. Heyn F.W. 1976. Transfer of restorer genes from *Raphanus* to cytoplasmic male sterile *Brassica napus*. Cruciferae Newsletter Eucarpia 1: 15-16.
52. <http://ec.europa.eu/eurostat/web/agriculture/data/database>
53. <https://ec.europa.eu/jrc/sites/jrcsh/files/jrc-mars-bulletin-vol28-no7.pdf>
54. <https://stat.gov.pl/wstepny-szacunek-upraw-rolnych-i-ogrodniczych-w-2020-roku>.

55. Huang Y., Pirie E., Evans N., Delourme R., J. King G., D.L. Fitt B. 2007. Understanding symptomless growth of *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus* (oilseed rape) to manage phoma stem canker. The 12th International Rapeseed Congress. IV: 14-16.
56. Huang Y.J., Fitt B.D.L., Jedryczka M., Dakowska S., West J.S., Gladders P., Steed J.M., Li Z.Q. 2005. Patterns of ascospore release in relation to phoma stem canker epidemiology in England (*Letosphaeria maculans* in *Brassica napus* and Poland (*L. biglobosa*). European Journal of Plant Pathology 111: 263-277.
57. Jankowski K., Budzyński W. 2007. Reakcja różnych form hodowlanych rzepaku ozimego na termin i gęstość siewu II. Plon nasion i jego składowe. Rośliny Oleiste 2007; Tom XXVIII: 198-207.
58. Jeroch H., Jankowski J., Lipiec A., Kozłowski K., Matusievičius P., Mikołajczak J., Schöne F., 2013. Pasze rzepakowe w żywieniu zwierząt.
59. Jeroch H., Schöne F., Jankowski J. 2008. Composition of rapeseed products and nutritional value for poultry. Arch. Geflügelk. 72: 8-18.
60. Jia W., Mikulski D., Rogiewicz Z., Zduńczyk Z., Jankowski J., Słomiński A. B. 2012. Low-fibre Canola. Part 2. Nutritive value of the meal. J. Ageic, Food Chem. 60: 12231-12237.
61. Jianchang L.; Yonghong L.; Dianrong L.; Jianhua T. 2007. Comparison of cultulart characteristics and pathogenicity between *Sclerotinia sclerotiorum* and a sclerotia-forming fungus causing stem rot of welsh onion. The 12th International Rapeseed Congress. IV: 116-118.
62. Khajali F., Smoliński B. A. 2012. Factors that affect the nutritive value of canola meal for poultry. Poult. Sci. 91: 2564-2575.
63. Knaak, C., 1996. Schätzung genetischer Distanzen mittels RFLP zur Identifikation von Kondra Z.P., Stefansson B.R. 1970. Inheritance of the mayor glucosinolates of rapeseed (*Brassica napus*). Meal. Can. J. Plant Sci. 50: 643-647.
64. Kondra, Z. P, and Stefansson, B R. 1970. Inheritance of the major glucosinolates of rapeseed (*Brassica napus*) meal. Can J Plant Sci, 50, 643–647.
65. Kreye H.; Steinbach P.; Wolf G. 2007. Risk-factors fort he ocurrence of *Verticilium longisporum* in winter oilseed rape in Germany. The 12th International Rapeseed Congress. IV: 21-24.
66. Kruczkowska H., Pawłowska H., Skucińska B. 1998. Haploidyżacja rzepaku: badania podstawowe i zastosowania. Rośliny Oleiste 1998; Tom XIX: 343-352.

67. Krzymański J. 1997. Agronomy of Brassicas. Proceedings of the International Symposium on Brassicas. 23-27 September, Rennes, France. Acta Horticulturae 459: 55-60.
68. Krzymański J. 1970. Genetyczne możliwości ulepszenia składu chemicznego nasion rzepaku ozimego. Hodowla Roślin Aklimatyzacja i Nasiennictwo 14: 95-133.
69. Krzymański J. 1984. Genetyczne możliwości ulepszenia składu chemicznego nasion rzepaku ozimego. Wyniki badań nad rzepakiem ozimym 1983. IHAR Radzików: 104-111.
70. Krzymański J. 2000. Perspektywy badań nad rzepakiem i jego hodowlą. Rośliny Oleiste, t. XXI, Z. 1: 7-14.
71. Krzymański J., Piętka T., Krótka K. 1994. Zdolność kombinacyjna i heterozja mieszańców diallelicznych rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego. II. Pokolenia F₁ i F₂. Rośliny Oleiste XV: 21-32.
72. Krzymański J., Piotrowska A., Ogrodowczyk M. 1999. Zdolność kombinacyjna odmian i rodów rzepaku ozimego oraz przewidywane plonowanie syntetyków z nich tworzonych. Rośliny Oleiste, Tom XX: 325-334.
73. Kudła M. 1996. Ogólna wartość kombinacyjna linii wsobnych i efekty heterozji mieszańców F₁ i F₂ rzepaku ozimego. Rośliny Oleiste XVII: 61-71.
74. Kunrond C., Li C., Zeyong X., Liyning Y., Guoping W. 2007. Resistance evaluation of oilseed rape cultivars and germplasm to Turnip mosaic virus. The 12th International Rapeseed Congress. IV: 32-34.
75. Leaper, D. J., Melloul. S. 2011. The impact of Clearfield production system on the quality of winter oilseed rape oil. The 13th International Rapeseed Congress. CD: 373-376.
76. Li Y.C., Chen J., Bennet R., Wallsgrove R., Huang Y.J., He Y.H. 1999. Breeding inheritance and biochemical studies on *Brassica napus* cv. Zhongyou 821: tolerance to *Sclerotinia sclerotiorum* (stem rot). 10th International Rapeseed Congress, Canberra Australia.
77. Liersch A., Bartkowiak- Broda I., Ogrodowczyk M., 2004. Analiza zmienności składników plonu oraz wielkości efektu heterozji mieszańców CMS ogura rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Rośliny Oleiste, XXV 2, 371-382.
78. Liu Z.Q., Pei Y., Pu Z.J., 1999. Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on RAPD markers in wheat *Triticum aestivum* L. Plant Breeding, 118, 119-123.

79. Löff B., 1961. Platzfestigkeit als Zuchtproblem bei Ölpflanzen der Familie *Cruciferae*. Z. Pflanzenzüchtg., 46, 405-416.
80. Łuczkiwicz T., Bocianowski J., Nawracała J., 2012. Efekt heterozji cech ilościowych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) u mieszańców jednozerowych linii wsobnych krzyżowanych z odmianą Californium. Biuletyn IHAR, 264, 67-77.
81. Marcroft S.J., Li H., Sprague S.J., Howlett B.J., Barbetti M.J., Sivasithamparam K., Potter T.D., Burton W.A., Barnes S., Robson D., Kay J., Ludwig I., Hoskings M., Flett P., Taylor R., Lutt R., Schulz I., Sargeant D., Ballinger S., Saisbury P.A. 2007. Is durable blackleg resistance in Australia possible? The 12th International Rapeseed Congress IV, 11-13.
82. Matusevičius P., Zduńczyk Z., Juskiwicz J., Jeroch H., 2014. Rapeseed meal as a partial replacement for sunflower meal in diets for growing rabbits – gastrointestinal tract response and growth performance. European Poultry Science 78. 1-11
83. Matuszczak M., 2013. Markery molekularne w badaniach rzepaku (*Brassica napus* L.) II. Przegląd praktycznych zastosowań w hodowli. Rośliny Oleiste, 34 (2),151-166.
84. Mączyńska A., Krzyżińska B., 2000. Wpływ fungicydu Horizon 250 EW na zdrowotność, rozwój i plon rzepaku ozimego. Rośliny Oleiste. XXI, 106-112.
85. Meah M.B., Islam M.T., Rahman S.T., Rahman H., 1999. Reducing *Alternaria* infection in seeds of mustard through management practices. Bangladesh J. Pl. Pathol. 15, 5-8.
86. Mikulski D., Jakowski J., Zduńczyk Z., Juśkiwicz J., Smoliński B.A., 2012. The effect of different dietary levels of rapeseed meal on growth performance, carcass traits, and meat quality in turkeys Poult. Sci. 91, 215-223.
87. Mikulski D., Juskiwicz J., Skowrońska A., Sosnowska E., Jankowski J., Leczewicz A., Zduńczyk Z., 2011. Response of the caecal microflora of turkeys fed diets with a different content of high-fibre sunflower meal. Ann. Anim. Sci., 11, 143-155.
88. Nagaharu, U. 1935. Genome analysis in Brassica with Special Reference to the Experimental Formation of B. Napus and Peculiar Mode of Fertilization. Japanese Journal of Botany, 7, 389-452.
89. Nawakowska J., Mikołajczyk K., Krótka K., Bartkowiak-Broda I., 2004. Ocena dystansu genetycznego linii rodzicielskich mieszańców F1 rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) za pomocą metody RAPD. Rośliny Oleiste XXV, 2, 353-367.

90. Nowakowska J., Bartkowiak-Broda I., Ogrodowczyk M. 2005. Wstępne badania związku między efektem heterozji mieszańców F₁ rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) a dystansem genetycznym linii rodzicielskich. *Rośliny Oleiste* XXVI, 19-33.
91. Ogrodowczyk M., Bartkowiak-Broda I., 2013. Ocena postępu biologicznego w hodowli rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste* 34(2): 289-301.
92. Olejniczak O., Mikołajczyk K., 2013. Zastosowanie metod biotechnologicznych w hodowli molekularnej rzepaku. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops*, 34(1),7-25.
93. Olsson G., 1960. Self-incompatibility and outcrossing in rape and white mustard. *Hereditas* 46. 241-252.
94. Paetsch C., Graichen K., Frauen M., Hauska D., Hemker R., Koch J., Stiewe G., 2003. Turnip yellows luteovirus resistance in winter oilseed rape. *The 11th International Rapeseed Congress. Proceedings*, 1, 61-63.
95. Pastuszewska B., Rakowska M., 1988. Możliwości zwiększenia wartości pokarmowej śruty z rzepaku podwójnie ulepszonych poprzez dobór warunków produkcji. *IHAR Zeszyty Problemowe - Rośliny Oleiste. Cz. II*, 350-362.
96. Paulmann W., Frauen M. 1998. Erfahrungsbericht zur Entwicklung und Saatguterzeugung von restaurierten Winterraps-Hybridsorten. *Bericht über die 48. Tagung d. Arbeitsgem. d. Saatzuchtleiter. BAL Gumpenstein: 25-27.*
97. Paulmann W., Frauen M., 1991. Einsatz von biotechnologischen Verfahren in der praktischen Rapszüchtung. *Bericht der Arbeitstagung Saatzuchtleiter, Gumpenstein: 173-182.*
98. Petratiene E., Brazauskiene I., 2007. Control of *Alternaria* blight in oilseed rape (*Brassica napus* var. *oleifera* DC) and turnip rape (*Brassica rapa* var. *oleifera* DC). *The 12th International Rapeseed Congress. IV*, 209-212.
99. Piętka T., Krótka K., Krzymański J., 2005. Zdolność kombinacyjna i heterozja zawartości glukozyolanów w nasionach rzepaku ozimego z pokoleń F₁ i F₂, oznaczone metodą krzyżowań diallelicznych pomiędzy liniami podwojonych haploidów. *Rośliny Oleiste .XXVI*, 2, 311-322.
100. Popławska W., Ogrodowczyk M., Bartkowiak-Broda I., Krótka K., 2010. analiza zmienności składników plonu oraz wielkości efektu heterozji u mieszańców F₁ rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). *Rośliny Oleiste XXXI*, 21-34.
101. Pourdad S.S., Sachan J.N., 2003. Study on heterosis and inbreeding depression in agronomic and oil quality characters of summer rape (*Brassica napus* L.). *Proceedings of 11th International Rapeseed Conference, Copenhagen, Denmark, 2003.* 343-346

102. Powell A.A., Thornton J.M., Mitchell. J.A., 1991. Vigor differences in brassica seed and their significance to emergence and seedling variability. *J. agric. Sci.*, 116, 369-373.
103. Prajapati C.H., Patel K.M., Patel M.P., Pathak H.C., 2007. Increasing rapeseed yields through heterosis breeding. *The 12th International Rapeseed Congress. I*, 58-60.
104. Prakash S., Hinata K.M., 1980. Taxonomy, cytogenetics and origin of crop Brassicas, a review. *Opera Bot.*, 55, 1-57.
105. Price J.S., Hobson R.N., Neale M.A., Bruce D.M., 1996. Seed losses in commercial harvesting of oilseed rape. *J. Agric. Eng. Res.*, 65, 183-191.
106. Qian W., Sass O., Meng J., Li M., Frauen M., Jung C., 2007. Heterotic patterns in rapeseed (*Brassica napus* L.): I. crosses between spring and Chinese semi-winter lines. *Theor appl Genet.* 115, 27-34.
107. Qinfei L., Jiaqin M., Lunwen Q., Ying F., Jiana L., Zaiyun L., Wei Q., 2011. Cytology of interspecific hybrid between *Brassica napus* and *Brassica oleracea*. *13th International Rapeseed Congress. Proceedings*, 585-586.
108. Quiros C.F. 1995b. Hypothetical model for Brassica genome structure and evolution. *9th International Rapeseed Congress Cambridge. 4*, 1063-1065.
109. Quiros C.F., 1995a. Brassica diversity and wide hybridization. *9th International Rapeseed Congress Cambridge. 4*, 1057-1062.
110. Radoev M., Becker H., Ecke W., 2008. Genetic analysis of heterosis for yield and yield components in rapeseed (*Brassica napus* L.) by quantitative trait locus mapping. *Genet Soc Am.*, 179, 1547-1558
111. Radoev M., Becker H.C., Ecke W. 2007. Genetic analysis of heterosis in rapeseed (*Brassica napus* L.). *The 12th International Rapeseed Congress. I*, 14-17.
112. Rakow G. 1978b. Zur Variabilität von Öl- und Proteingehalten in Zuchtstämmen von Winterraps (*Brassica napus* L.). *5th International Rapeseed Conference, 1*, 115-118.
113. Rakow G., 1978a. Untersuchungen zur Frembefruchtungsrate bei Winterraps. *5th International Rapeseed Conference, Volume 1*: 93-96.
114. Rakow G., 2007. Rapeseed genetics and breeding research for sustainable oilseed production. *The 12th International Rapeseed Congress. I*, 207-209.
115. Raman R., Raman H., Kadkol G., Coombes N., Taylor B., Luckett D. 2011. Genome wide association analyses of loci for shatter resistance in Brassicas. *17th Australian Research Assembly on Brassicas (ARAB)*, 36-41.

