

## Genofond hrachu

### Pea gene pool

Ing. Gažo Ján, PhD.

**Katedra genetiky a šľachtenia rastlín, Fakulta agrobiológie a potravinových zdrojov,  
Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre**

**Abstract:** Main objective of the research was to gather collection of pea with origin of breeding in the territory of former Czechoslovakia. We prepared image documentation at the level of leaves, flowers, pods and seeds for individual genotypes in collection. There was elaborated system for evaluation and description of diversity in pea germplasm collections. In our research was described and evaluated biological and economical value of gathered collection.

On a base of the study of pea variability in the field experiments we tried determined interactions between studied characters and at the same time we were looking for genotypes with presented deviations or specificity in correlation of studied quantitative characters. Detection of these genotypes offers possibility for their detail study and practical application in creation of new genetic resources or directly in plant breeding.

**Key words:** pea, descriptor list, genetic resources, correlation analysis, image database

### 3. Riešiteľský kolektív

Ing. Zdeněk Slaměna, CSc. (Legusem s.r.o. Horná Streda), Ing. Jozef Štefanka (Legusem s.r.o. Horná Streda), Ing. Štefan Hajdu KGŠR, Eva Chovancová KGŠR.

### 4. Ciele vecnej etapy

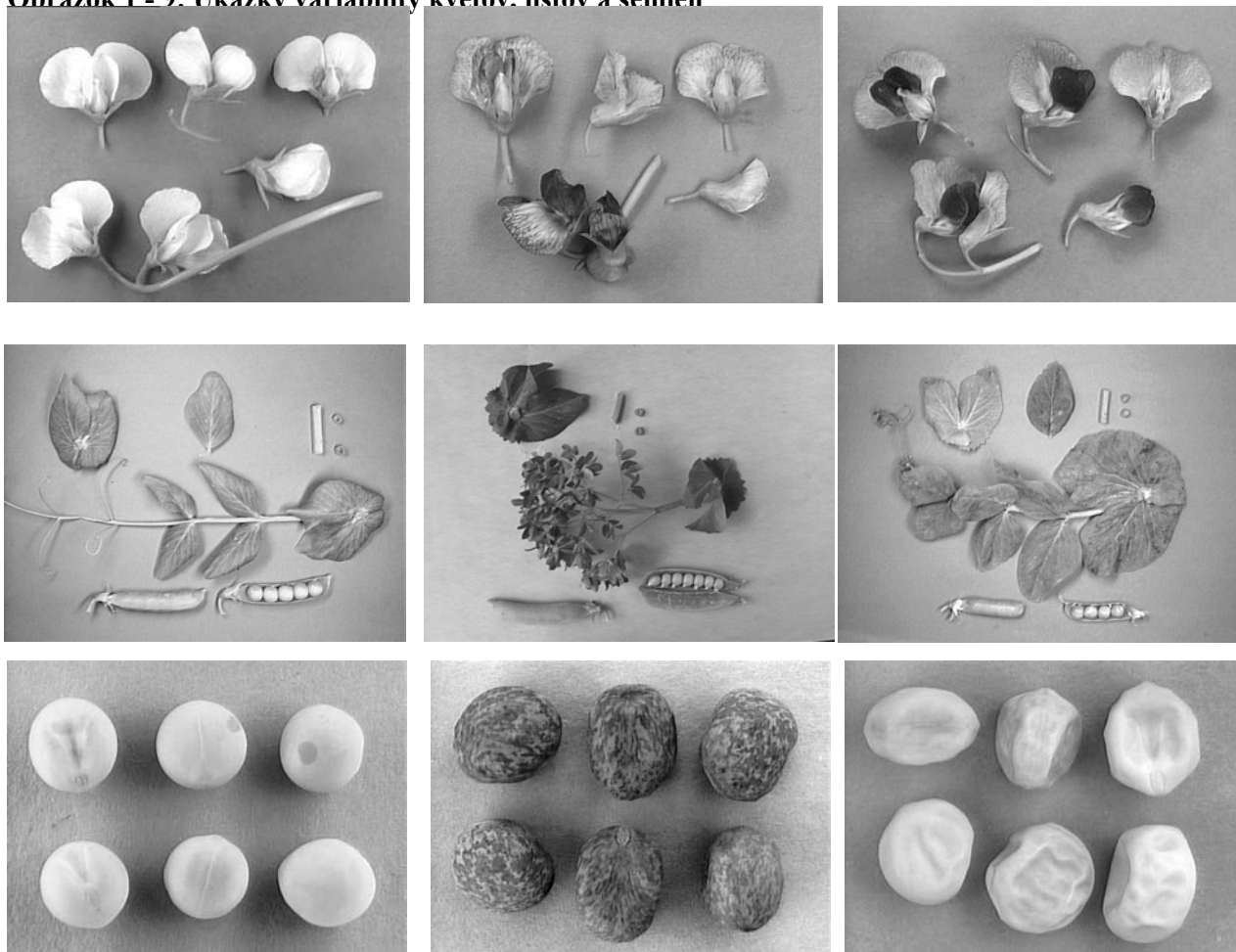
- 4.1 Sústrediť dostupný genofond súčasne pestovaných, novošľachtených, reštringovaných, starých krajových odrôd a populácií hrachu siateho česko-slovenského pôvodu.
- 4.2 Pre hodnotenie sústredeného sortimentu inovovať všeobecný systém hodnotenia diverzity v rámci rodu *Pisum*.
- 4.3 Opísať a zhodnotiť sústredený sortiment, so zabezpečením jeho uchovania.
- 4.4 Analyzovať variabilitu sledovaných morfológických, biologických a hospodárskych znakov vo vzťahu k determinácií rozdielov medzi genotypmi s využitím v šľachtení rastlín.

