

The elution of polyphenols from the growing filtration cake with time is probably very complex chromatographic process of both ion-exchange and size-exclusion type. The findings are important for the effective control of beer stabilization process, particularly in the case of the regenerable PVPP technology.

Sladký, P. – Dienstbier, M.: Turbidimetrická Titrationsanalyse der klassischen Kieselgurfiltration. Kvasny Prum. 49, 2003, Nr. 7–8, S 188–191.

Im Verlauf der klassischen Anschwemm-Gurfiltration wurden in zwei Lichtstreuungswinkeln die Trübungen des filtrierten Bieres gemessen, wobei die Probenahme im Durchfluss und an dem Austritt aus dem Filter erfolgte. Obwohl die am Anfang und am Ende gemessene Trübungswerte nicht markanter differenziert waren bzw. eine mässig sinkende Tendenz zeigten, konnte bei Applikation des thermischen Shockierens eine markante Verschlechterung der kolloidalen Stabilität des Bieres am Ende der Filtration im Vergleich mit dem Bier beobachtet werden, das am Anfang der Filtration den Filter verliess.

Mittels der schnellen und billigen Methode der turbidimetrischen Analyse auf dem Prinzip von Chapons Testen auf Tannoide und auf die alkoholische Kältetrübung wurde festgestellt, dass im Verlauf der Filtration im Filtrat die Tannoide zunehmen. Wie die weiteren

Kontrollmessungen zeigten, wurde mit der wachsenden Filtrationsdauer im Filtrat auch die Zunahme der Anthocyanogene und der gesamten Polyphenole festgestellt.

Das beobachtete Auswaschen des gesamten Spektrums der polyphenolhaltigen Komplexe, die bereits früher in der Filtrationschicht näher zur Unterlage aufgehalten wurden, in das Substrat stellt wahrscheinlich einen komplexen chromatographischen Prozess von einem Ionen-Austausch- und Filtrationsgrösse- bzw. Ausscheidungscharakter dar. Mit der Filtrationsdauer sinkt wahrscheinlich auch die Löslichkeit der Protein-Phenolkomplexe, die in der Filtrationschicht bereits aufgehalten werden mit der zunehmenden Mengs weiterer, überwiegend proteinhaltiger Komplexe, wodurch eine Ausbalancierung des Ausfällungs- bzw. Löslichkeitsverhältnisses zwischen ihnen und den Polyphenolen zustande kommt.

Сладкий, П. – Диевстбьер, М.: Турбидиметрический титриметрический анализ классического фильтрования кизельгуром. Kvasny Prum. 49, 2003, No. 7–8, стр. 188–191.

В течение классической намывной фильтрации кизельгуром были измерены в двух углах рассеяния света мути фильтрованного пива методом in-line и отбором проб на выходе фильтрующего устройства. Хотя величины мути, измеренные на входе и на выходе процесса фильтрования,

слишком не отличались, или незначительно понижались, наблюдалось значительное ухудшение коллоидной стабильности пива методом температурного шока в конце фильтрования по сравнению с пивом поступающим из фильтра в начале процесса.

При помощи быстродействующего недорогого метода турбидиметрического анализа на принципе тестов на содержание таннидов по Хапону (Chapon) и алкольных помутнений при низких температурах было установлено, что содержание таннидов в течение фильтрования во фильтрате повышается. По результатам контрольного измерения с нарастающим временем продолжения фильтрования было установлено, что количество антоцианогенов и суммарных полифенолов повышается.

Наблюдаемое отмучивание целого спектра комплексов богатых полифенолами, задерживаемыми раньше во фильтрате во слое ближе фильтрующей перегородки, правдеподобно является комплексным хроматографическим процессом, характеризующим обменом ионами, размером фильтруемых частиц, или их выделением.

С временем фильтрования правдеподобно понижается также растворимость протеин-полифеноловых комплексов уже задерживаемых в фильтрующем слое с нарастающим количеством дальнейших комплексов, в большинстве содержащих протеины, в результате которых происходит изменение осаждающего, или растворяющего отношения между ними и полифенолами.