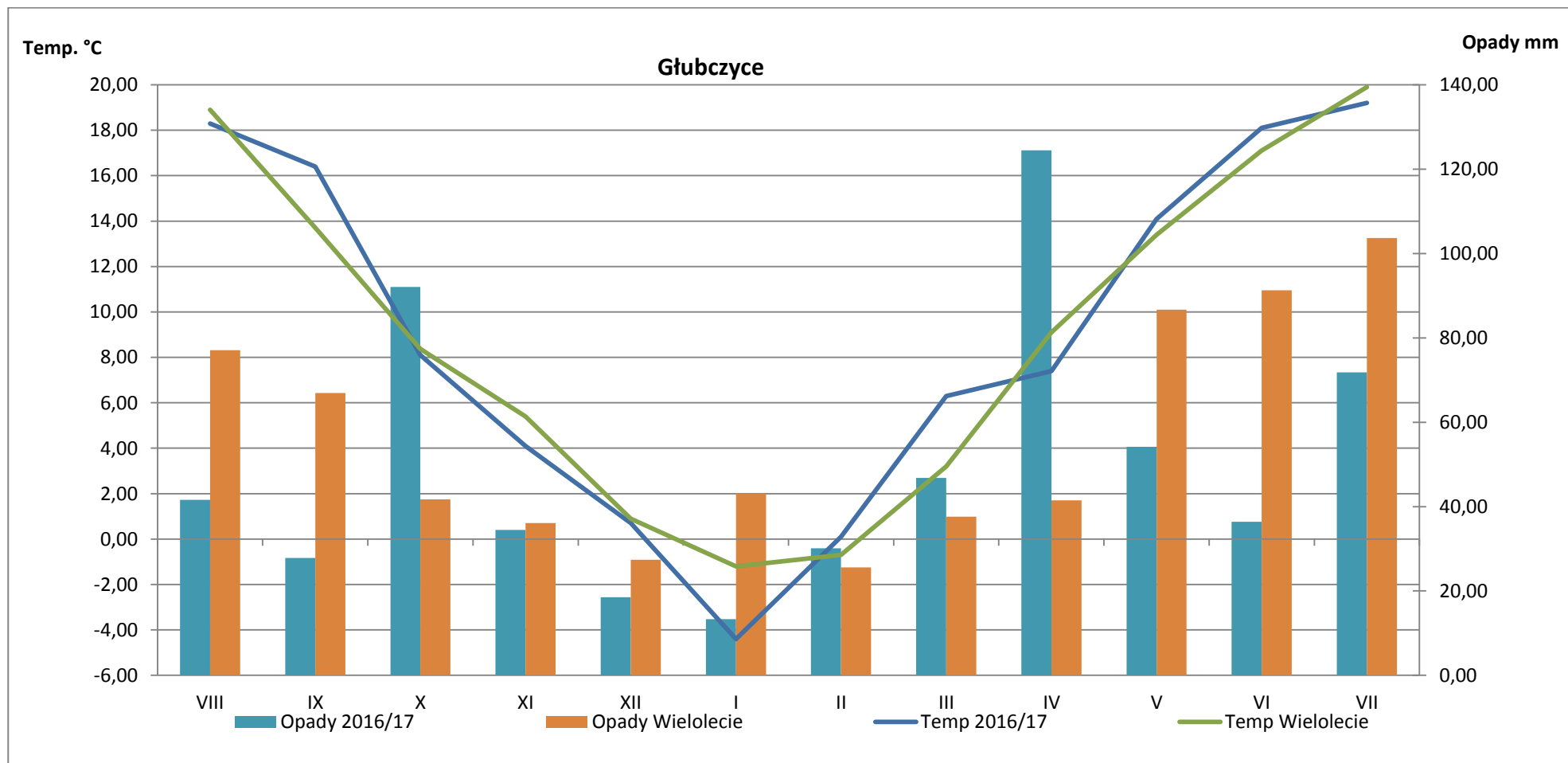
116. Renard M., Delourme R., 1997. Mise sur le Marche d'hybrides de colza. Bulletin GCIRC, 14, 114-122.
117. Rimmer S. R., Zhao J, Buchwaldt L, Hegedus D. D. 2007. Defining the mechanisms underlying resistance to stem rot disease (*S. sclerotiorum*) in *Brassica napus*. Proc 12th International Rapeseed Congress, Wuhan, China, pp. 51-54.
118. Röbbeln, G., 1960. Beiträge zur analyse des Brassica-Genoms. Chromosoma 11, 205-228.
119. Rousselle P., 1982. Premiers résultats d'un programme d'introduction de l'androstérilité "Ogura" du radis chez le colza. Agronomie 2, 859-864.
120. Rudko T., 2011. uprawa rzepaku ozimego, rzepak, zasady uprawy, zdrowa żywność. Wydanie I, Wydawnictwo Instytutu Agrofizyki im. B. Dobrzańskiego PAN.
121. Rutkowski A. 1987. Poland's share in the world rapeseed production. Proceedings of 7th International Rapeseed Congress 11-14 May 1987, Poznań, 1: 14-18.
122. Rygulla W., Snowdon R., Eynck C., Tiedemann A., Friedt W., 2007. Development of resynthesized oilseed rape (*Brassica napus*) with improved resistance against *Verticillium longisporum*. The 12th International Rapeseed Congress. IV, 109-111.
123. Sadowski J., Quiros C.F., Babula D., Kaczmarek M., Ziółkowski P., 2000. Mapowanie podstawowych genów w rodzaju *Brassica*. Rośliny Oleiste, XXI - 1, 315-326.
124. Schröder-Lembke G. 1989. Die Entwicklung des Raps- und Rübsenanbaus in der deutschen Landwirtschaft.
125. Shull G.H., 1922. Über die Heterozygotie mit Rücksicht auf den praktischen Züchtungserfolg. Beiträge zur Pflanzenzucht, : 134-152.
126. Smith H.G., Hinckes J., 1985. Studies on beet western yellows virus in oilseed rape (*Brassica napus ssp. oleifera*) and sugar beet (*Beta vulgaris*). Annals of Applied Biology, 107, 473-484.
127. Smulikowska S., Pastuszewska B., Ochtabińska A., Mieczkowska A. 1998. Composition and nutritional value for chickens and rats of seeds, cake and solvent meal from low-glucosinolate yellow seeded spring rape and dark-seeded rape. J. Anim. Feed. Sci. 7: 415-428.
128. Song K., Osborn T.C. 1992. Polyphyletic origins of *Brassica napus*: New evidence based on organelle and nuclear RFLP analyses. Genome, 35, 257-267.
129. Sprague S.J., Balesdent M.-H., Brun H., Hayden H.L., Marcroft S.J., Pinochet X., Rouxel T., Howlett B.J., 2006. Major gene resistance in *Brassica napus* (oilseed rape)

- is overcome by changes in virulence of populations of *Leptosphaeria maculans* in France and Australia. European Journal of Plant Pathology, 114, 33-40.
130. Sprague G.F., Tatum T.A., 1942. General and specific combining ability in single crosses of corn. Journal of the American Society of Agronomy, 34: 923-932.
 131. Stefansson B.R., 1978. Selection for oil and protein in Rapeseed. 5th International Rapeseed Conference, 1, 113-114.
 132. Steinbach P., Kreye H., Wolf G.A., 2005. Bundesweites „*Verticillium*-Monitoring Bewertung von Diagnosesicherheit und Risikofaktoren ist veröffentlicht in: Raps 1/2005 (23.Jg.), 20-26.
 133. Szała L., Adamska E., Cegielska-Taras T., 2000. Analiza statystyczna zmienności wybranych cech struktury plonu linii DH rzepaku ozimego. Rośliny Oleiste; XXI, 607-614.
 134. Tekrony D.M., Egli D.B., 1991. Relationship of seed vigor to crop yield. A review. Crop. Sci., 31, 816-822.
 135. Thompson K.F., 1972. Cytoplasmic male-sterility in oil-seed rape. Heredity 29(2), 253-257.
 136. Trautwein E.A., Ebersdobler H.F., 1998. Rapsöl- ein wertvolles Speiseöl. u FOP - Schriften, 6.
 137. Troyer A. F., 2006. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. Crop Sci., 46, 528-543.
 138. Verma P., Saharan. G.S., 1994. Monograph on *Alternaria* diseases of crucifers. Saskatoon Research Centre, Canada, 162.
 139. Wałkowski T., Bartkowiak-Broda I., Krzymański J., Wielebski F., Wójtowicz M., Mrówczyński M., Korbas M., Paradowski A., Ochocki P., 2002. Rzepak ozimy. IHAR
 140. Wang, X., Liu, G., Yang, Q., Hua, W., Liu, J., Wang, H. 2010. Genetic analysis on oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.). Euphytica 173, 17–24. doi: 10.1007/s10681-009-0062-x
 141. West J.S., Biddulph J.E., Fitt B.D.L., Gladders P., 1999. Epidemiology of *Leptosphaeria maculans* in relation to forecasting stem canker severity on winter oilseed rape in the UK. Annals of Applied Biology, 135, 535-546.
 142. Węgorzek P., Mrówczyński M., Zamojska J.A., 2011. Strategy of controlling pollen beetle (*Meligethes aeneus* F.) and cabbage seed weevil (*Ceutorhynchus assimilis* Payk) in Poland considering differences in resistance level of both species to insecticides. The 13th International Rapeseed Congress. CD, 1110-1112.

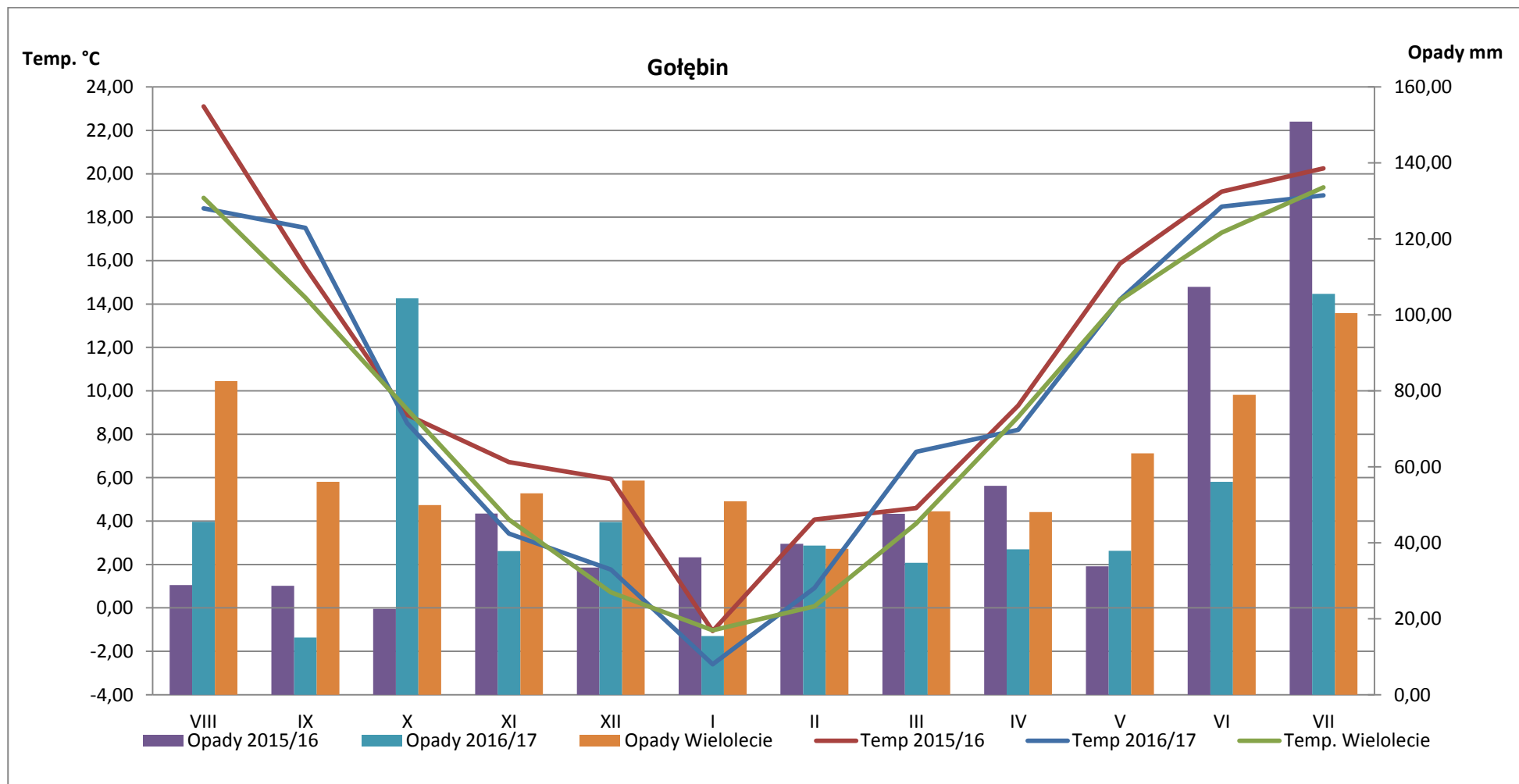
143. Wielebski F., 1997. Wpływ wzrastających dawek siarki na skład glukozyolanów zawartych w nasionach dwóch odmian rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste XVIII(1)*, 179-186.
144. Wielebski F., Wójtowicz M. 1998. Reakcja odmian rzepaku ozimego na wzrastające dawki azotu na glebach żytnych w Zielęcinie. *Rośliny Oleiste, XIX (2)*: 507-514.
145. Wielebski F., Wójtowicz M. 1998. Zagęszczenie roślin w łanie jako istotny element kształtowania plonu nasion odmian populacyjnych i odmiany mieszańcowej rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste, XIX*, 645-652.
146. Wielebski F., Wójtowicz M., 1994. Wpływ okresowych niedoborów wody przy zróżnicowanym nawożeniu azotowym na plon i zawartość glukozyolanów w nasionach rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste, XV(2)*., 27-34.
147. Wielebski F., Wójtowicz M., 2001. Wpływ gęstości siewu na plon nasion oraz cechy morfologiczne i elementy struktury plonu odmian populacyjnych i mieszańcowych rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste XXII*, 349-362.
148. Wielebski F., Wójtowicz M., 2004. Wpływ czynników agrotechnicznych na skład nasion odmiany mieszańcowej z restorerowanej w porównaniu z odmianą populacyjną i odmianami mieszańcowymi złożonymi. *Rośliny Oleiste, XXV, 2*, 505-519.
149. Wojciechowski A., Cichy H., Weigt M., 2000. Wyniki obserwacji morfologicznych oraz analiz cytogenetycznych i chemicznych roślin o morfotypie rzepiku występujących na plantacjach rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste, XXI*, 237-247.
150. Woś H., Krzymański J., Ogrodowczyk M., 1999. Ocena zdolności kombinacyjnej linii CMS ogura rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste, XX*, 347-355.
151. Woś H., Węgrzyn S., Woś J., 1998. Ogólna zdolność kombinacyjna wybranych linii wsobnych i efekty heterozji mieszańców F1 rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste; XIX*, 379-387.

Tabele i wykresy

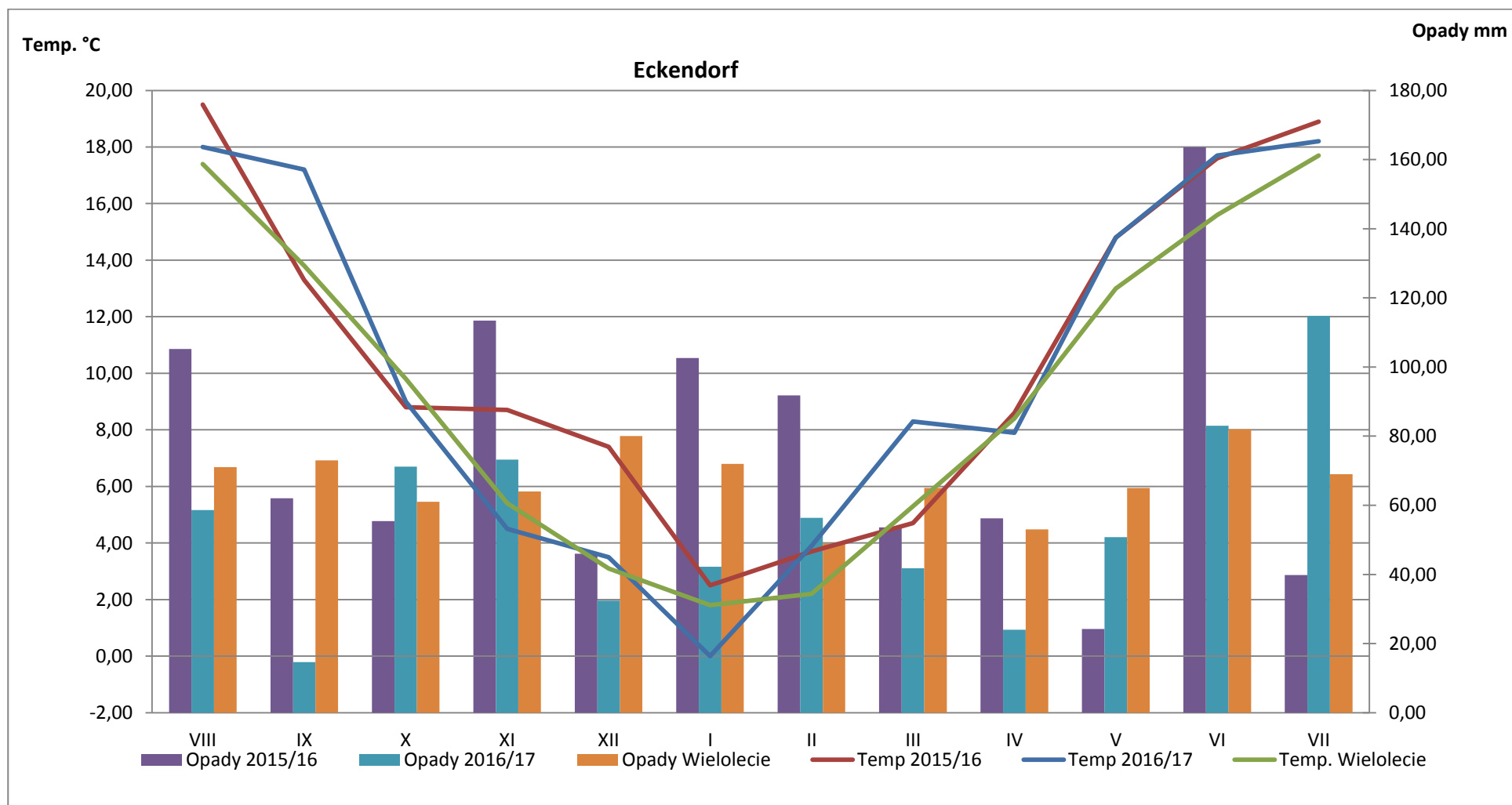
Rozkład opadów i temperatury w sezonie 2016/2017 w miejscowości Głubczyce na tle wielolecia.