### 5. Dosiahnuté výsledky

#### 5.1 Obrazová dokumentácia

V roku 2002 sme pokračovali v príprave obrazovej dokumentácie genetických zdrojov hrachu, ktoré sa využijú pri vytváraní katalógu odrôd a komplexného informačného systému Genotypdata *Pisum*. Táto činnosť pozostávala hlavne z grafických úprav digitalizovaných obrázkov pomocou grafického softvéru (Irfanview verzia 3.75).

Obrázok 1 - 9: Ukážky variability kvetov, listov a semien



## 5.2 Vzťahy a závislosti medzi sledovanými znakmi

V rámci riešenia problematiky sme sa zamerali na štúdium vzájomných vzťahov medzi 30 hodnotenými kvantitatívnymi znakmi. Silu vzťahu medzi jednotlivými znakmi v rámci celej kolekcie sme overovali jednoduchou korelačnou analýzou. Pri znakoch so silnou závislosťou ( $r \geq 0,66$ ) sme sa pokúsili odhaliť tie genotypy, ktoré sa nachádzajú v reziduálnej oblasti popísanej regresnou rovnicou a sú teda nositeľmi takých alelických kombinácií, ktoré sú v oblasti záujmu šľachtiteľov. Vyhľadávali sme odrody a novošľachtence s hodnotou štandardizovaného rezídua väčšou ako hodnota 2.

### 5.2.1 Vzťahy medzi hodnotenými kvantitatívnymi morfológickými znakmi

Z výsledkov môžeme konštatovať, že najvyššie hodnoty korelačných koeficientov sme zistili pri morfológických znakoch skúmaných rastlín vo vzťahoch medzi dĺžkou a šírkou palistov, lístkov a hrúbkou stonky. Najvyšší korelačný koeficient sme zistili medzi šírkou a dĺžkou palistu ( $r = 0,98^{++}$ ) a medzi šírkou a dĺžkou lístku ( $r = 0,93^{++}$ ). To naznačuje silnú konzervatívnosť v charakteristickom tvare lístkov a palistov. Rovnako sme zistili silnú závislosť medzi šírkou palistu a šírkou lístka ( $r = 0,89^{++}$ ) medzi dĺžkou palistu a šírkou lístka ( $r = 0,88^{++}$ ), dĺžkou palistu a dĺžkou lístka ( $r = 0,88^{++}$ ), šírkou palistu a dĺžkou lístka ( $r = 0,88^{++}$ ). Vytváraná plocha lístkov teda úzko koreluje s vytváranou plochou palistov. Veľmi zaujímavá je veľmi silná korelácia medzi dĺžkou, respektíve šírkou palistu a hrúbkou stonky pod 2. kvetným nódom ( $r = 0,86^{++}$ ,  $r = 0,87^{++}$ ).

