

**JERZY NAWRACAŁA****DANUTA KURASIAK-POPOWSKA****AGNIESZKA KACZMAREK**

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

Kierownik Tematu: dr hab. Jerzy Nawracała Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań, tel. 61 8487720, e-mail: jnawrac@up.poznan.pl

*Prace zostały wykonane w ramach badań podstawowych na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej na podstawie decyzji Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi nr HOR.hn.802.16.2018, Zadanie 43.*

## Analiza bioróżnorodności zasobów genowych soi przydatnej do hodowli w warunkach klimatycznych Polski i opracowanie metodyki krzyżowania międzygatunkowego *Glycine max* × *Glycine soja*

**Analysis of biodiversity of soybean gene resources useful for breeding in climatic conditions of Poland and development of interspecific *Glycine max* × *Glycine soja* crossing methodology**

**Słowa kluczowe:** banki genów, *Glycine max*, *Glycine soja*, kolekcje, krzyżowanie międzygatunkowe, materiały wyjściowe

### CEL BADAŃ

Brak odpowiednich materiałów wyjściowych, dostosowanych do warunków klimatycznych Polski w dużym stopniu ogranicza możliwości hodowli nowych odmian. Szczególnie istotne jest znalezienie genotypów soi tolerancyjnych na zmianę długości dnia oraz zawiązujących strąki w temperaturach niższych niż optimum biologiczne. Wykorzystanie genotypów dzikiego gatunku *Glycine soja*, pochodzących z rejonów naszej szerokości geograficznej może dać szansę na wyselekcjonowanie genotypów dobrze zaadaptowanych do naszego klimatu. Dlatego też głównym celem projektu jest gromadzenie i stała analiza światowych zasobów genowych soi pod kątem ich przydatności do warunków klimatycznych Polski, ocena przydatności dzikiego gatunku *Glycine soja* jako materiału wyjściowego do hodowli, opracowanie efektywnych metod krzyżowania soi i otrzymanie mieszańców międzygatunkowych pomiędzy *Glycine max* i *Glycine soja*.

W ramach zdania nr 43 w 2018 r. realizowano dwa tematy badawcze. Celem pierwszego była charakterystyka cech fenologicznych, morfologicznych oraz cech komponentów plonu genotypów soi zgromadzonych w latach 2016, 2017 i 2018 oraz ocena potencjału plonowania najlepszych genotypów soi *G. max* z genotypów zgromadzonych w 2014 i 2015 roku. Celem drugiego tematu było przeprowadzenie obserwacji kwitnienia w warunkach polowych i szklarniowych genotypów *G. soja* oraz ocena zmienności roślin pokolenia  $F_3$  otrzymanych z roślin pokolenia  $F_2$  mieszańców międzygatunkowych *G. max*  $\times$  *G. soja*

#### METODYKA I WYNIKI

**W ramach realizacji pierwszego tematu** założono pięć doświadczeń polowych, w których materiałem do badań było łącznie 289 genotypów soi zgromadzonych w KG i HR w latach 2014–2018, a otrzymanych z banków genów i kolekcji z USA (Soybean Germplasm Collection), Kanady (Gene Resources of Canada), Japonii (Japanese Soybean Core Collection), Rosji (Leguminous Crops Genetic Resources Department z N.I. Vavilov RIPI) oraz z zasobów różnych państw europejskich. Do doświadczeń włączono, jako genotypy kontrolne odmiany: Augusta, Mavka, Aligator, Petrina i Merlin.

Doświadczenia zostały założone w RGD Dłóż i w Szelejewie — Danko HR Sp. z o.o. (1 doświadczenie). Powierzchnia poletka 2 m<sup>2</sup>, a w doświadczeniach z oceną potencjału plonowania 9 m<sup>2</sup> (układ bloki losowane w trzech powtórzeniach). We wszystkich doświadczeniach przeprowadzono obserwacje faz fenologicznych oraz opracowano biometryczne cechy morfologiczne i komponentów plonu (5 lub 10 typowych roślin). W doświadczeniach z oceną potencjału plonowania zważono również masę nasion z poletka i przeliczono na plon z 1 ha.

W trzech pierwszych doświadczeniach oceniono 269 genotypów, które różniły się znacznie pod względem przebiegu kwitnienia, długości okresu wegetacji oraz analizowanych cech komponentów plonu. Na podstawie oceny genotypów w doświadczeniu pierwszym stwierdzono, w obu lokalizacjach, bardzo zbliżone wyniki dotyczące wysokości roślin, wysokości osadzenia pierwszego strąka, czy liczby nasion w strąku. W doświadczeniu w Szelejewie analizowane genotypy posiadały zdecydowanie więcej pędów bocznych, a tym samym większą liczbę nasion z rośliny w porównaniu do RGD Dłóż. Średnio w obu lokalizacjach zanotowano zbliżoną średnią MTN oraz bardzo duży zakres zmienności tej cechy. W doświadczeniu drugim genotypy otrzymane z kolekcji z Japonii, jako genotypy o bardzo krótkim okresie wegetacji, w warunkach RGD Dłóż charakteryzowały się bardzo zróżnicowanym okresem wegetacji (od połowy sierpnia do połowy października). Stosunkowo duża liczba analizowanych genotypów odznaczało się dużą MTN, ale przy małej liczbie nasion i małej masie nasion z rośliny. W doświadczeniu trzecim (100 nowych genotypów) obserwowano dużą liczbę interesujących genotypów: o bardzo wysokim osadzeniu pierwszego strąka, o dużej liczbie pędów bocznych i liczbie strąków z rośliny.