ZÁKLADNÍ PRINCIPY ŠLECHTĚNÍ SLADOVNICKÉHO JEČMENE (2. ČÁST)

BASIC PRINCIPLES OF MALTING BARLEY BREEDING (PART 2)

IVAN LANGER, SELGEN, a. s., Šlechtitelská stanice Stupice, 250 84 Sibirna

Klíčová slova: ječmen, šlechtění, kvalita

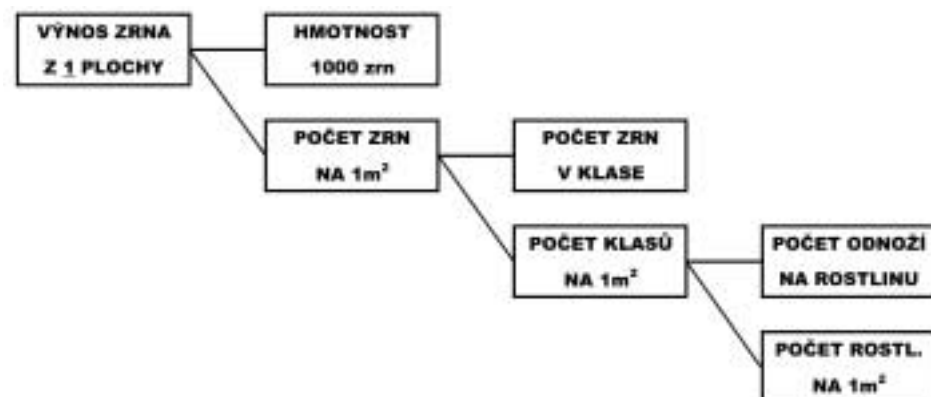
Keywords: barley, breeding, quality

STRATEGIE A METODY VÝBĚRU NA JEDNOTLIVÉ ZNAKY

V rámci použité metody šlechtění je nutno zvolit správnou strategii výběru na jednotlivé požadované znaky. Přitom se musí přihlížet jednak ke genetickému založení toho kterého znaku, jednak k technické a ekonomické náročnosti výběru na tento znak. Na jednoduše geneticky založené znaky lze vybírat v ra-

nějších generacích a výběr je možný mezi jednotlivými rostlinami nebo mezi potomstvy rostlin na malých parcelkách. Sem bychom mohli zařadit např. znaky ranost, délka rostliny nebo odolnost proti některým chorobám. Naproti tomu výběr na polygenně založené znaky, u kterých dochází k silné interakci s prostředím, musí být prováděn na větších parcelkách v přesných pokusech s několika opakováními, v různých lokalitách a v průběhu

několika let. K takovým znakům patří především výnos, ale i např. komplex sladovnické jakosti. Výsledky výzkumu z řady oborů (genetika, biochemie, fyziologie aj.) přinášejí stále nové metody testování nejrůznějších charakteristik ječmene, některé jsou však finančně i pracovně velmi náročné, a jejich případné využití proto musí mít své opodstatnění v očekávaném přínosu k vyšlechtění nových odrůd.



Obr. 8 Struktura výnosu zrna

VÝNOS ZRNA

Výnosový potenciál je značně komplexní znak determinovaný velkým počtem genů a jeho realizace je závislá na mnoha jiných vlastnostech (odolnost proti poléhání, odolnost proti chorobám atd.) a na podmínkách prostředí (silná interakce genotypu s prostředím) [17, 18].

Výnos zrna z jednotky plochy můžeme rozložit na jednotlivé složky výnosu (obr. 8). Výnos je dán hmotností tisíce zrn a počtem zrn na 1 m², který je výslednicí počtu zrn v klase, a počtem klasů na 1 m² (ten můžeme posléze vy-



Obr. 9 List ječmene napadený padlým travníkem



Obr. 10 Fytoškolka na testování odolnosti proti hnědé skvrnitosti

jádrít jako součin počtu plodných odnoží na jedné rostlině a počtu rostlin na 1 m²). Počet odnoží na jedné rostlině je silně variabilní a závisí na hustotě porostu, výběr na tento znak je málo účinný. Počet zrn v klasu, a zejména hmotnost tisíce zrn jsou prostředím ovlivňovány podstatně méně a výběr na tyto znaky může mít určitý pozitivní vliv na celkový výnos. Je třeba si ale uvědomit, že mezi složkami výnosu se uplatňuje vzájemná kompenzace, např. při malém počtu rostlin na jednotku plochy rostliny více odnoží, klasy budou delší a hmotnost tisíce zrn bude vyšší. Důležitá je znalost fyziologie tvorby výnosu, účinnosti asimilace, transport, ukládání a relokace asimilátů do zrna. Stéblo v průběhu vegetace akumuluje značné množství asimilátů, které jsou v době nalévání zrna do něj přesouvány. To je jeden z důvodů, proč nebyly úspěšné snahy o vyšlechtění velmi krátkých odrůd ječmene [19]. Poměr mezi hmotností zrna a hmotností celkové nadzemní biomasy (tzv. sklizňový index) [20] je důležitou charakteristikou odrůd a v současné době se u většiny moderních odrůd pohybuje kolem optimální hodnoty 0,5. Dalšího zvýšení výnosů bude možno dosáhnout patrně vyšší produkcí celkové nadzemní biomasy při zachování sklizňového indexu.