### 5.2.2 Vzťahy medzi hodnotenými technologickými znakmi

Najvyššie hodnoty korelácie sme zaznamenali medzi napučívaním semien po 3 hodinách a väznosťou vody semenami po 3 hodinách ( $r = 0,83^{++}$ ), čo je logicky vysvetliteľné, pretože pri napučaní väčšieho

podielu semien sa viaže viac vody semenami. Podobne medzi napučíavaním po 6 hodinách a napučíavaním po 3 hodinách ( $r = 0,82^{++}$ ), kde tendencia prijímať vodu semenami sa nemení v priebehu troch a šiestich hodín. Vysoké záporné korelácie sme zistili vo vzťahoch medzi šupkatosťou semien (podiel osemenia) a väznosťou, respektíve napučíavaním po 3 hodinách ( $r = -0,65^{++}$ ,  $r = -0,64^{++}$ ). Potvrdil sa nám teda predpoklad, že vyšší podiel osemenia znižuje príjem vody semenami. Avšak po šiestich hodinách sa príjem vody semenami začína zvyšovať, tento vzťah sa stáva menej výrazný, hodnoty zápornej korelácie medzi podielom osemenia a väznosťou, respektíve napučíavaním poklesli ( $r = -0,35^{++}$ ,  $r = -0,46^{++}$ ).

### 5.2.3 Vzťahy medzi hodnotenými znakmi charakterizujúcimi vegetačnú dobu

Pri hodnotení vzťahov medzi znakmi popisujúcimi niektoré charakteristiky vegetačnej doby (sejba, začiatok kvitnutia, dĺžka kvitnutia, zrelosť) ako aj niektorých iných znakov sme pozorovali kladné aj záporné korelácie. Najvyšší záporný korelačný koeficient sme vypočítali pre časové obdobie od sejby po začiatok kvitnutia a dĺžkou kvitnutia ( $r = -0,66^{++}$ ), z ktorej je zrejmé, že skoré genotypy kvitnú dlhšie v porovnaní s neskoršími. Podobne sme zistili, že neskoré genotypy sú vyššieho vzrastu s vyšším počtom nódov po druhý fertilitný nód, potvrdzujú to kladné korelácie medzi dobou od sejby po zrelosť a počtom nódov po druhý kvetný nód, respektíve výškou rastliny ( $r = 0,56^{++}$ ,  $r = 0,53^{++}$ ).

### 5.2.4 Vzťahy medzi hodnotenými úrodovnými znakmi

Pri sledovaní znakov ktoré môžeme charakterizovať ako úrodovné sme zistili rozdielne úrovne sily vzťahov medzi týmito znakmi navzájom, prípadne vo vzťahoch s inými znakmi. Najvyššie kladné korelácie sme zistili vo vzťahu medzi počtom semien na rastlinu a počtom strukov na rastlinu a vo vzťahu medzi počtom vetiev a počtom strukov na rastlinu (v oboch prípadoch  $r = 0,72^{++}$ ). Počet vetiev bol súčasne aj v pozitívnej korelácii s počtom semien z rastliny ( $r = 0,58^{++}$ ). Vysokú negatívnu koreláciu ( $r = -0,66^{++}$ ) sme zistili medzi hmotnosťou tisíc semien a počtom semien z rastliny. Podobne negatívnu koreláciu sme pozorovali medzi dĺžkou stonky a hmotnosťou tisíc semien ( $r = -0,54^{++}$ ), kde tento vzťah zrejme najviac ovplyvnili vysoké typy pelušíek.