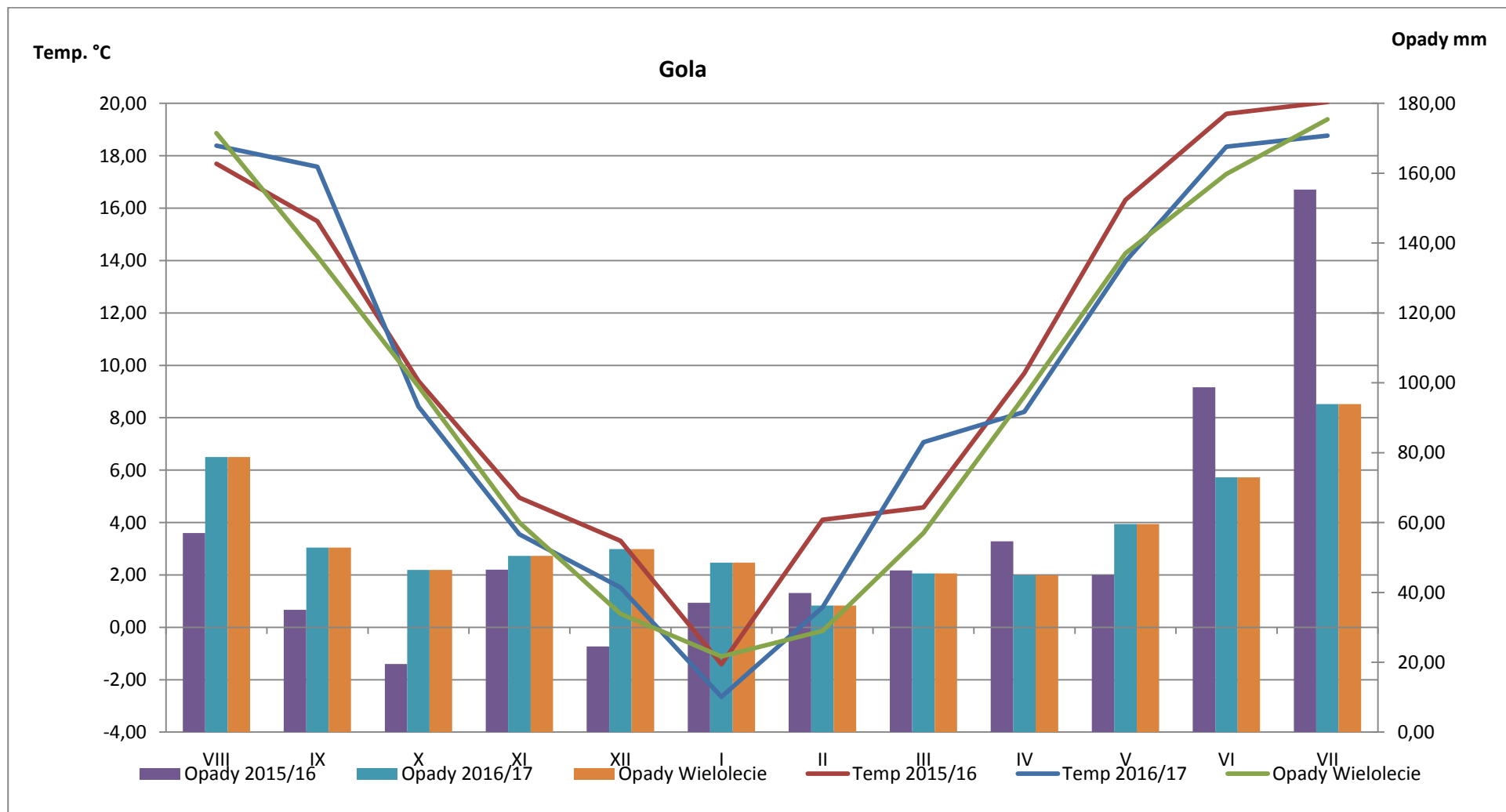
Rozkład opadów i temperatury w sezonach 2015/2016 i 2016/2017 w miejscowości Gołębin na tle wielolecia.



Rozkład opadów i temperatury w sezonach 2015/2016 i 2016/2017 w miejscowości Eckendorf na tle wielolecia.



Rozkład opadów i temperatury w sezonach 2015/2016 i 2016/2017 w miejscowości Gola na tle wielolecia.



Rozkład opadów i temperatury w sezonach 2015/2016 i 2016/2017 w miejscowości Malchow na tle wielolecia.

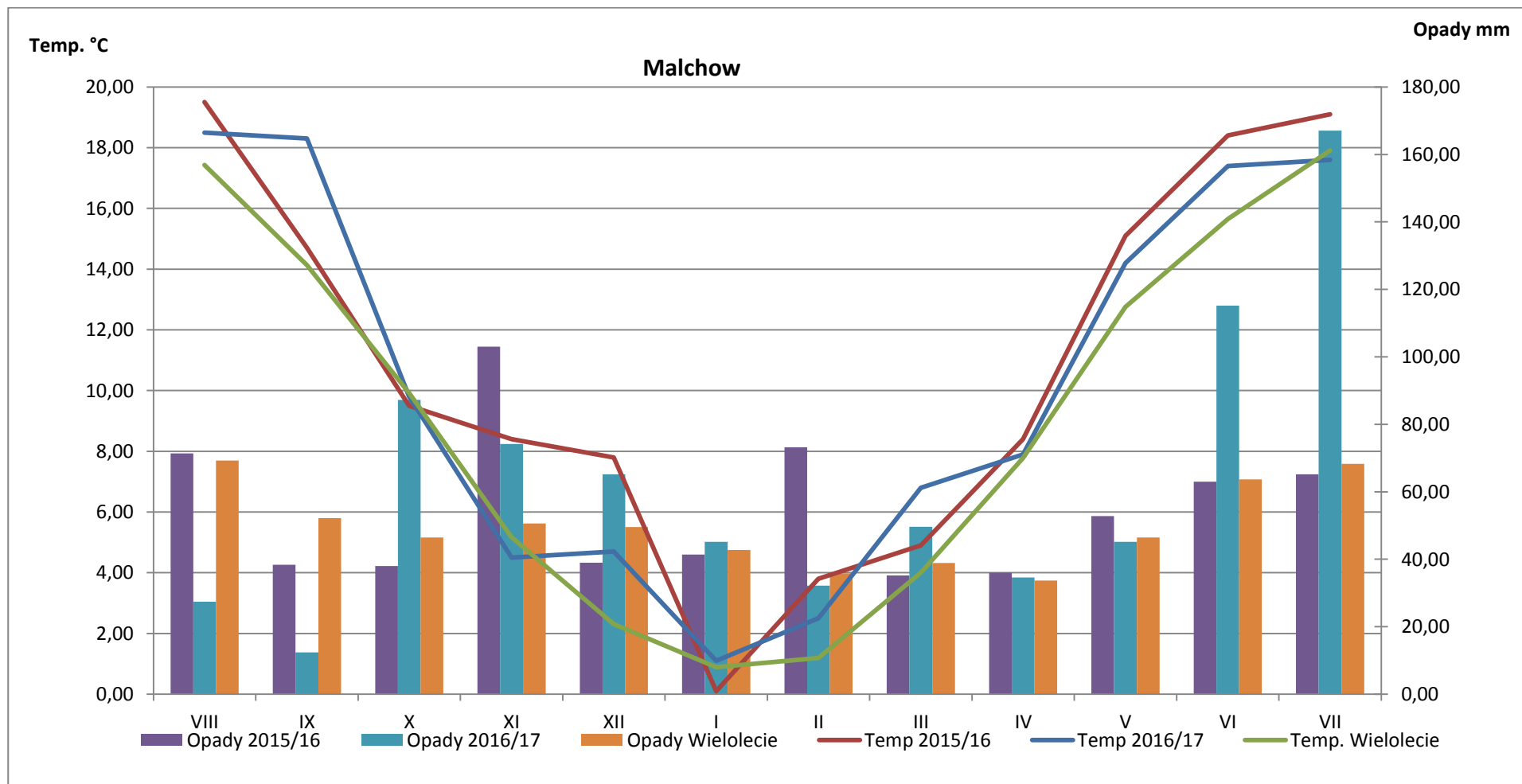


Tabela 1

Miesięczny rozkład opadów (mm) i temperatury (°C) w miejscowościach Malchow, Gola oraz Eckendorf w sezonach wegetacyjnych 2015/2016 i 2016/2017 wraz z średnimi wartościami wieloletnimi.

Malchow	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Opady 2015/16	71,40	38,40	38,00	103,00	39,00	41,40	73,20	35,20	36,00	52,80	63,00	65,20
Opady 2016/17	27,40	12,40	87,20	74,20	65,20	45,20	32,20	49,60	34,60	45,20	115,20	167,10
Opady Wielolecie	69,23	52,21	46,49	50,64	49,54	42,78	35,84	38,88	33,69	46,49	63,69	68,25
Temp 2015/16	19,50	14,70	9,50	8,40	7,80	0,10	3,80	4,90	8,40	15,10	18,40	19,10
Temp 2016/17	18,50	18,30	9,80	4,50	4,70	1,10	2,50	6,80	7,90	14,20	17,40	17,60
Temp. Wielolecie	17,43	14,14	9,92	5,17	2,31	0,89	1,19	4,00	7,78	12,75	15,65	17,91

Gola	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Opady 2015/16	57,00	35,00	19,50	46,50	24,50	37,00	39,80	46,30	54,60	45,00	98,70	155,30
Opady 2016/17	41,60	19,10	131,10	31,60	41,10	17,90	37,10	29,10	35,50	48,80	70,20	85,60
Opady Wielolecie	78,74	52,82	46,42	50,47	52,36	48,54	36,26	45,40	44,89	59,59	72,94	93,89
Temp 2015/16	17,70	15,50	9,40	4,95	3,30	-1,41	4,10	4,58	9,70	16,32	19,60	20,05
Temp 2016/17	18,38	17,58	8,43	3,55	1,52	-2,65	0,76	7,07	8,22	13,97	18,35	18,77
Temp. Wielolecie	18,87	14,16	9,19	4,00	0,52	-1,11	-0,14	3,60	8,81	14,28	17,30	19,40

Eckendorf	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Opady 2015/16	105,20	62,00	55,40	113,40	46,00	102,60	91,80	53,60	56,20	24,20	163,60	39,80
Opady 2016/17	58,60	14,60	71,20	73,20	32,40	42,20	56,40	41,80	24,00	50,80	83,00	114,80
Opady Wielolecie	71,00	73,00	61,00	64,00	80,00	72,00	49,00	65,00	53,00	65,00	82,00	69,00
Temp 2015/16	19,50	13,30	8,80	8,70	7,40	2,50	3,70	4,70	8,60	14,80	17,60	18,90
Temp 2016/17	18,00	17,20	9,00	4,50	3,50	-0,2	3,90	8,30	7,90	14,80	17,70	18,20
Temp. Wielolecie	17,40	13,80	9,80	5,40	3,10	1,80	2,20	5,30	8,40	13,00	15,60	17,70

Tabela 2

Miesięczny rozkład opadów (mm) i temperatury (°C) w miejscowościach Gołębin oraz Głubczyce w sezonach wegetacyjnych 2015/2016 i 2016/2017 wraz z średnimi wartościami wieloletnimi.

Gołębin	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Opady 2015/16	28,90	28,71	22,60	47,70	33,50	36,20	39,76	47,61	55,00	33,80	107,40	150,88
Opady 2016/17	45,51	15,03	104,34	37,81	45,45	15,48	39,25	34,74	38,30	37,90	56,03	105,50
Opady Wielolecie	82,55	56,07	49,92	53,00	56,41	50,91	38,43	48,28	48,08	63,57	78,96	100,49
Temp 2015/16	23,10	15,69	8,90	6,72	5,93	-1,06	4,07	4,60	9,32	15,86	19,18	20,25
Temp 2016/17	18,41	17,51	8,52	3,42	1,77	-2,60	0,92	7,19	8,20	14,20	18,49	19,00
Temp. Wielolecie	18,89	14,30	9,15	4,07	0,72	-1,03	0,08	3,89	8,80	14,18	17,28	19,38

Głubczyce	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Opady 2016/17	41,60	27,80	92,10	34,50	18,50	13,30	30,10	46,80	124,50	54,20	36,40	71,80
Opady Wielolecie	77,10	66,90	41,70	36,10	27,40	43,10	25,60	37,60	41,50	86,70	91,30	103,70
Temp 2016/17	18,30	16,40	8,10	4,10	0,70	-4,40	0,10	6,30	7,40	14,10	18,10	19,20
Temp Wielolecie	18,90	13,70	8,37	5,40	0,90	-1,20	-0,70	3,20	9,10	13,40	17,10	19,90

Tabela 3

Średnie kwadraty zmienności z analiz wariancji dla plonu nasion z poszczególnych doświadczeń 1371-1375.

źródło zmienności	liczba stopni swobody	1371	1372	1373	1374	1375
Linie DH	35	58,60**	50,54**	46,13**	40,66**	27,73**
Miejscowość	3	1086,29**	1497,47**	1123,20**	1503,65**	2310,23**
Linia x Miejscowość	105	11,45	7,57	8,22	9,85	5,64
Odchylenie standardowe		6,34	5,56	5,47	5,12	6,00
r ²		0,69	0,76	0,73	0,79	0,77
h ²		0,70	0,76	0,73	0,79	0,76

Tabela 4

Plony linii podwojonych haploidów i odmian wzorcowych [dt/ha] w doświadczeniu 1371 w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią plonu z miejscowości oraz relatywny plon nasion w porównaniu do średniego plonu odmian wzorcowych.