Oceniane pod względem plonu w doświadczeniu czwartym genotypy soi plonowały niżej niż odmiana kontrolna Aligator (32,96 dt/ha). Na uwagę zasługuje genotyp K 9922,

który plonował zaledwie o 1,48 dt/ha mniej niż odmiana kontrolna. Zdecydowana większość genotypów analizowanych w doświadczeniu piątym charakteryzowała się średnim potencjałem plonowania. Plon genotypu D 80 wyniósł 30,74 dt/ha (plon odmiany Aligator w tym doświadczeniu wynosił 34,81 dt/ha). Wyniki doświadczeń 4 i 5 potwierdzają fakt, że wśród sprowadzonych w latach 2015–2016 genotypów kolekcyjnych nie ma takich o wyższym plonie od zarejestrowanych odmian kontrolnych.

**W temacie badawczym drugim** przeprowadzono obserwacji kwitnienia 5 genotypów *G. soja* otrzymanych z kolekcji: Soybean Germplasm Collection (USA): PI 522184, PI 538411A, PI 538411B, PI 507825 i PI 464870. Z gatunku *G. max* wysiane, jako odmiany kontrolne odmiany soi wczesne i późne: Augusta, Merlin, Mavka, Aligator i Petrina. Nasiona zostały wysiane w warunkach polowych w Ogrodzie Doświadczalnym KGiHR w Poznaniu w 3 terminach: 18.04, 08.05, i 04.06.2018 r. a w szklarni w terminach: 25.04., 11.05. i 22.05.2018. Odmiany kontrolne w szklarni Augusta i Aldana. Obserwacje roślin w dotyczyły faz fenologicznych: terminu kwitnienia, długości okresu kwitnienia i długości okresu wegetacji.

Ocena zmienności roślin pokolenia  $F_3$  otrzymanych z roślin pokolenia  $F_2$  mieszańców międzygatunkowych *G. max* × *G. soja*. przeprowadzono w RGD Dłóż. Wysiano 99 potomstw roślin zebranych w 2017 r. z 2 kombinacji krzyżowania Mavka × PI507825, Annushka × PI507825, W rozstawie 50 cm wysiano od 1 do 20 rzędów każdego potomstwa o długości 3 m. Pomiedzy potomstwami wysiano odmiany mateczne Mavka i Annushka oraz odmiany wzorcowe Augusta i Aligator. Obserwacje dotyczyły cech fenologicznych kwitnienia oraz zebrano wybrane dojrzałe rośliny i opracowano cechy komponentów plonu.

Przebieg kwitnienia soi w 2018 r. różnił się znacznie od przebiegu kwitnienia w poprzednich latach. Przyjęte 3 terminu siewu w wydłużonych odstępach czasu: kwiecień, maj i czerwiec nie zapewniły podaży kwiatów do krzyżowania pomiędzy genotypami *G. max* i *G. soja*. Spowodowane to było głównie wysokimi temperaturami w całym okresie wegetacji soi i w konsekwencji znacznym skróceniem długości okresu kwitnienia szczególnie genotypów *G. max*. Wysokie temperatury spowodowały również, że trudno było znaleźć kwiaty *G. soja* odpowiednie do przeprowadzenia zapylenia.

W potomstwach rośliny mieszańcowych pokolenia  $F_3$  otrzymanych w wyniku krzyżowania międzygatunkowego *G. max* × *G. soja* obserwowano silną segregację pod względem wszystkich obserwowanych cech. Zdecydowana większość roślin charakteryzowała się cechami dzikiego rodzica *G. soja*: niezdeterminowanym typem i bardzo długim okresem wegetacji i z tego powodu nie została zebrana. Wśród roślin z obydwu kombinacji krzyżowania wybrano jednak segreganty korzystne z punktu widzenia celów hodowli soi w Polsce: rośliny wysokie, wysoko zawiązujące I strąk, rośliny zawiązujące dużą liczbę strąków i nasion z rośliny, rośliny, z których zebrano dużą masę i rośliny o dużej MTN. Duża liczba tych roślin, szczególnie z potomstw z kombinacji krzyżowania Mavka × PI507825, może stanowić cenny materiał wyjściowy do dalszej hodowli.