Ďalej sme pozorovali negatívnu koreláciu medzi hmotnosťou tisíc semien a počtom strukov z rastliny ( $r = -0,55^{++}$ ) a medzi hmotnosťou tisíc semien a počtom vetiev na rastline ( $r = -0,56^{++}$ ). Zistili sme slabú pozitívnu koreláciu ( $r = 0,21^{+}$ ) medzi hmotnosťou tisíc semien a hmotnosťou semien. Podobné výsledky sme získali vo vzťahu medzi hmotnosťou semien a počtom semien na rastline ( $r = 0,52^{++}$ ) a na počte strukov na rastline ( $r = 0,36^{++}$ ). Nízke pozitívne korelácie sme zistili medzi dĺžkou stonky a počtom strukov ( $r = 0,33^{++}$ ) pričom sme nepotvrdili pozitívnu koreláciu medzi dĺžkou stonky a počtom semien z rastliny ( $r = 0,18$ ). Ďalšou zistenou negatívnou koreláciou bol vzťah medzi počtom strukov a počtom semien v struku ( $r = -0,42^{++}$ ).

Medzi hmotnosťou semien a dĺžkou stonky naše výsledky potvrdili preukaznú zápornú závislosť ( $r = -0,34^{++}$ ). Na druhej strane sme nezistili preukaznú závislosť medzi hmotnosťou semien z rastliny a počtom vetiev ( $r = 0,18$ ).

### 5.2.5 Prehľad extrémnych genotypov pozorovaných pri hodnotení znakov pomocou lineárnej regresnej analýzy

Na základe výsledkov môžeme konštatovať, že skupinu extrémov vytvárajú najmä staršie odrody poľných hrachov a pelušíek, ktoré týmto môžeme považovať za cenný zdroj variability v ďalších programoch šľachtenia. Najvyšší počet extrémov sme zaznamenali pri peluške Balíkova, spolu 21, na čom sa najviac podieľali morfológické znaky rastliny. Na druhé miesto sa zaradila krajová odroda Hrach z Pardubic s 12 pozorovaniami v reziduálnej oblasti, z toho 10 pripadajúcich na morfológické znaky. Za týmito dvomi odrodami nasledujú ďalšie staršie odrody a krajové odrody poľných hrachov a pelušíek s 10 a menej pozorovanými hodnotami v reziduálnej oblasti. Výnimkou je súčasná odroda stržňového hrachu Palas s 9 extrémami, z čoho pripadalo 6 na vlastnosti semien pri prijímaní vody. Ako šľachtiteľsky zaujímavé materiály môžeme označiť nasledovné odrody a novošľachtence pre znaky vegetačnej doby (B-3479),

úrodotvorné znaky (Brunovský), znaky technologickej kvality (Vlasta, Palas, Podřípan), morfológické znaky (Balíkova, Hrach z Pardubíc, Slovenský expres, Zelený nízky).

**Tabuľka 1: Extrémne genotypy jednoduchej lineárnej regresie pri nezávisle premennej Počet semien a závisle premennej Hmotnosť tisíc semien**

Genotyp	Pozorovaná hodnota	Vypočítaná hodnota	Rezíduum	Štand. vypočítaná hodnota	Štand. rezíduum	Štand. chyba vypočítanej hodnoty
HS - 11533	384,71	259,91	124,80	1,31	2,32	8,11
HS 53842-83	368,31	251,82	116,50	1,11	2,17	7,35
Kočovská 108	93,65	234,37	-140,72	0,68	-2,62	5,94
Mor. Hrot. krajový	95,07	246,74	-151,67	0,99	-2,82	6,90
Procházkova B	85,17	203,44	-118,26	-0,08	-2,20	4,92

## 6. Realizačné výstupy

6.1 Počas riešenia vecnej etapy sa podarilo skompletizovať a sústrediť kolekciu genofondu krajových odrôd, vyšľachtených odrôd ako aj novošľachtencov z českých, moravských a slovenských pracovísk v počte 120.

6.2 Uvedená kolekcia bola komplexne zhodnotená na významné biologické, morfológické a hospodárske znaky na základe ktorých bola zabezpečená katalogizácia jednotlivých odrôd a novošľachtencov.