Nr. doświadczenia	Numer obiektu	Nazwa linii DH	Malchow plon nasion [dt/ha]	Hovedissen plon nasion [dt/ha]	Gola plon nasion [dt/ha]	Gołębin plon nasion [dt/ha]	Średnia plonu nasion linii w miejscowościach [dt/ha]	Procent średniej odmian wzorcowych [%]
1371	1	15 74 13-80035	66,39	54,70	63,84	48,88	63,54	106,93
1371	2	15 74 13-80043	59,80	57,82	51,88	48,46	59,58	100,26
1371	3	15 74 13-80051	55,22	49,57	61,26	46,08	58,12	97,80
1371	4	15 74 13-80121	56,53	58,19	56,72	49,13	60,23	101,36
1371	5	15 74 13-80148	45,96	58,48	44,45	47,57	54,20	91,22
1371	6	15 74 13-80167	51,85	71,16	59,59	32,56	58,87	99,08
1371	7	15 74 13-80172	59,50	55,02	52,66	34,58	55,53	93,45
1371	8	15 74 13-80187	58,05	64,84	42,04	51,21	59,12	99,50
1371	9	15 74 13-80215	64,21	58,04	61,78	53,94	64,58	108,69
1371	10	15 74 13-80229	54,72	64,95	53,60	53,61	61,81	104,02
1371	11	15 74 13-80260	63,58	57,42	50,66	48,62	60,16	101,24
1371	12	15 74 13-80282	59,41	48,48	42,64	35,06	51,48	86,64
1371	13	15 74 13-80284	53,22	63,64	56,25	50,67	61,03	102,71
1371	14	15 74 13-80299	57,28	52,85	40,44	42,01	53,23	89,59
1371	15	15 74 13-80305	53,47	56,35	43,63	39,24	53,26	89,63
1371	16	15 74 13-80306	63,34	55,29	45,73	40,19	56,22	94,62
1371	17	15 74 13-80438	60,17	57,31	44,89	50,47	58,30	98,11
1371	18	15 74 13-80503	59,77	55,11	44,82	54,27	58,58	98,58
1371	19	15 74 13-80668	51,95	74,26	48,42	49,63	61,15	102,91

1371	20	15 74 13-80718	55,21	68,42	50,71	56,80	62,87	105,81
1371	21	15 74 13-80731	55,23	61,55	45,16	55,37	59,41	99,99
1371	22	15 74 13-80821	54,34	56,39	38,94	43,05	53,27	89,64
1371	23	15 74 13-80852	52,19	63,05	44,67	42,04	55,58	93,53
1371	24	15 74 13-80873	53,61	66,46	41,17	49,42	57,75	97,19
1371	25	15 74 13-80883	52,86	46,31	37,24	41,60	49,59	83,46
1371	26	15 74 13-80887	52,85	50,31	43,64	51,49	54,66	91,99
1371	27	15 74 13-80901	57,61	62,65	48,38	50,63	59,90	100,81
1371	28	15 74 13-80919	62,51	57,09	48,39	52,34	60,17	101,26
1371	29	15 74 13-80920	52,76	58,71	54,59	41,22	56,91	95,77
1371	30	15 74 13-80940	51,22	57,09	40,64	45,01	53,58	90,16
1371	31	15 74 13-80943	43,85	58,08	56,00	42,10	55,09	92,72
1371	32	15 74 13-80981	57,71	51,66	45,70	43,34	54,69	92,04
1371	33	15 74 13-80988	53,30	54,23	50,27	53,68	57,96	97,54
średnia linii w miejscowości			56,05	58,35	48,81	46,80	57,59	
1371	34	Arot	51,58	59,62	47,55	52,59	57,92	97,48
1371	35	ESValegro	53,56	47,60	46,72	57,25	56,37	94,87
1371	36	Trinity	80,44	73,26	45,70	50,83	63,97	107,65
średnia odmian wzorcowych			61,86	60,16	46,66	53,56	59,42	

NIR_{0,05} dla linii:

5,48

NIR_{0,05} dla miejscowości:

1,59

Tabela 5

Plony linii podwojonych haploidów i odmian wzorcowych [dt/ha] w doświadczeniu 1372 w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią plonu z miejscowości oraz relatywny plon nasion w porównaniu do średniej odmian wzorcowych.

Nr. doświadczenia	Numer obiektu	Nazwa linii DH	Malchow plon nasion [dt/ha]	Hovedissen plon nasion [dt/ha]	Gola plon nasion [dt/ha]	Gołębin plon nasion [dt/ha]	Średnia plonu nasion linii w miejscowościach [dt/ha]	Procent średniej odmian wzorcowych [%]
1372	1	15 74 13-80989	63,07	56,25	48,37	47,40	59,75	99,19
1372	2	15 74 13-80992	40,42	57,38	41,00	41,46	51,04	84,74
1372	3	15 74 13-81011	57,06	57,71	40,90	35,65	53,80	89,33
1372	4	15 74 13-81024	62,97	61,11	52,11	42,94	60,76	100,87
1372	5	15 74 13-81030	59,22	57,82	48,50	42,33	57,94	96,20
1372	6	15 74 13-81076	60,83	57,06	41,78	41,85	56,35	93,56
1372	7	15 74 13-81085	58,85	54,51	50,95	47,05	58,81	97,65
1372	8	15 74 13-81097	60,39	54,41	41,72	45,54	56,49	93,79
1372	9	15 74 13-81099	55,15	57,77	43,88	43,22	55,98	92,94
1372	10	15 74 13-81130	59,19	66,12	49,56	46,15	61,23	101,65
1372	11	15 74 13-81133	52,56	56,71	48,45	45,59	56,80	94,30
1372	12	15 74 13-81154	52,92	56,61	44,40	39,99	54,45	90,40
1372	13	15 74 13-81177	63,84	55,10	46,91	55,01	61,19	101,59
1372	14	15 74 13-81178	43,83	52,41	42,99	37,98	50,28	83,47
1372	15	15 74 13-81186	52,10	46,18	50,38	39,07	52,91	87,84
1372	16	15 74 13-81193	60,66	55,10	47,17	43,33	57,54	95,53
1372	17	15 74 13-81218	53,46	56,71	45,28	42,72	55,52	92,17
1372	18	15 74 13-81233	52,82	56,71	43,88	44,09	55,35	91,90
1372	19	15 74 13-81240	51,41	64,11	48,78	42,31	57,62	95,67

1372	20	15 74 13-81247	45,46	56,71	50,49	41,81	54,59	90,64
1372	21	15 74 13-81264	51,40	54,96	55,29	44,09	57,41	95,31
1372	22	15 74 13-81277	56,50	59,34	49,48	47,41	59,15	98,21
1372	23	15 74 13-81282	60,46	56,25	52,36	46,71	59,92	99,48
1372	24	15 74 13-81319	60,65	43,61	39,36	41,94	52,36	86,94
1372	25	15 74 13-81323	55,39	56,71	51,61	42,21	57,45	95,39
1372	26	15 74 13-81327	60,37	78,59	54,85	44,26	65,49	108,73
1372	27	15 74 13-81354	55,95	52,78	44,26	52,87	57,44	95,37
1372	28	15 74 13-81366	44,75	56,71	51,14	43,63	55,03	91,37
1372	29	15 74 13-81368	61,56	55,11	51,17	37,90	57,41	95,31
1372	30	15 74 13-81377	44,01	55,84	52,19	45,96	55,47	92,10
1372	31	15 74 13-81393	51,72	56,71	42,29	29,35	50,99	84,66
1372	32	15 74 13-81415	57,27	57,49	53,25	40,38	58,07	96,41
1372	33	15 74 13-81419	60,72	56,71	49,42	32,78	55,88	92,78
średnia linii w miejscowości			55,36	56,89	47,70	42,88	56,68	
1372	34	Arot	57,00	66,37	51,93	41,59	60,20	99,94
1372	35	ESValegro	60,45	55,54	51,33	43,21	58,61	97,30
1372	36	Trinity	75,81	63,07	56,36	46,62	61,89	102,76
średnia odmian wzorcowych			64,42	61,66	53,21	43,81	60,23	

NIR_{0,05} dla linii:

4,45

NIR_{0,05} dla miejscowości:

1,28

Tabela 6

Plony linii podwojonych haploidów i odmian wzorcowych [dt/ha] w doświadczeniu 1373 w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią plonu z miejscowości oraz relatywny plon nasion w porównaniu do średniej odmian wzorcowych.

Nr. doświadczenia	Numer obiektu	Nazwa linii DH	Malchow plon nasion [dt/ha]	Hovedissen plon nasion [dt/ha]	Gola plon nasion [dt/ha]	Gołębin plon nasion [dt/ha]	Średnia plonu nasion linii w miejscowościach [dt/ha]	Procent średniej odmian wzorcowych [%]
1373	1	15 74 13-81436	57,56	51,46	45,43	42,32	54,37	94,00
1373	2	15 74 13-81459	44,16	55,58	42,28	40,16	50,72	87,69
1373	3	15 74 13-84001	68,53	66,84	50,38	50,44	64,22	111,04
1373	4	15 74 13-84005	60,00	56,84	45,60	47,09	57,55	99,52
1373	5	15 74 13-84027	70,85	66,35	49,44	48,32	63,91	110,51
1373	6	15 74 13-84038	56,82	66,80	48,64	49,86	60,70	104,96
1373	7	15 74 13-84081	49,50	60,77	45,94	49,52	56,61	97,87
1373	8	15 74 13-84093	56,34	58,95	49,45	43,00	57,11	98,74
1373	9	15 74 13-84208	47,32	58,03	49,48	41,04	54,14	93,61
1373	10	15 74 13-84227	57,05	53,86	49,61	45,68	56,72	98,08
1373	11	15 74 13-84233	53,88	56,84	46,70	37,27	53,85	93,10
1373	12	15 74 13-84242	59,99	55,70	50,66	47,36	58,60	101,32
1373	13	15 74 13-84255	54,85	56,24	51,37	48,66	57,95	100,20
1373	14	15 74 13-84263	52,03	47,72	43,92	40,03	51,10	88,35
1373	15	15 74 13-84372	66,51	56,84	49,93	43,98	59,49	102,86
1373	16	15 74 13-84408	53,72	65,05	45,94	44,38	57,44	99,33
1373	17	15 74 13-84508	57,49	56,84	38,56	48,41	55,50	95,96
1373	18	15 74 13-84521	53,36	56,84	46,82	39,27	54,25	93,80
1373	19	15 74 13-84527	53,02	55,89	52,80	47,74	57,54	99,49

1373	20	15 74 13-84537	57,36	56,84	51,47	49,17	58,88	101,81
1373	21	15 74 13-84573	52,04	57,84	50,31	49,05	57,48	99,39
1373	22	15 74 13-84575	56,26	55,88	52,65	51,70	59,29	102,52
1373	23	15 74 13-84579	56,39	56,34	51,20	46,24	57,71	99,79
1373	24	15 74 13-84586	48,22	80,77	38,95	49,46	59,52	102,91
1373	25	15 74 13-84588	52,74	56,84	50,68	48,77	57,43	99,30
1373	26	15 74 13-84590	53,48	32,92	52,08	40,53	49,92	86,32
1373	27	15 74 13-84593	65,14	66,91	47,07	48,62	62,10	107,38
1373	28	15 74 13-84599	61,26	48,63	51,52	48,90	57,75	99,85
1373	29	15 74 13-84602	53,89	56,58	51,30	48,18	57,66	99,70
1373	30	15 74 13-84608	45,03	55,33	49,50	43,09	53,41	92,35
1373	31	15 74 13-84610	66,66	56,84	54,06	52,40	62,66	108,34
1373	32	15 74 13-84630	56,63	55,28	50,75	46,76	57,53	99,47
1373	33	15 74 13-84634	47,51	59,37	49,45	38,92	53,99	93,35
średnia linii w miejscowości			55,93	57,57	48,60	45,95	57,19	
1373	34	Arot	53,09	61,30	54,09	40,11	57,32	99,11
1373	35	ESValegro	55,73	64,01	51,10	48,62	60,04	103,81
1373	36	Trinity	68,53	59,10	48,31	48,62	56,15	97,08
średnia odmian wzorcowych			59,12	61,47	51,17	45,78	57,84	

NIR_{0,05} dla linii:

4,64

NIR_{0,05} dla miejscowości:

1,34

Tabela 7

Plony linii podwojonych haploidów i odmian wzorcowych [dt/ha] w doświadczeniu 1374 w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią plonu z miejscowości oraz relatywny plon nasion w porównaniu do średniej odmian wzorcowych.

Nr. doświadczenia	Numer obiektu	Nazwa linii DH	Malchow plon nasion [dt/ha]	Hovedissen plon nasion [dt/ha]	Gola plon nasion [dt/ha]	Gołębin plon nasion [dt/ha]	Średnia plonu nasion linii w miejscowościach [%]	Procent średniej odmian wzorcowych [%]
1374	1	15 74 13-84649	55,78	54,40	44,28	49,18	56,90	98,62
1374	2	15 74 13-84653	76,48	65,39	47,87	49,71	65,85	114,13
1374	3	15 74 13-84662	55,54	57,68	59,62	47,46	61,06	105,84
1374	4	15 74 13-84666	55,47	56,54	46,23	51,03	58,30	101,06
1374	5	15 74 13-84687	59,67	67,30	49,54	48,24	62,17	107,77
1374	6	15 74 13-84700	64,25	63,14	39,42	51,17	60,48	104,83
1374	7	15 74 13-84701	45,50	45,54	50,81	47,61	53,35	92,48
1374	8	15 74 13-84702	56,80	53,02	46,11	51,03	57,73	100,06
1374	9	15 74 13-84703	56,17	56,10	48,53	49,14	58,47	101,35
1374	10	15 74 13-84704	61,81	58,46	46,58	55,44	61,56	106,70
1374	11	15 74 13-84714	55,17	56,54	44,30	52,75	58,17	100,84
1374	12	15 74 13-84738	55,52	55,37	50,34	51,94	59,28	102,75
1374	13	15 74 13-84745	54,03	54,47	37,87	47,64	54,48	94,44
1374	14	15 74 13-84753	53,38	56,54	47,46	49,71	57,76	100,12
1374	15	15 74 13-84766	53,04	56,54	39,52	39,96	53,25	92,30
1374	16	15 74 13-84783	55,04	56,82	36,59	51,34	55,93	96,95
1374	17	15 74 13-84820	56,23	62,91	37,75	48,86	57,42	99,53
1374	18	15 74 13-84829	56,82	60,13	48,25	48,76	59,47	103,09
1374	19	15 74 13-84838	55,96	58,49	49,38	49,66	59,36	102,89
1374	20	15 74 13-84847	56,06	64,89	47,51	48,15	60,14	104,24

1374	21	15 74 13-84859	63,78	66,00	47,02	49,07	62,45	108,25
1374	22	15 74 13-84865	55,78	66,63	42,98	45,89	58,81	101,93
1374	23	15 74 13-84873	55,73	67,28	48,07	46,59	60,40	104,70
1374	24	15 74 13-84889	58,90	73,04	43,76	55,37	63,75	110,50
1374	25	15 74 13-84897	68,42	56,54	45,97	52,42	61,82	107,16
1374	26	15 74 13-84907	65,22	67,32	45,42	47,64	62,38	108,13
1374	27	15 74 13-84949	55,78	68,64	47,83	49,08	61,32	106,28
1374	28	15 74 13-84976	55,18	56,54	46,97	50,51	58,28	101,03
1374	29	15 74 13-85000	47,94	57,59	38,33	51,03	54,71	94,82
1374	30	15 74 13-85023	56,36	57,14	47,82	47,76	58,25	100,97
1374	31	15 74 13-85026	73,60	56,54	48,62	58,39	65,27	113,14
1374	32	15 74 13-85033	60,02	63,95	39,07	49,79	59,19	102,60
1374	33	15 74 13-85038	63,87	56,54	42,21	48,89	58,86	102,03
średnia linii w miejscowości			58,16	59,82	45,52	49,73	59,29	
1374	34	Arot	47,88	63,98	50,88	45,00	57,92	100,40
1374	35	ESValegro	46,87	57,44	47,14	48,44	55,96	97,00
1374	36	Trinity	73,54	63,98	51,47	51,86	59,20	102,61
średnia odmian wzorcowych			56,10	61,80	49,83	48,44	57,69	

NIR_{0,05} dla linii:

5,08

NIR_{0,05} dla miejscowości:

1,45

Tabela 8

Plony linii podwojonych haploidów i odmian wzorcowych [dt/ha] w doświadczeniu 1375 w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią plonu z miejscowości oraz relatywny plon nasion w porównaniu do średniej odmian wzorcowych.