6.3 Rozsiahle výsledky štúdia experimentálnych údajov boli využité pre inováciu a rozšírenie klasifikátora pre hodnotenie hrachu ktoré boli v širších súvislostiach spracované aj v Metodickú príručku „Hodnotenie diverzity rodu *Pisum*“.

6.4 Výsledky z experimentálneho štúdia variability znakov, grafické výstupy z analýzy diverzity a rozsiahla obrazová dokumentácia listov, kvetov, strukov a semien sú spracovávané v rôznych špecializovaných databázach pre prípravu uceleného informačného systému pre evidenciu a hodnotenie genetických zdrojov hrachu GENOTYPDATA *PISUM* s využitím multimédií.

## 7. Prezentácia výsledkov na vedeckých podujatiach, vo vedeckej a odbornej tlači

7.1 AFG BRINDZA, J. - GAŽO, J. - STEHLÍKOVÁ, B.: The use of fuzzy sets in evaluation of *Pisum* genetic resources. In: IV International conference on fuzzy sets theory and its applications, Liptovský Mikuláš, 2 - 6 February 1998, s.19.

7.2 AFC BRINDZA, J. - BALOGH, Z. - ZIMMEROVÁ, J. - GAŽO, J.: Genotypdata - computerized information system for documentation and evaluation of genetic resources. In: PUZONE, L - HAZEKAMP, T: Characterization and documentation of genetic resources utilizing multimedia databases. Rome: IPGRI, 1998, s.22 - 27 ISBN 92-9043-388-4

7.3 AFK BRINDZA, Ján - GAŽO, Ján - SLAMĚNA, Zdeněk: Genotypdata *Pisum* - information system for evaluation and documentation of genetic resources from *Pisum sativum*. In: XXV International Horticultural Congress (IHC) Science and horticulture, interfaces and interactions. Brussels : b. v., 1998, s. 392.

7.4 BAB BRINDZA, J - GAŽO, J. - SLAMĚNA, Z. - ĎURKOVÁ, E.: Hodnotenie diverzity rodu *Pisum*. Učebné texty pre dištančné štúdium ochrana biodiverzity. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, 1998, 119 s. ISBN 80-7137-557-8

7.5 ADF GAŽO, J.: The application of hierarchical cluster analysis in evaluation of pea germplasm. In: Acta fytotechnica et zootechnica, roč. 2, 1999, mimoriadne číslo, s. 84.

- 7.6 AED STEHLÍKOVÁ, B. - GAŽO, J.: Použitie fuzzy množín pri konštrukcii hraníc deskriptorov. In: Genetické zdroje rastlín, Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 1999, s. 60 - 62, ISBN 80-7137-668-X
- 7.7 AED GAŽO, J. - STEHLÍKOVÁ, B.: Použitie fuzzy množín pri hodnotení rastlinných genetických zdrojov. In: Genetické zdroje rastlín, Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 1999, s. 55 - 59, ISBN 80-7137-668-X
- 7.8 AFK BRINDZA, Ján - BALOGH, Zoltán - GAŽO, Ján - ZIMMEROVÁ, Jarmila: Development and processing of specialized plant germplasm databases. In: International Conference on Science and Technology for Managing Plant Genetic Diversity in the 21st Century. Kuala Lumpur: IPGRI Rome, 2000, s. 53.
- 7.9 BED GAŽO, Ján - BRINDZA, Ján - SLAMĚNA, Zdeněk: Biologická a hospodárska cennosť domáceho sortimentu hrachu siateho. In: BRINDZA, Ján: Perspektívy genetiky, šľachtienia a semenárstva rastlín. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 2000, s. 66-70. ISBN 80-7137-792-9
- 7.10 DAI GAŽO, Ján: Biologická a hospodárska cennosť domáceho sortimentu hrachu: Dizertačná práca. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 2000, 176 s.

## **8. Zapojenie doktorandov na riešení problematiky**

Na vecnú etapu nadväzovala doktorandská práca: “Biologická a hospodárska cennosť domáceho sortimentu hrachu siateho (*Pisum sativum* L.)”, Ing. Jána Gaža, PhD z Katedry genetiky a šľachtienia rastlín, AF SPU v Nitre, školiteľom bol doc.Ing. Ján Brindza, CSc., Školiteľom špecialistom Ing. Zdeněk Slaměna, CSc. Práca bola obhájená a ukončená v roku 2000.

## **9. Zapojenie študentov na riešení problematiky formou diplomových prác**

- 9.1 Využitie úsekovej analýzy u hrachu siateho, diplomant: Šarina Bystrík, KGŠR pri SPU v Nitre, školiteľ: Ing. Ján Gažo, PhD.
- 9.2 Príprava dát pre obrazovú databázu GENOTYPDATA *PHASEOLUS*, diplomant: Gardian Zdeno, KGŠR, školiteľ: Ing. Ján Gažo, PhD.
- 9.3 Príprava dát pre obrazovú databázu GENOTYPDATA *PISUM*, diplomant: Srogoň Miroslav, KGŠR, školiteľ: Ing. Ján Gažo, PhD.
- 9.4 Hodnotenie genetických zdrojov fazule obyčajnej (*Phaseolus vulgaris* L.) s využitím zhlukovej analýzy, diplomant: Broško Marek, KGŠR pri SPU v Nitre, školiteľ: Ing. Ján Gažo, PhD.

## **10. Zahraničná a domáca spolupráca**

10.1 spolupracujúce inštitúcie:

Šľachtiteľská stanica Horná Streda (Legusem s.r.o)/ spolupráca pri realizácii poľných pokusov, spolupráca pri štatistickom vyhodnocovaní, riešiteľský kolektív VE

## **11. Návrh na využitie dosiahnutých výsledkov a realizačné výstupy z riešenia problematiky**

11.1 Sústredená kolekcia je prístupná pre vzdelávacie, výskumné, študijné a šľachtiteľské využitie. Premnožené osivá zo sústredenej kolekcie sú k dispozícii na VÚRV v Piešťanoch a na ŠS Horná Streda (Legusem s.r.o).

- 11.2 Uvedená kolekcia bola komplexne zhodnotená na významné biologické, morfológické a hospodárske znaky na základe ktorých bola zabezpečená katalogizácia jednotlivých odrôd a novošľachtencov, ktorá bude v konečnej podobe poskytnutá odbornej a ostatnej verejnosti na úrovni účelovej publikácie a formou CD-ROMu.
- 11.3 Metodická príručka „Hodnotenie diverzity rodu *Pisum*“. Sa v súčasnosti prakticky využíva vo vzdelávaní, vo výskume a súčasne tvorí modelový základ pre prípravu a spracovanie obdobných príručiek pre ostatné rastlinné druhy.
- 11.4 V práci prezentované výsledky poskytujú mnohé údaje a informácie ktoré sú prakticky využiteľné pri štúdiu a uchovávaní kolekcie hrachu v génových bankách a taktiež aj pri výbere genotypov v šľachtiteľských programoch ako aj pri formovaní šľachtiteľských cieľov pri hrachu.

## 12. Súhrn

Cieľom vecnej etapy bolo sústrediť kolekciu hrachu siateho vyšľachteného na území bývalého Československa. V hodnotenej kolekcii sme zhotovili obrazové záznamy z jednotlivých genotypov na úrovni listov, kvetov, strukov a semien. Bol vypracovaný systém pre hodnotenie a opis diverzity kolekcii genetických zdrojov hrachu. Počas riešenia výskumnej etapy sa opísala a zhodnotila biologická a hospodárska cennosť sústredenej kolekcie. Na základe štúdia variability hrachu v poľných pokusoch sme okrem určovania vzťahov medzi sledovanými znakmi súčasne vyhľadávali aj genotypy ktoré sa vyznačovali odchýlkami, alebo zvláštnosťami v závislostiach medzi sledovanými kvantitatívnymi znakmi. Detekcia týchto genotypov súčasne poskytuje možnosti pre ich detailnejšie štúdium ako aj praktické využitie pri tvorbe nových genetických zdrojov, alebo aj priamo v šľachtení.

**13. Kľúčové slová:** hrach, klasifikátor, genetické zdroje, korelačná analýza, obrazová databáza