Nr. doświadczenia	Numer obiektu	Nazwa linii DH	Malchow plon nasion [dt/ha]	Hovedissen plon nasion [dt/ha]	Gola plon nasion [dt/ha]	Gołębin plon nasion [dt/ha]	Średnia plonu nasion linii w miejscowościach [dt/ha]	Procent średniej odmian wzorcowych [%]
1375	1	15 74 13-85040	61,26	70,34	46,78	42,56	62,65	103,49
1375	2	15 74 13-85069	59,78	64,01	48,35	45,74	61,89	102,22
1375	3	15 74 13-85073	64,73	60,79	41,68	38,14	58,75	97,05
1375	4	15 74 13-85086	52,23	63,03	53,71	44,66	60,83	100,47
1375	5	15 74 13-85168	70,05	61,61	50,12	42,78	63,56	104,98
1375	6	15 74 13-85187	53,57	76,23	46,06	44,10	62,41	103,08
1375	7	15 74 13-85201	59,62	63,03	42,00	50,75	61,27	101,20
1375	8	15 74 13-85208	51,31	67,36	47,75	46,01	60,52	99,97
1375	9	15 74 13-85213	53,65	58,78	43,40	42,92	57,11	94,33
1375	10	15 74 13-85236	49,38	63,19	49,22	48,08	59,88	98,92
1375	11	15 74 13-85260	59,52	53,84	46,84	48,85	59,68	98,58
1375	12	15 74 13-85272	52,77	53,15	42,10	50,46	57,04	94,22
1375	13	15 74 13-85330	52,69	62,06	43,65	43,27	57,84	95,53
1375	14	15 74 13-85436	60,89	70,07	38,71	49,07	62,10	102,58
1375	15	15 74 13-85446	60,96	63,03	48,28	45,54	61,87	102,20
1375	16	15 74 13-85523	52,74	64,26	35,91	45,21	56,95	94,07
1375	17	15 74 13-85526	53,49	63,03	49,42	41,66	59,32	97,98
1375	18	15 74 13-85532	51,23	70,98	49,98	43,89	61,44	101,48
1375	19	15 74 13-85564	56,19	62,56	49,36	47,41	61,30	101,25

1375	20	15 74 13-85571	52,20	73,56	48,97	42,40	61,70	101,91
1375	21	15 74 13-85578	63,71	61,29	50,71	44,91	62,58	103,36
1375	22	15 74 13-85583	56,76	63,53	50,46	52,63	63,27	104,50
1375	23	15 74 13-85590	68,81	62,79	49,29	47,59	64,54	106,60
1375	24	15 74 13-85593	53,68	70,82	49,99	48,63	63,20	104,39
1375	25	15 74 13-85594	60,05	63,03	49,12	43,46	61,34	101,31
1375	26	15 74 13-85596	59,47	61,05	45,08	49,80	61,27	101,20
1375	27	15 74 13-85597	48,51	53,79	38,32	38,77	52,27	86,33
1375	28	15 74 13-85600	56,85	63,03	49,47	47,73	61,69	101,90
1375	29	15 74 13-85612	61,23	63,79	48,93	51,19	63,71	105,23
1375	30	15 74 13-85617	66,18	63,05	48,84	47,92	63,92	105,57
1375	31	15 74 13-85619	58,81	57,13	50,62	44,03	60,07	99,22
1375	32	15 74 13-85693	52,60	56,21	51,87	41,78	58,03	95,86
1375	33	15 74 13-85713	53,05	63,03	47,78	43,56	59,27	97,91
średnia linii w miejscowości			57,21	63,26	47,05	45,62	60,70	
1375	34	Arot	50,16	71,21	50,96	44,11	61,53	101,64
1375	35	ESValegro	50,80	63,85	49,41	44,02	59,44	98,18
1375	36	Trinity	60,18	75,95	51,66	47,40	60,65	100,18
średnia odmian wzorcowych			53,71	70,34	50,68	45,18	60,54	

NIR_{0,05} dla linii:

3,85

NIR_{0,05} dla miejscowości:

1,11

Tabela 9

Zestawienie ocenianych cech, wraz z indeksem selekcyjnym oraz zdolnością kiełkowania linii badanych w doświadczeniu 1371.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osypywanie nasion z łuszczyn	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny
1371	1	15 74 13-80035	4,0	6,3	7,5	93,0	17,8
1371	2	15 74 13-80043	3,5	7,0	6,3	100,0	16,8
1371	3	15 74 13-80051	6,5	6,3	6,3	93,0	19,1
1371	4	15 74 13-80121	4,0	6,5	6,0	98,0	16,5
1371	5	15 74 13-80148	4,0	5,3	5,3	99,0	14,6
1371	6	15 74 13-80167	5,5	6,5	6,8	100,0	18,8
1371	7	15 74 13-80172	5,0	5,8	6,3	95,0	17,1
1371	8	15 74 13-80187	2,5	5,0	3,8	100,0	11,3
1371	9	15 74 13-80215	2,5	7,3	4,0	93,0	13,8
1371	10	15 74 13-80229	4,0	6,5	6,3	94,0	16,8
1371	11	15 74 13-80260	5,5	6,8	4,5	100,0	16,8
1371	12	15 74 13-80282	3,0	4,0	3,0	98,0	10,0
1371	13	15 74 13-80284	2,5	6,8	4,0	89,0	13,3
1371	14	15 74 13-80299	6,5	4,5	4,0	100,0	15,0
1371	15	15 74 13-80305	2,5	5,0	5,5	99,0	13,0
1371	16	15 74 13-80306	4,5	6,5	6,8	99,0	17,8
1371	17	15 74 13-80438	4,0	6,5	3,0	71,0	13,5
1371	18	15 74 13-80503	4,0	6,5	4,5	94,0	15,0
1371	19	15 74 13-80668	4,5	7,3	5,0	52,0	16,8
1371	20	15 74 13-80718	2,5	7,0	4,5	83,0	14,0
1371	21	15 74 13-80731	6,0	6,0	3,5	100,0	15,5
1371	22	15 74 13-80821	4,5	4,5	4,0	98,0	13,0
1371	23	15 74 13-80852	7,0	6,0	7,5	98,0	20,5
1371	24	15 74 13-80873	4,0	6,3	4,0	98,0	14,3
1371	25	15 74 13-80883	4,5	3,8	3,3	98,0	11,6
1371	26	15 74 13-80887	3,5	5,5	6,3	97,0	15,3
1371	27	15 74 13-80901	5,5	7,3	6,3	99,0	19,1
1371	28	15 74 13-80919	5,5	7,0	4,8	95,0	17,3
1371	29	15 74 13-80920	3,5	6,8	6,0	99,0	16,3

1371	30	15 74 13-80940	3,5	4,8	5,0	98,0	13,3
1371	31	15 74 13-80943	5,0	5,5	4,3	99,0	14,8
1371	32	15 74 13-80981	2,0	6,0	7,0	99,0	15,0
1371	33	15 74 13-80988	7,0	6,3	5,3	99,0	18,6
1371	34	Arot	4,5	6,0	4,5		15,0
1371	35	ESValegro	3,5	6,0	4,8		14,3
1371	36	Trinity	2,5	7,5	3,8		13,8
Średnia			4,3	6,1	5,1	95,6	
Średnia wzorców			3,5	6,5	4,3		
NIR _{0,05}			4,3	1,8	1,8		

Tabela 10

Zestawienie ocenianych cech wraz z indeksem selekcyjnym oraz zdolnością kiełkowania linii badanych w doświadczeniu 1372.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osypywanie nasion z łuszczyzn	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny
1372	1	15 74 13-80989	2,5	6,0	3,3	97,0	11,8
1372	2	15 74 13-80992	7,5	5,8	5,3	100,0	18,6
1372	3	15 74 13-81011	2,5	7,3	5,5	94,0	15,3
1372	4	15 74 13-81024	3,5	5,8	4,5	94,0	13,8
1372	5	15 74 13-81030	4,0	6,0	6,8	99,0	16,8
1372	6	15 74 13-81076	2,0	5,3	3,8	99,0	11,1
1372	7	15 74 13-81085	2,0	7,8	4,0	98,0	13,8
1372	8	15 74 13-81097	4,5	7,0	6,3	97,0	17,8
1372	9	15 74 13-81099	3,0	6,8	5,5	99,0	15,3
1372	10	15 74 13-81130	5,5	6,5	5,5	91,0	17,5
1372	11	15 74 13-81133	4,5	7,3	6,0	96,0	17,8
1372	12	15 74 13-81154	1,5	7,3	5,5	94,0	14,3
1372	13	15 74 13-81177	2,5	7,3	5,3	90,0	15,1
1372	14	15 74 13-81178	4,0	6,3	6,0	96,0	16,3
1372	15	15 74 13-81186	3,0	6,8	6,3	100,0	16,1
1372	16	15 74 13-81193	3,0	6,5	4,3	100,0	13,8
1372	17	15 74 13-81218	4,5	6,8	8,0	83,0	19,3
1372	18	15 74 13-81233	2,0	5,3	5,8	100,0	13,1
1372	19	15 74 13-81240	5,0	5,5	6,8	99,0	17,3
1372	20	15 74 13-81247	7,0	6,5	7,0	96,0	20,5
1372	21	15 74 13-81264	2,0	6,5	7,0	83,0	15,5
1372	22	15 74 13-81277	4,0	6,0	7,8	98,0	17,8
1372	23	15 74 13-81282	5,0	5,8	6,8	99,0	17,6
1372	24	15 74 13-81319	4,0	6,8	8,5	99,0	19,3
1372	25	15 74 13-81323	4,0	5,3	7,3	98,0	16,6
1372	26	15 74 13-81327	5,0	7,0	6,8	95,0	18,8
1372	27	15 74 13-81354	3,0	7,0	7,0	96,0	17,0
1372	28	15 74 13-81366	3,0	5,3	7,0	67,0	15,3
1372	29	15 74 13-81368	6,0	7,3	6,5	97,0	19,8

1372	30	15 74 13-81377	3,5	4,8	6,8	99,0	15,1
1372	31	15 74 13-81393	2,0	6,3	6,3	99,0	14,6
1372	32	15 74 13-81415	4,0	5,3	6,5	98,0	15,8
1372	33	15 74 13-81419	4,5	7,0	7,5	97,0	19,0
1372	34	Arot	3,0	6,3	6,0		15,3
1372	35	ESValegro	4,5	6,3	6,8		17,6
1372	36	Trinity	2,5	7,3	4,3		14,1
Średnia			3,7	6,4	6,1	96,0	
Średnia wzorców			3,3	6,6	5,7		
NIR _{0,05}			3,7	1,4	2,0		

Tabela 11

Zestawienie ocenianych cech wraz z indeksem selekcyjnym oraz zdolnością kiełkowania linii badanych w doświadczeniu 1373.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osywanie nasion z łuszczyń	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny
1373	1	15 74 13-81436	4,5	6,8	4,8	97,0	16,1
1373	2	15 74 13-81459	5,0	4,8	4,3	98,0	14,1
1373	3	15 74 13-84001	7,0	6,8	5,5	95,0	19,3
1373	4	15 74 13-84005	2,0	5,3	4,3	97,0	11,6
1373	5	15 74 13-84027	5,0	6,8	3,5	58,0	15,3
1373	6	15 74 13-84038	4,0	5,8	5,8	84,0	15,6
1373	7	15 74 13-84081	5,0	6,0	7,5	96,0	18,5
1373	8	15 74 13-84093	5,0	5,3	7,8	97,0	18,1
1373	9	15 74 13-84208	6,0	5,3	7,3	96,0	18,6
1373	10	15 74 13-84227	5,0	6,5	7,8	98,0	19,3
1373	11	15 74 13-84233	3,0	5,5	5,8	99,0	14,3
1373	12	15 74 13-84242	5,5	6,0	6,0	98,0	17,5
1373	13	15 74 13-84255	3,5	6,5	7,8	96,0	17,8
1373	14	15 74 13-84263	4,0	5,0	7,5	98,0	16,5
1373	15	15 74 13-84372	5,5	6,3	7,8	100,0	19,6
1373	16	15 74 13-84408	3,5	5,8	6,8	99,0	16,1
1373	17	15 74 13-84508	3,5	6,5	6,0	98,0	16,0
1373	18	15 74 13-84521	7,0	6,3	5,3	100,0	18,6
1373	19	15 74 13-84527	4,0	5,0	4,0	83,0	13,0
1373	20	15 74 13-84537	4,5	6,8	7,0	100,0	18,3
1373	21	15 74 13-84573	6,0	6,5	6,5	97,0	19,0
1373	22	15 74 13-84575	4,5	6,8	5,8	98,0	17,1
1373	23	15 74 13-84579	3,5	6,8	7,3	100,0	17,6
1373	24	15 74 13-84586	5,0	6,3	6,8	98,0	18,1
1373	25	15 74 13-84588	6,0	6,5	6,3	99,0	18,8
1373	26	15 74 13-84590	4,5	6,8	6,5	98,0	17,8
1373	27	15 74 13-84593	4,5	5,8	6,0	94,0	16,3
1373	28	15 74 13-84599	3,5	6,3	4,5	98,0	14,3
1373	29	15 74 13-84602	5,5	7,5	6,8	98,0	19,8
1373	30	15 74 13-84608	3,5	6,0	6,0	100,0	15,5

1373	31	15 74 13-84610	5,5	7,5	7,3	99,0	20,3
1373	32	15 74 13-84630	4,5	5,8	6,5	100,0	16,8
1373	33	15 74 13-84634	3,0	4,8	7,8	99,0	15,6
1373	34	Arot	4,0	6,3	6,0		16,3
1373	35	ESValegro	3,5	5,8	4,3		13,6
1373	36	Trinity	3,5	6,5	3,5		13,5
Średnia			4,5	6,1	6,1	96,0	
Średnia wzorców			3,7	6,2	4,6		
NIR _{0,05}			4,3	1,8	1,8		

Tabela 12

Zestawienie ocenianych cech wraz z indeksem selekcyjnym oraz zdolnością kiełkowania linii badanych w doświadczeniu 1374.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osypanie nasion z fuszczyn	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny
1374	1	15 74 13-84649	5,5	5,5	7,0	99,0	18,0
1374	2	15 74 13-84653	3,5	7,3	8,3	99,0	19,1
1374	3	15 74 13-84662	3,5	6,0	8,0	94,0	17,5
1374	4	15 74 13-84666	3,5	5,8	5,3	100,0	14,6
1374	5	15 74 13-84687	8,0	6,3	8,8	92,0	23,1
1374	6	15 74 13-84700	6,0	7,0	7,3	100,0	20,3
1374	7	15 74 13-84701	3,0	4,8	6,3	97,0	14,1
1374	8	15 74 13-84702	5,5	5,8	6,3	100,0	17,6
1374	9	15 74 13-84703	2,5	5,0	5,3	99,0	12,8
1374	10	15 74 13-84704	7,5	5,8	7,5	80,0	20,8
1374	11	15 74 13-84714	7,5	6,8	8,5	91,0	22,8
1374	12	15 74 13-84738	3,0	7,0	7,5	100,0	17,5
1374	13	15 74 13-84745	6,5	5,0	7,8	87,0	19,3
1374	14	15 74 13-84753	5,0	5,5	7,5	100,0	18,0
1374	15	15 74 13-84766	6,5	6,5	8,5	91,0	21,5
1374	16	15 74 13-84783	5,0	6,3	4,8	98,0	16,1
1374	17	15 74 13-84820	7,0	5,0	4,5	99,0	16,5
1374	18	15 74 13-84829	5,0	7,0	8,0	99,0	20,0
1374	19	15 74 13-84838	7,5	8,0	8,5	100,0	24,0
1374	20	15 74 13-84847	6,0	4,8	5,8	95,0	16,6
1374	21	15 74 13-84859	7,0	6,8	6,5	95,0	20,3
1374	22	15 74 13-84865	7,5	6,5	7,0	100,0	21,0
1374	23	15 74 13-84873	5,0	4,8	5,3	100,0	15,1
1374	24	15 74 13-84889	7,5	5,3	5,3	93,0	18,1
1374	25	15 74 13-84897	6,0	6,5	7,5	91,0	20,0
1374	26	15 74 13-84907	6,5	6,5	7,3	94,0	20,3
1374	27	15 74 13-84949	7,0	5,3	6,0	95,0	18,3
1374	28	15 74 13-84976	8,5	4,8	7,0	100,0	20,3
1374	29	15 74 13-85000	5,0	5,3	7,3	95,0	17,6
1374	30	15 74 13-85023	6,0	5,3	6,0	99,0	17,3

1374	31	15 74 13-85026	3,5	7,3	7,5	100,0	18,3
1374	32	15 74 13-85033	7,5	6,8	8,5	99,0	22,8
1374	33	15 74 13-85038	4,0	7,3	6,5	98,0	17,8
1374	34	Arot	2,5	6,0	4,8		13,3
1374	35	ESValegro	3,5	5,5	5,8		14,8
1374	36	Trinity	2,0	7,3	2,8		12,1
Średnia			5,4	6,0	6,7	98,2	
Średnia wzorców			2,7	6,3	4,4		
NIR _{0,05}			4,3	1,8	1,8		

Tabela 13

Zestawienie ocenianych cech wraz z indeksem selekcyjnym oraz zdolnością kiełkowania linii badanych w doświadczeniu 1375.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osypywanie nasion z łuszczyń	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny
1375	1	15 74 13-85040	6,5	6,8	7,3	91,0	20,6
1375	2	15 74 13-85069	4,5	7,3	6,3	87,0	18,1
1375	3	15 74 13-85073	4,5	6,0	7,8	86,0	18,3
1375	4	15 74 13-85086	3,5	6,0	5,0	89,0	14,5
1375	5	15 74 13-85168	6,0	6,8	7,5	81,0	20,3
1375	6	15 74 13-85187	5,0	6,3	6,8	92,0	18,1
1375	7	15 74 13-85201	6,0	6,3	6,3	76,0	18,6
1375	8	15 74 13-85208	2,5	7,0	7,3	93,0	16,8
1375	9	15 74 13-85213	3,0	7,0	7,3	97,0	17,3
1375	10	15 74 13-85236	3,5	7,3	4,5	99,0	15,3
1375	11	15 74 13-85260	2,0	5,5	6,8	97,0	14,3
1375	12	15 74 13-85272	4,5	5,8	6,5	96,0	16,8
1375	13	15 74 13-85330	2,5	7,3	6,8	87,0	16,6
1375	14	15 74 13-85436	7,0	6,5	5,8	93,0	19,3
1375	15	15 74 13-85446	4,0	4,3	6,3	90,0	14,6
1375	16	15 74 13-85523	6,0	6,0	5,5	98,0	17,5
1375	17	15 74 13-85526	8,0	7,5	7,8	100,0	23,3
1375	18	15 74 13-85532	3,5	7,3	6,8	87,0	17,6
1375	19	15 74 13-85564	2,0	8,0	6,5	92,0	16,5
1375	20	15 74 13-85571	4,5	7,0	6,5	90,0	18,0
1375	21	15 74 13-85578	3,0	6,0	4,0	87,0	13,0
1375	22	15 74 13-85583	4,5	7,8	5,0	94,0	17,3
1375	23	15 74 13-85590	4,5	7,0	6,5	85,0	18,0
1375	24	15 74 13-85593	3,0	5,0	5,0	90,0	13,0
1375	25	15 74 13-85594	4,0	6,3	6,0	89,0	16,3
1375	26	15 74 13-85596	4,5	6,3	5,8	78,0	16,6
1375	27	15 74 13-85597	3,0	6,0	7,3	96,0	16,3

1375	28	15 74 13-85600	5,0	6,8	5,8	54,0	17,6
1375	29	15 74 13-85612	5,5	6,8	6,5	89,0	18,8
1375	30	15 74 13-85617	5,5	7,5	5,8	98,0	18,8
1375	31	15 74 13-85619	3,5	7,8	5,8	93,0	17,1
1375	32	15 74 13-85693	5,0	6,5	8,0	97,0	19,5
1375	33	15 74 13-85713	5,0	5,0	5,0	100,0	15,0
1375	34	Arot	2,5	6,5	4,5		13,5
1375	35	ESValegro	4,0	6,3	4,8		15,1
1375	36	Trinity	2,5	6,8	3,5		12,8

Średnia 4,3 6,5 6,1 92,8

Średnia wzorców 3,0 6,5 4,3

NIR_{0,05} 4,3 1,8 1,8

Tabela 14

Zbiornicze wyniki z ocen bonitacyjnych i ich średnie, zdolności kiełkowania, oraz średnie plonu nasion z doświadczeń 1371-1375.

Nr. Doświadczenia	Nr. linii DH	Nazwa linii / wzorca	Osypywanie nasion z łuszczyzn	Potencjał linii ojcowskiej	Porażenie przez choroby przed zbiorem	Zdolność kiełkowania	Indeks selekcyjny	Średnia
1374	2	15 74 13-84653	3,5	7,3	8,3	99,0	19,1	65,85
1372	26	15 74 13-81327	5,0	7,0	6,8	95,0	18,8	65,49
1374	31	15 74 13-85026	3,5	7,3	7,5	100,0	18,3	65,27
1371	9	15 74 13-80215	2,5	7,3	4,0	93,0	13,8	64,58
1375	23	15 74 13-85590	4,5	7,0	6,5	85,0	18,0	64,54
1373	3	15 74 13-84001	7,0	6,8	5,5	95,0	19,3	64,22
1371	36	Trinity	2,5	7,5	3,8		13,8	63,97
1375	30	15 74 13-85617	5,5	7,5	5,8	89,0	18,8	63,92
1373	5	15 74 13-84027	5,0	6,8	3,5	58,0	15,3	63,91
1374	24	15 74 13-84889	7,5	5,3	5,3	93,0	18,1	63,75
1375	29	15 74 13-85612	5,5	6,8	6,5	98,0	18,8	63,71
1375	5	15 74 13-85168	6,0	6,8	7,5	81,0	20,3	63,56
1371	1	15 74 13-80035	4,0	6,3	7,5	93,0	17,8	63,54
1375	22	15 74 13-85583	4,5	7,8	5,0	94,0	17,3	63,27
1375	24	15 74 13-85593	3,0	5,0	5,0	90,0	13,0	63,20
1371	20	15 74 13-80718	2,5	7,0	4,5	83,0	14,0	62,87
1373	31	15 74 13-84610	5,5	7,5	7,3	99,0	20,3	62,66
1375	1	15 74 13-85040	6,5	6,8	7,3	91,0	20,6	62,65
1375	21	15 74 13-85578	3,0	6,0	4,0	87,0	13,0	62,58
1374	21	15 74 13-84859	7,0	6,8	6,5	95,0	20,3	62,45
1375	6	15 74 13-85187	5,0	6,3	6,8	92,0	18,1	62,41
1374	26	15 74 13-84907	6,5	6,5	7,3	94,0	20,3	62,38
1374	5	15 74 13-84687	8,0	6,3	8,8	92,0	23,1	62,17
1375	14	15 74 13-85436	7,0	6,5	5,8	93,0	19,3	62,10
1373	27	15 74 13-84593	4,5	5,8	6,0	94,0	16,3	62,10
1372	36	Trinity	2,5	7,3	4,3		14,1	61,89
1375	2	15 74 13-85069	4,5	7,3	6,3	87,0	18,1	61,89
1375	15	15 74 13-85446	4,0	4,3	6,3	90,0	14,6	61,87
1374	25	15 74 13-84897	6,0	6,5	7,5	91,0	20,0	61,82

1371	10	15 74 13-80229	4,0	6,5	6,3	94,0	16,8	61,81
1375	20	15 74 13-85571	4,5	7,0	6,5	90,0	18,0	61,70
1375	28	15 74 13-85600	5,0	6,8	5,8	54,0	17,6	61,69
1374	10	15 74 13-84704	7,5	5,8	7,5	80,0	20,8	61,56
1375	34	Arot	2,5	6,5	4,5		13,5	61,53
1375	18	15 74 13-85532	3,5	7,3	6,8	87,0	17,6	61,44
1375	25	15 74 13-85594	4,0	6,3	6,0	89,0	16,3	61,34
1374	6	15 74 13-84700	7,0	5,3	6,0	95,0	18,3	60,48
1375	19	15 74 13-85564	2,0	8,0	6,5	92,0	16,5	61,30
1375	7	15 74 13-85201	6,0	6,3	6,3	76,0	18,6	61,27
1375	26	15 74 13-85596	4,5	6,3	5,8	78,0	16,6	61,27
1372	10	15 74 13-81130	5,5	6,5	5,5	91,0	17,5	61,23
1372	13	15 74 13-81177	2,5	7,3	5,3	90,0	15,1	61,19
1371	19	15 74 13-80668	4,5	7,3	5,0	52,0	16,8	61,15
1374	3	15 74 13-84662	3,5	6,0	8,0	94,0	17,5	61,06
1371	13	15 74 13-80284	2,5	6,8	4,0	89,0	13,3	61,03
1375	4	15 74 13-85086	3,5	6,0	5,0	89,0	14,5	60,83
1372	4	15 74 13-81024	3,5	5,8	4,5	94,0	13,8	60,76
1373	6	15 74 13-84038	4,0	5,8	5,8	84,0	15,6	60,70
1375	36	Trinity	2,5	6,8	3,5		12,8	60,65
1375	8	15 74 13-85208	2,5	7,0	7,3	93,0	16,8	60,52
1374	27	15 74 13-84949	6,0	7,0	7,3	100,0	20,3	61,32
1374	23	15 74 13-84873	5,0	4,8	5,3	100,0	15,1	60,40
1371	4	15 74 13-80121	4,0	6,5	6,0	98,0	16,5	60,23
1372	34	Arot	3,0	6,3	6,0		15,3	60,20
1371	28	15 74 13-80919	5,5	7,0	4,8	95,0	17,3	60,17
1371	11	15 74 13-80260	5,5	6,8	4,5	100,0	16,8	60,16
1374	20	15 74 13-84847	6,0	4,8	5,8	95,0	16,6	60,14
1375	31	15 74 13-85619	3,5	7,8	5,8	93,0	17,1	60,07
1373	35	ESValegro	3,5	5,8	4,3		13,6	60,04
1372	23	15 74 13-81282	5,0	5,8	6,8	99,0	17,6	59,92
1371	27	15 74 13-80901	5,5	7,3	6,3	99,0	19,1	59,90
1375	10	15 74 13-85236	3,5	7,3	4,5	99,0	15,3	59,88
1372	1	15 74 13-80989	2,5	6,0	3,3	97,0	11,8	59,75
1375	11	15 74 13-85260	2,0	5,5	6,8	97,0	14,3	59,68
1371	2	15 74 13-80043	3,5	7,0	6,3	100,0	16,8	59,58
1373	24	15 74 13-84586	5,0	6,3	6,8	98,0	18,1	59,52
1373	15	15 74 13-84372	5,5	6,3	7,8	100,0	19,6	59,49
1374	18	15 74 13-84829	5,0	7,0	8,0	99,0	20,0	59,47
1375	35	ESValegro	4,0	6,3	4,8		15,1	59,44
1371	21	15 74 13-80731	6,0	6,0	3,5	100,0	15,5	59,41
1374	19	15 74 13-84838	7,5	8,0	8,5	100,0	24,0	59,36
1375	17	15 74 13-85526	8,0	7,5	7,8	100,0	23,3	59,32

1373	22	15 74 13-84575	4,5	6,8	5,8	98,0	17,1	59,29
1374	12	15 74 13-84738	3,0	7,0	7,5	100,0	17,5	59,28
1375	33	15 74 13-85713	5,0	5,0	5,0	100,0	15,0	59,27
1374	36	Trinity	2,0	7,3	2,8		12,1	59,20
1374	32	15 74 13-85033	7,5	6,8	8,5	99,0	22,8	59,19
1372	22	15 74 13-81277	4,0	6,0	7,8	98,0	17,8	59,15
1371	8	15 74 13-80187	2,5	5,0	3,8	100,0	11,3	59,12
1373	20	15 74 13-84537	4,5	6,8	7,0	100,0	18,3	58,88
1371	6	15 74 13-80167	5,5	6,5	6,8	100,0	18,8	58,87
1374	33	15 74 13-85038	4,0	7,3	6,5	98,0	17,8	58,86
1372	7	15 74 13-81085	2,0	7,8	4,0	98,0	13,8	58,81
1374	22	15 74 13-84865	7,5	6,5	7,0	100,0	21,0	58,81
1375	3	15 74 13-85073	4,5	6,0	7,8	86,0	18,3	58,75
1372	35	ESValegro	4,5	6,3	6,8		17,6	58,61
1373	12	15 74 13-84242	5,5	6,0	6,0	98,0	17,5	58,60
1371	18	15 74 13-80503	4,0	6,5	4,5	94,0	15,0	58,58
1374	9	15 74 13-84703	2,5	5,0	5,3	99,0	12,8	58,47
1374	4	15 74 13-84666	3,5	5,8	5,3	100,0	14,6	58,30
1371	17	15 74 13-80438	4,0	6,5	3,0	71,0	13,5	58,30
1374	28	15 74 13-84976	8,5	4,8	7,0	100,0	20,3	58,28
1374	30	15 74 13-85023	6,0	5,3	6,0	99,0	17,3	58,25
1374	11	15 74 13-84714	7,5	6,8	8,5	91,0	22,8	58,17
1371	3	15 74 13-80051	6,5	6,3	6,3	93,0	19,1	58,12
1372	32	15 74 13-81415	4,0	5,3	6,5	98,0	15,8	58,07
1375	32	15 74 13-85693	5,0	6,5	8,0	97,0	19,5	58,03
1371	33	15 74 13-80988	7,0	6,3	5,3	99,0	18,6	57,96
1373	13	15 74 13-84255	3,5	6,5	7,8	96,0	17,8	57,95
1372	5	15 74 13-81030	4,0	6,0	6,8	99,0	16,8	57,94
1371	34	Arot	4,5	6,0	4,5		15,0	57,92
1374	34	Arot	2,5	6,0	4,8		13,3	57,92
1375	13	15 74 13-85330	2,5	7,3	6,8	87,0	16,6	57,84
1374	14	15 74 13-84753	5,0	5,5	7,5	100,0	18,0	57,76
1371	24	15 74 13-80873	4,0	6,3	4,0	98,0	14,3	57,75
1373	28	15 74 13-84599	3,5	6,3	4,5	98,0	14,3	57,75
1374	8	15 74 13-84702	5,5	5,8	6,3	100,0	17,6	57,73
1373	23	15 74 13-84579	3,5	6,8	7,3	100,0	17,6	57,71
1373	29	15 74 13-84602	5,5	7,5	6,8	98,0	19,8	57,66
1372	19	15 74 13-81240	5,0	5,5	6,8	99,0	17,3	57,62
1373	4	15 74 13-84005	2,0	5,3	4,3	97,0	11,6	57,55
1373	19	15 74 13-84527	4,0	5,0	4,0	83,0	13,0	57,54
1372	16	15 74 13-81193	3,0	6,5	4,3	100,0	13,8	57,54
1373	32	15 74 13-84630	4,5	5,8	6,5	100,0	16,8	57,53
1373	21	15 74 13-84573	6,0	6,5	6,5	97,0	19,0	57,48

1372	25	15 74 13-81323	4,0	5,3	7,3	98,0	16,6	57,45
1373	16	15 74 13-84408	3,5	5,8	6,8	99,0	16,1	57,44
1372	27	15 74 13-81354	3,0	7,0	7,0	96,0	17,0	57,44
1373	25	15 74 13-84588	6,0	6,5	6,3	99,0	18,8	57,43
1374	17	15 74 13-84820	7,0	5,0	4,5	99,0	16,5	57,42
1372	21	15 74 13-81264	2,0	6,5	7,0	83,0	15,5	57,41
1372	29	15 74 13-81368	6,0	7,3	6,5	97,0	19,8	57,41
1373	34	Arot	4,0	6,3	6,0		16,3	57,32
1373	8	15 74 13-84093	5,0	5,3	7,8	97,0	18,1	57,11
1375	9	15 74 13-85213	3,0	7,0	7,3	97,0	17,3	57,11
1375	12	15 74 13-85272	4,5	5,8	6,5	96,0	16,8	57,04
1375	16	15 74 13-85523	6,0	6,0	5,5	98,0	17,5	56,95
1371	29	15 74 13-80920	3,5	6,8	6,0	99,0	16,3	56,91
1374	1	15 74 13-84649	5,5	5,5	7,0	99,0	18,0	56,90
1372	11	15 74 13-81133	4,5	7,3	6,0	96,0	17,8	56,80
1373	10	15 74 13-84227	5,0	6,5	7,8	98,0	19,3	56,72
1373	7	15 74 13-84081	5,0	6,0	7,5	96,0	18,5	56,61
1372	8	15 74 13-81097	4,5	7,0	6,3	97,0	17,8	56,49
1371	35	ESValegro	3,5	6,0	4,8		14,3	56,37
1372	6	15 74 13-81076	2,0	5,3	3,8	99,0	11,1	56,35
1371	16	15 74 13-80306	4,5	6,5	6,8	99,0	17,8	56,22
1373	36	Trinity	3,5	6,5	3,5		13,5	56,15
1372	9	15 74 13-81099	3,0	6,8	5,5	99,0	15,3	55,98
1374	35	ESValegro	3,5	5,5	5,8		14,8	55,96
1374	16	15 74 13-84783	5,0	6,3	4,8	98,0	16,1	55,93
1372	33	15 74 13-81419	4,5	7,0	7,5	97,0	19,0	55,88
1371	23	15 74 13-80852	7,0	6,0	7,5	98,0	20,5	55,58
1371	7	15 74 13-80172	5,0	5,8	6,3	95,0	17,1	55,53
1372	17	15 74 13-81218	4,5	6,8	8,0	83,0	19,3	55,52
1373	17	15 74 13-84508	3,5	6,5	6,0	98,0	16,0	55,50
1372	30	15 74 13-81377	3,5	4,8	6,8	99,0	15,1	55,47
1372	18	15 74 13-81233	2,0	5,3	5,8	100,0	13,1	55,35
1371	31	15 74 13-80943	5,0	5,5	4,3	99,0	14,8	55,09
1372	28	15 74 13-81366	3,0	5,3	7,0	67,0	15,3	55,03
1374	29	15 74 13-85000	5,0	5,3	7,3	95,0	17,6	54,71
1371	32	15 74 13-80981	2,0	6,0	7,0	99,0	15,0	54,69
1371	26	15 74 13-80887	3,5	5,5	6,3	97,0	15,3	54,66
1372	20	15 74 13-81247	7,0	6,5	7,0	96,0	20,5	54,59
1374	13	15 74 13-84745	6,5	5,0	7,8	87,0	19,3	54,48
1372	12	15 74 13-81154	1,5	7,3	5,5	94,0	14,3	54,45
1373	1	15 74 13-81436	4,5	6,8	4,8	97,0	16,1	54,37
1373	18	15 74 13-84521	7,0	6,3	5,3	100,0	18,6	54,25
1371	5	15 74 13-80148	4,0	5,3	5,3	99,0	14,6	54,20

1373	9	15 74 13-84208	6,0	5,3	7,3	96,0	18,6	54,14
1373	33	15 74 13-84634	3,0	4,8	7,8	99,0	15,6	53,99
1373	11	15 74 13-84233	3,0	5,5	5,8	99,0	14,3	53,85
1372	3	15 74 13-81011	2,5	7,3	5,5	94,0	15,3	53,80
1371	30	15 74 13-80940	3,5	4,8	5,0	98,0	13,3	53,58
1373	30	15 74 13-84608	3,5	6,0	6,0	100,0	15,5	53,41
1374	7	15 74 13-84701	3,0	4,8	6,3	97,0	14,1	53,35
1371	22	15 74 13-80821	4,5	4,5	4,0	98,0	13,0	53,27
1371	15	15 74 13-80305	2,5	5,0	5,5	99,0	13,0	53,26
1374	15	15 74 13-84766	6,5	6,5	8,5	91,0	21,5	53,25
1371	14	15 74 13-80299	6,5	4,5	4,0	100,0	15,0	53,23
1372	15	15 74 13-81186	3,0	6,8	6,3	100,0	16,1	52,91
1372	24	15 74 13-81319	4,0	6,8	8,5	99,0	19,3	52,36
1375	27	15 74 13-85597	3,0	6,0	7,3	96,0	16,3	52,27
1371	12	15 74 13-80282	3,0	4,0	3,0	98,0	10,0	51,48
1373	14	15 74 13-84263	4,0	5,0	7,5	98,0	16,5	51,10
1372	2	15 74 13-80992	7,5	5,8	5,3	100,0	18,6	51,04
1372	31	15 74 13-81393	2,0	6,3	6,3	99,0	14,6	50,99
1373	2	15 74 13-81459	5,0	4,8	4,3	98,0	14,1	50,72
1372	14	15 74 13-81178	4,0	6,3	6,0	96,0	16,3	50,28
1373	26	15 74 13-84590	4,5	6,8	6,5	98,0	17,8	49,92
1371	25	15 74 13-80883	4,5	3,8	3,3	98,0	11,6	49,59

Tabela 15

Średnie kwadraty zmienności z analiz wariancji dla plonu nasion mieszańców oraz inne parametry statystyczne dla wyników doświadczeń 1137 (tab. 18), oraz 1138 (tab. 19).

Źródło zmienności	Liczba stopni swobody	Numer doświadczenia	
		1137	1138
Mieszańce	17	16,46**	22,15**
Miejscowość	3	911,51**	1054,38**
Linia x Miejscowość	51	5,06	6,73
Odchylenie standardowe		4,05	2,59
r ²		0,95	0,94
h ²		0,95	0,94

* - istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

** - istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

Tabela 16

Średnie kwadraty zmienności z analiz wariacji dla plonu nasion oraz inne parametry statystyczne dla wyników doświadczenia 1139 (tab. 20).

Źródło zmienności	Liczba stopni swobody	1139
Linie DH	23	27,94*
Miejscowość	3	865,16**
Linia x Miejscowość	69	15,56

Odchylenie standardowe		3,94
r ²		0,75
h ²		0,75

* - istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

** - istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

Tabela 17

Analiza wariancji dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnych GCA i SCA na podstawie mieszańców dla doświadczeń 1137 (tab. 18) i 1138 (tab. 19).

Źródło zmienności	Liczba stopni swobody	Suma kwadratów	Średnie kwadraty	Wartość F	α empirycznie
Bloki	7	1031,01	147,29	4,67	0,0002
Miejscowości	24	96,64	4,03	12,77	<,0001
GCA linii MSL	56	991,28	17,70	0,80	0,57
GCA restorerów	128	582,63	4,55	2,92	0,0034
SCA	896	1406,08	1,57	0,64	0,76
Błąd	3240	3952,45	1,22		

$V_{MF} = (EMS_{MF} - EMS_E)/r$	0,087
$V_F = (EMS_F - EMS_{MF})/rm$	0,237
$V_M = (EMS_M - EMS_{MF})/rf$	0,093

Tabela 18

Średnie plony nasion mieszańców [dt/ha] w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią par mieszańców z tą samą linią DH wybraną ze względu na plon nasion, dla doświadczenia 1137.

Doświadczenie	Genotyp	Mieszaniec	Linia MSL	Linia DH	Średni poprawiony plon w Malchow [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Gola [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Golabin [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Głubczyce [dt/ha]	Średnia [dt/ha]	Średnie mieszańców dla tej samej linii DH [dt/ha]
1137	1	16 74 91-8151	MSL7C	15 74 13-81327	55,51	46,63	42,95	58,05	50,65	48,64
1137	2	16 74 91-8152	MSL1C	15 74 13-81327	49,84	41,55	34,21	52,45	46,62	
1137	3	16 74 91-8171	MSL3C	15 74 13-84001	50,04	39,22	34,22	56,21	46,10	48,62
1137	4	16 74 91-8172	MSL6C	15 74 13-84001	56,60	50,46	41,39	56,72	51,15	
1137	5	16 74 91-8227	MSL3C	15 74 13-84610	48,98	47,03	38,20	51,66	48,20	47,96
1137	6	16 74 91-8228	MSL5C	15 74 13-84610	49,02	43,44	29,65	59,90	47,72	
1137	7	16 74 91-8235	MSL3C	15 74 13-84653	51,13	40,85	33,24	63,42	48,23	47,28
1137	8	16 74 91-8236	MSL6C	15 74 13-84653	52,30	40,66	33,76	55,96	46,34	
1137	9	16 74 91-8273	MSL3C	15 74 13-84859	49,37	40,43	36,35	52,42	46,46	48,07
1137	10	16 74 91-8274	MSL6C	15 74 13-84859	51,80	44,06	44,13	57,74	49,69	
1137	11	16 74 91-8285	MSL3C	15 74 13-84949	45,08	43,73	35,42	51,48	47,12	49,48

1137	12	16 74 91-8286	MSL6C	15 74 13-84949	50,47	48,84	48,67	65,95	51,83	
1137	13	16 74 91-8293	MSL3C	15 74 13-85026	49,18	43,26	32,94	48,34	46,94	46,11
1137	14	16 74 91-8294	MSL5C	15 74 13-85026	45,51	38,11	28,68	54,64	45,28	
1137	15	16 74 91-8355	MSL3C	15 74 13-85612	49,88	44,02	38,57	57,02	49,37	49,00
1137	16	16 74 91-8356	MSL6C	15 74 13-85612	51,52	40,64	36,48	62,45	48,64	
średnia dla mieszkań					50,39	43,31	36,80	56,52	48,15	
1137	17	Atora	MSL4C	08 2 13-40101	52,54	47,74	39,42	54,88	49,53	49,53
1137	18	Kuga	MSL5C	08 2 13-5957	51,80	43,43	40,54	53,58	48,46	48,47
średnia dla wzorców					52,17	45,59	39,98	54,23	48,47	
średnia dla miejscowości					51,28	44,45	38,39	55,38	48,31	

NIR_{0,05} dla mieszkań

3,94

NIR_{0,05} dla miejscowości

5,3

Tabela 19

Średnie plony nasion mieszańców [dt/ha] w poszczególnych miejscowościach wraz ze średnią par mieszańców z tą samą linią DH wybraną ze względu na indeks selekcyjny dla doświadczenia 1138.

Doświadczenie	Genotyp	Mieszaniec	Linia MSL	Linia DH	Średni poprawiony plon w Malchow [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Gola [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Golabin [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Głubczyce [dt/ha]	Średnia [dt/ha]	Średnie mieszańców dla tej samej linii DH [dt/ha]
1138	1	16 74 91-8087	MSL1C	15 74 13-80901	39,80	39,64	40,33	59,02	43,83	43,68
1138	2	16 74 91-8088	MSL2C	15 74 13-80901	36,64	38,77	37,78	59,38	43,53	
1138	3	16 74 91-8157	MSL7C	15 74 13-81368	45,04	38,93	44,07	66,81	46,67	45,00
1138	4	16 74 91-8158	MSL2C	15 74 13-81368	39,30	43,15	35,14	56,40	43,33	
1138	5	16 74 91-8223	MSL3C	15 74 13-84602	44,57	37,06	45,32	62,21	46,37	47,56
1138	6	16 74 91-8224	MSL4C	15 74 13-84602	46,02	45,09	46,88	64,54	48,75	
1138	7	16 74 91-8227	MSL3C	15 74 13-84610	45,00	45,68	39,05	58,94	45,84	45,92
1138	8	16 74 91-8228	MSL5C	15 74 13-84610	42,34	49,40	41,59	60,46	46,00	
1138	9	16 74 91-8243	MSL3C	15 74 13-84700	44,53	43,69	38,87	71,99	46,25	45,99
1138	10	16 74 91-8244	MSL6C	15 74 13-84700	45,16	38,01	40,43	61,36	45,73	
1138	11	16 74 91-8267	MSL3C	15 74 13-84829	40,47	44,41	45,87	66,04	46,75	46,52

1138	12	16 74 91-8268	MSL6C	15 74 13-84829	46,13	42,92	39,92	68,04	46,28		
1138	13	16 74 91-8269	MSL3C	15 74 13-84838	41,25	43,30	39,44	67,37	45,56	45,99	
1138	14	16 74 91-8270	MSL4C	15 74 13-84838	42,85	41,71	43,86	55,94	46,42		
1138	15	16 74 91-8331	MSL3C	15 74 13-85526	46,25	42,96	41,10	64,17	46,33	46,41	
1138	16	16 74 91-8332	MSL6C	15 74 13-85526	45,20	50,44	42,78	67,39	46,50		
średnia dla mieszańców							43,16	42,82	41,40	63,13	45,88
1138	17	Atora	MSL4C	08 2 13-40101	46,17	38,89	38,64	57,78	47,14	47,14	
1138	18	Kuga	MSL5C	08 2 13-5957	43,78	47,03	47,94	60,76	47,83	47,83	
średnia dla wzorców							44,98	42,96	43,29	59,27	47,48
średnia dla miejscowości							44,07	42,89	42,35	61,20	46,68

NIR_{0,05} dla mieszańców

3,03

NIR_{0,05} dla miejscowości

5,98

Średni plon nasion[dt/ha] linii DH wybranych obiema metodami, oraz linii MSL B w poszczególnych miejscowościach dla doświadczenia 1139.

Doświadczenie	Genotyp	Linia DH lub MSL B	Średni poprawiony plon w Malchow [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Gola [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Golabin [dt/ha]	Średni poprawiony plon w Głubczyce [dt/ha]	Średnia [dt/ha]
1139	1	15 74 13-80901	42,67	35,74	30,41	45,53	41,10
1139	2	15 74 13-81327	38,92	39,20	34,12	50,96	43,08
1139	3	15 74 13-81368	35,88	34,24	41,97	49,69	41,96
1139	4	15 74 13-84001	45,95	39,48	33,91	50,56	43,13
1139	5	15 74 13-84602	46,58	41,69	39,50	52,36	43,69
1139	6	15 74 13-84610	39,78	37,54	37,84	50,37	42,25
1139	7	15 74 13-84653	38,38	36,85	41,62	51,66	43,15
1139	8	15 74 13-84700	30,33	32,66	34,18	51,32	42,29
1139	9	15 74 13-84829	36,66	37,68	38,00	45,53	41,29
1139	10	15 74 13-84838	34,00	39,23	37,92	43,39	41,60
1139	11	15 74 13-84859	38,38	36,62	37,11	49,36	43,32
1139	12	15 74 13-84949	39,63	36,43	44,29	51,84	43,82
1139	13	15 74 13-85026	42,83	34,69	38,95	51,37	42,86
1139	14	15 74 13-85526	48,06	39,78	36,52	58,90	42,74
1139	15	15 74 13-85612	43,45	41,55	46,11	53,64	45,19
1139	16	MSL1B	26,58	37,35	26,42	49,93	39,57

1139	17	MSL2B	31,89	44,90	36,03	45,28	42,09
1139	18	MSL3B	37,59	41,29	36,64	52,06	42,33
1139	19	MSL4B	44,08	37,50	37,68	54,26	43,90
1139	20	MSL5B	31,89	42,00	32,20	45,08	40,97
1139	21	MSL6B	42,28	40,37	37,09	46,79	41,12
1139	22	MSL7B	37,20	36,04	37,08	54,68	42,95
1139	23	08 2 13-40101	48,69	39,62	36,42	51,53	42,12
1139	24	08 2 13-5957	42,99	42,59	45,04	51,70	45,01

NIR_{0,05} dla linii

3,8

NIR_{0,05} dla miejscowości

9,93

Tabela 21

Średni plon [dt/ha] linii DH badanych w doświadczeniu 1139 (tab. 20), wraz ze średnią plonu [dt/ha] dla par mieszańców badanych w doświadczeniu 1137 (tab. 18), efekt heterozji dla par mieszańców oraz efekt GCA.

Linia DH	Średni plon linii z doświadczenia 1139 [dt/ha]	Średni plon pary mieszańców z doświadczenia 1137 [dt/ha]	Efekt heterozji	Efekt GCA
08 2 13-40101	42,12	49,53	7,42	1,22
15 74 13-84949	43,82	49,48	5,65	1,16
15 74 13-85612	45,19	49,00	3,82	0,69
15 74 13-81327	43,08	48,64	5,56	0,32
15 74 13-84001	43,13	48,62	5,49	0,31
08 2 13-5957	45,01	48,47	3,46	0,15
15 74 13-84859	43,32	48,07	4,76	-0,25
15 74 13-84610	42,25	47,96	5,71	-0,35
15 74 13-84653	43,15	47,28	4,13	-1,04
15 74 13-85026	42,86	46,11	3,24	-2,21
Średnia	43,39	48,32	4,92	0,00
Odchylenie standardowe	1,03	1,04	1,29	1,04
Min	42,12	46,11	3,24	-2,21
Max	45,19	49,53	7,42	1,22
Wariancja	1,05	1,07	1,66	1,07

Tabela 22

Średni plon [dt/ha] linii DH badanych w doświadczeniu 1139 (tab. 20), wraz ze średnią plonu [dt/ha] dla par mieszańców badanych w doświadczeniu 1138 (tab. 19), efekt heterozji dla par mieszańców oraz efekt GCA.

Linia DH	Średni plon linii z doświadczenia 1139 [dt/ha]	Średni plon pary mieszańców z doświadczenia 1138 [dt/ha]	Efekt heterozji	Efekt GCA
08 2 13-5957	45,01	47,83	2,82	1,62
15 74 13-84602	43,69	47,56	3,86	1,35
08 2 13-40101	42,12	47,14	5,02	0,94
15 74 13-84829	41,29	46,52	5,23	0,31
15 74 13-85526	42,74	46,41	3,67	0,21
15 74 13-84838	41,60	45,99	4,39	-0,21
15 74 13-84700	42,29	45,99	3,70	-0,21
15 74 13-84610	42,25	45,92	3,67	-0,28
15 74 13-81368	41,96	45,00	3,04	-1,20
15 74 13-80901	41,10	43,68	2,58	-2,52
Średnia	42,41	46,20	3,80	0,00
Odchylenie standardowe	1,18	1,22	0,88	1,22
Min	41,10	43,68	2,58	-2,52
Max	45,01	47,83	5,23	1,62
Wariancja	1,39	1,50	0,77	1,50

Tabela 23

Średni plon [dt/ha] linii MSL B badanych w doświadczeniu 1139 (tab. 20), wraz ze średnią plonu [dt/ha] dla mieszańców badanych w doświadczeniu 1137 (tab. 18), efekt heterozji dla mieszańców oraz efekt GCA.

Linia MSL B	Średni plon linii z doświadczenia 1139 [dt/ha]	Średni plon mieszańców z doświadczenia 1137 [dt/ha]	Efekt heterozji	Efekt GCA
MSL7B	42,95	50,65	7,71	1,94
MSL4B	43,90	49,53	5,63	0,82
MSL6B	41,12	49,53	8,40	0,81
MSL5B	40,98	47,15	6,17	-0,25
MSL3B	42,33	47,49	5,16	-1,23
MSL1B	39,57	46,62	7,05	-2,09
Średnia	41,81	48,50	6,69	0,00
Odchylenie standardowe	1,56	1,62	1,25	1,49
Min	39,57	46,62	5,16	-2,09
Max	43,90	50,65	8,40	1,94
Wariancja	2,42	2,63	1,56	2,21

Tabela 24

Średni plon [dt/ha] linii męskosterylnych (MSL) B badanych w doświadczeniu 1139 (tab. 20), wraz ze średnią plonu [dt/ha] dla mieszańców badanych w doświadczeniu 1138 (tab. 19), efekt heterozji dla mieszańców oraz efekt GCA.

Linia MSL B	Średnia plonowania linii z doświadczenia 1139 [dt/ha]	Średnia plonowania mieszańców z doświadczenia 1137 [dt/ha]	Efekt heterozji	Efekt GCA
MSL5B	40,98	46,91	5,93	1,11
MSL4B	43,90	47,43	3,53	1,63
MSL7B	42,95	46,67	3,73	0,87
MSL3B	42,33	46,18	3,86	0,38
MSL6B	41,12	46,17	5,05	0,37
MSL1B	39,57	43,83	4,26	-1,97
MSL2B	42,09	43,43	1,34	-2,37
Średnia	41,85	45,80	3,96	-0,00
Odchylenie standardowe	1,42	1,55	1,43	1,55
Min	39,57	43,43	1,34	-2,37
Max	43,90	47,43	5,93	1,63
Wariancja	2,03	2,41	2,05	2,41

Tabela 25

Efekty heterozji mieszańców względem linii podwojonych haploidów (DH) oraz linii męskosterylnych (MSL) badanych w doświadczeniu 1137.

Doświadczenie 1137	Linie DH	Linie MSL	Mieszańce	Średnia plonu linii DH oraz MSL	Heterozja względem linii DH	Heterozja względem średniej rodziców	Heterozja względem średniej rodziców w %
Średnia plonu	43,39	41,81	48,32	42,60	4,93	5,72	113,42
Odchylenie standardowe	1,03	1,56	1,04				

Tabela 26

Efekty heterozji mieszańców względem linii podwojonych haploidów (DH) oraz linii MSL badanych w doświadczeniu 1138.

Doświadczenie 1138	Linie DH	Linie MSL	Mieszańce	Średnia plonu linii DH oraz MSL	Heterozja względem linii DH	Heterozja względem średniej rodziców w %	Heterozja względem średniej rodziców w %
Średnia plonu	42,41	41,81	46,20	42,11	3,80	4,10	109,73
Odchylenie standardowe	1,18	1,56	1,22				

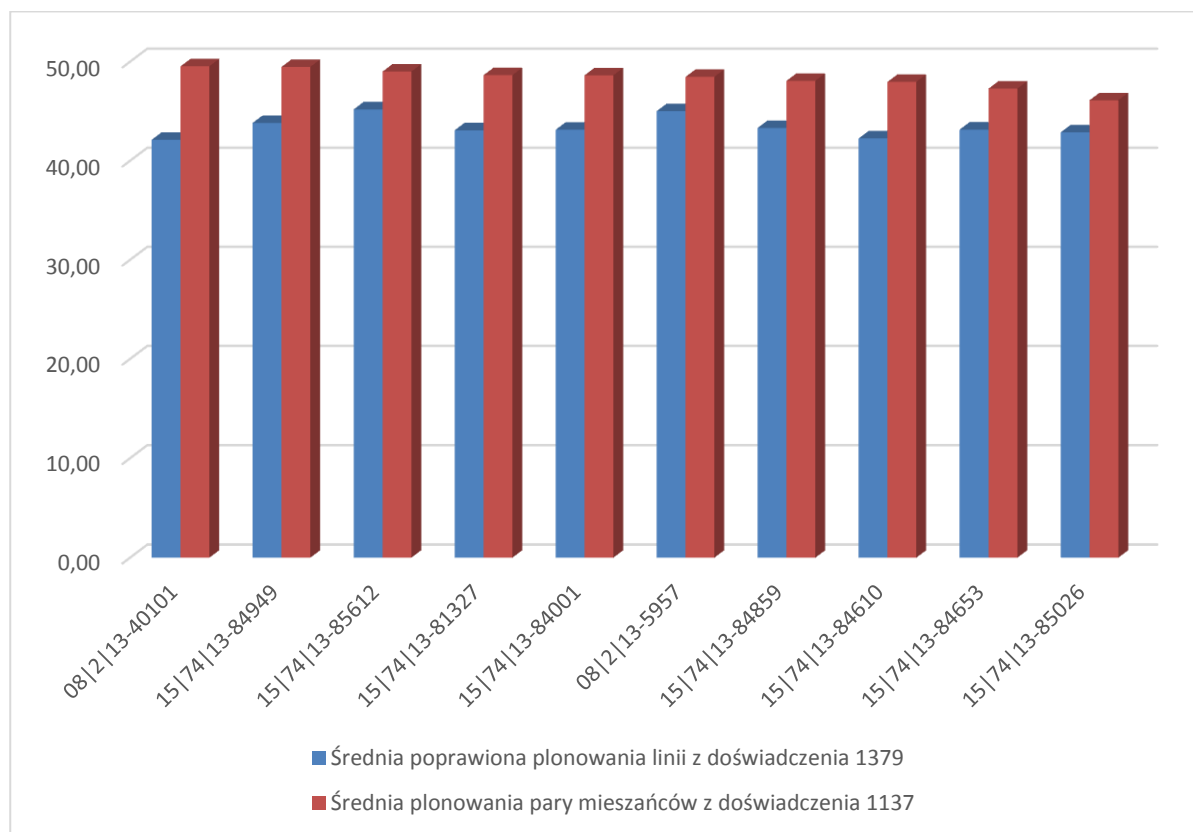
Współczynniki korelacji dla linii DH badanych w doświadczeniu 1137.

Linie wybrane ze względu na plon nasion dośw. 1137	Korelacja
Plon nasion linii DH x Plon mieszańców z nich otrzymany	0,49*
Plon nasion linii DH x Efekt heterozji mieszańców	-0,49*

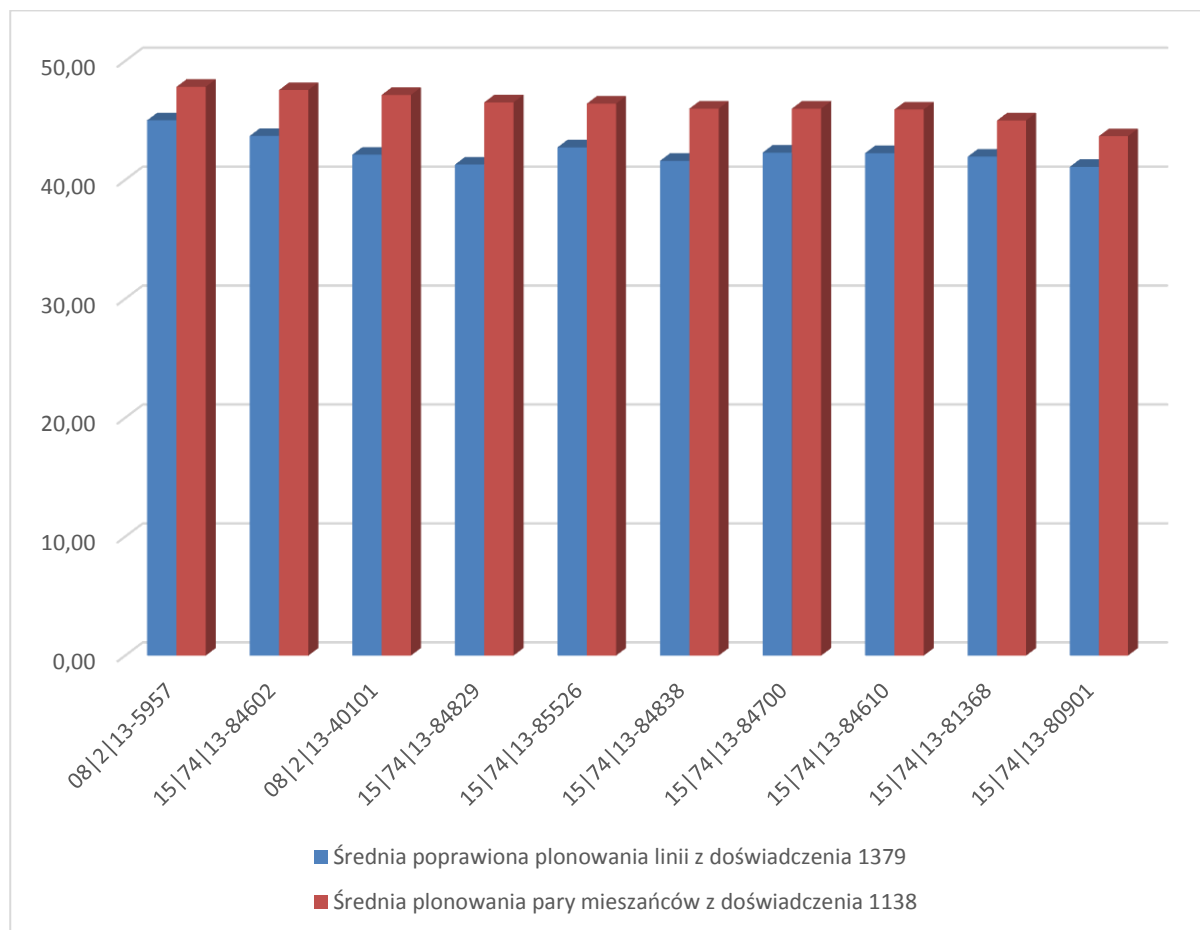
Współczynniki korelacji dla linii DH badanych w doświadczeniu 1138.

Linie wybrane ze względu na plon nasion dośw. 1138	Korelacja
Plon nasion linii DH x Plon mieszańców z nich otrzymany	0,66*
Plon nasion linii DH x Efekt heterozji mieszańców	-0,03

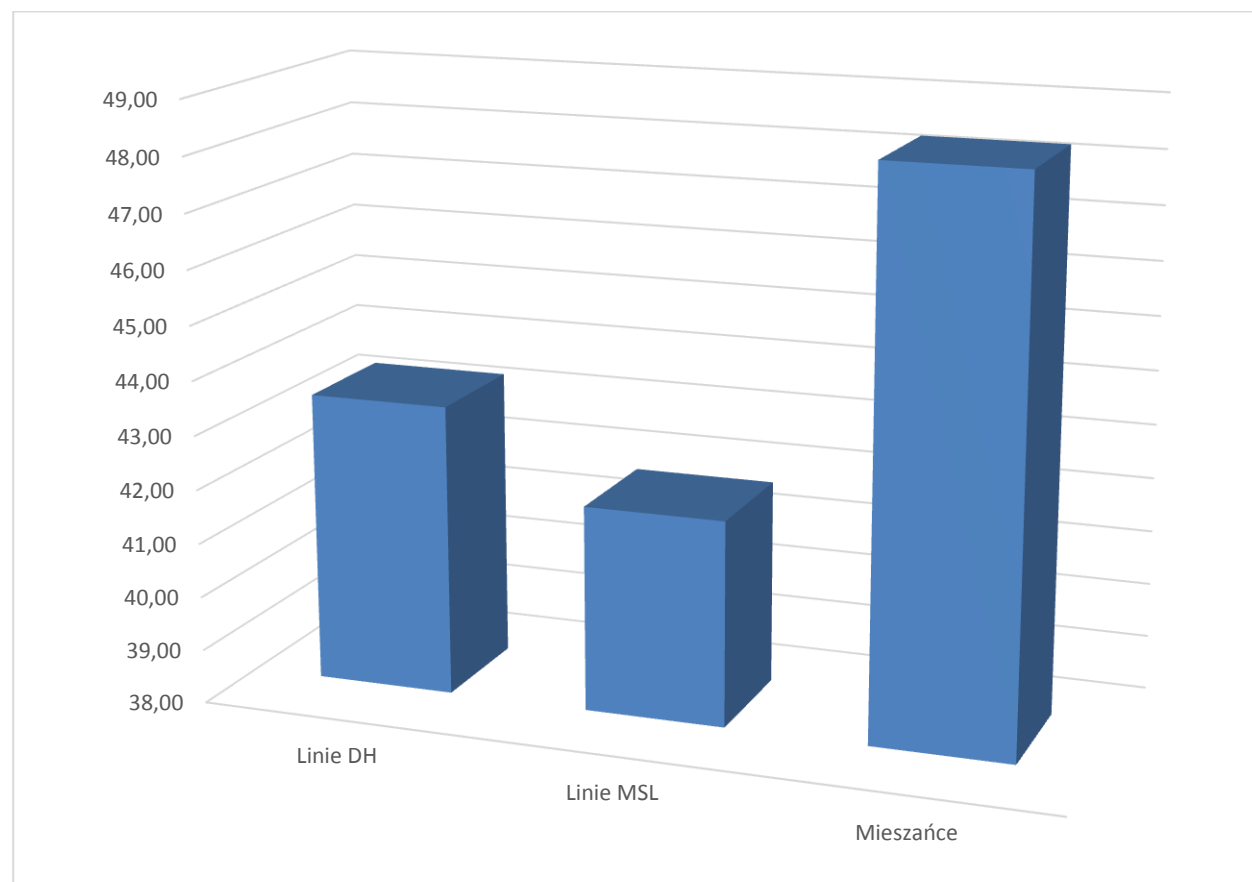
Plonowanie linii DH wraz z plonem nasion mieszańców badanych w doświadczeniu 1137.



Plonowanie linii DH wraz z plonem nasion mieszańców badanych w doświadczeniu 1138.



Średni efekt heterozji dla mieszańców badanych w doświadczeniu 1137, względem linii DH oraz linii MSL B.



Średni efekt heterozji dla mieszańców badanych w doświadczeniu 1138, względem linii DH oraz linii MSL B.