Velmi málo jsou známy možnosti zvyšování výnosového potenciálu šlechtěním na vlastnosti kořenové soustavy. Variabilita morfologie a fyziologických funkcí kořenů jistě není menší než variabilita nadzemních částí rostlin, avšak technické obtíže hodnocení kořenové soustavy až doposud neumožnily praktické využití selekce podle jejích vlastností.

U různých odrůd může být stejný výnos dán různou kombinací výnosových složek. Výnos je především funkcí porostu pěstovaného za provozních podmínek, a proto konečný výběr musí být prováděn na výnos jako takový, na větších parcelkách, v pokusech s více opaková-

ními, na mnoha lokalitách a ve více letech. Pokusy musejí být založeny tak, aby je bylo možno vyhodnotit vhodnými statistickými metodami, které dovolují stanovit mnoho důležitých charakteristik: kromě průměrného výnosu např. významnost rozdílů mezi odrůdami, velikost interakce s prostředím (stabilitu výnosu) a další cenné údaje.

AGRONOMICKÉ A HOSPODÁŘSKÉ VLASTNOSTI

Aby odrůda mohla být úspěšně pěstována, musí mít i řadu dalších vlastností, které ovlivňují výnos, jeho stabilitu, ale také ekonomiku a rentabilitu pěstování. Zde můžeme jmenovat např. vhodnost pro určité výrobní podmínky (teplotní, srážkové a půdní poměry), délku vegetační doby, výšku porostu, odolnost proti poléhání a lámání stébla, schopnost odnožování, toleranci k suchu nebo naopak zamokření, toleranci k vyšší půdní kyselosti, odolnost proti poškození zrna při sklizni [21–24]. Do šlechtitelského procesu musí být výběr na akceptovatelnou úroveň těchto znaků rovněž zařazen. Využívá se hodnocení v polních podmínkách (různé lokality, víceleté pokusy), případně uměle navozené vláhové podmínky. K posouzení tolerance k nízkému pH, a s tím spojené tolerance k toxickému působení hliníkových iontů, se používají laboratorní testy. Odolnost proti poléhání lze hodnotit v provokačních podmínkách – hustý výsev, vysoké dávky dusíku.

ODOLNOST PROTI CHOROBÁM

Na jarním ječmeni se vyskytuje řada chorob, které mohou podstatně snížit nejen hektarové výnosy, ale i jakost sklizeného zrna. Pěstitel má sice k dispozici mnoho pesticidních přípravků, kterými lze vyskyt chorob omezit, ale prostředky samotné i jejich aplikace na poli nejsou levnou záležitostí. Pěstování odrůd odolných proti chorobám chemické ošetření eliminuje nebo podstatně

omezuje, což je velmi pozitivní nejen z hlediska ekonomického, ale i ekologického.

Předpokladem úspěchu šlechtění na odolnost proti chorobám je existence a dostupnost donorů odolnosti, znalost genetického založení rezistence, znalost biologie patogenu a použití vhodných metod selekce na odolnost.

Genetickými zdroji odolností mohou být pěstované odrůdy, místní a krajové odrůdy nesoucí požadované geny rezistence. V posledních letech bylo identifikováno mnoho nových genů rezistence v populacích divoce rostoucího ječmene *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* a také v *Hordeum bulbosum* [25–28].

Podle genetického založení můžeme rezistenci rozdělit do dvou hlavních typů [29]. Prvním z nich je odolnost založená jedním genem velkého účinku (major-gen), nazývaná též **vertikální** nebo **rasově specifická** [30]. Z hlediska šlechtění je práce s tímto typem odolnosti jednodušší a výběr odolných genotypů snazší. Nevýhodou je možnost, že v populacích patogenu dojde ke změně virulence a daný gen rezistence přestane být účinný. Druhý typ, **horizontální**, **rasově nespecifická**, **polní odolnost** je geneticky podmíněna více geny, může být i jen částečná, bývá však trvalejší než odolnost rasově specifická. Výběrové postupy na horizontální odolnost jsou však mnohem náročnější.

Biologie patogenu, způsob jeho rozmnožování a přenosu, a také spektrum druhů rostlin, na kterých parazituje, jsou důležitými faktory při hledání vhodného mechanismu rezistence a volbě selekčních metod. U některých chorob je selekce jednoduchá a nenáročná, u jiných velmi složitá a pracná.

Podle druhu choroby, vlastností donorů, genetické podstaty odolnosti a biologie patogenu se volí odpovídající metody výběru na rezistenci. Hlavními metodami výběru na odolnost jsou: – hodnocení linií v polních podmínkách při přirozené infekci,

- testování v polních fytoškolkách při umělé infekci,
- hodnocení v skleníkových podmínkách,
- různé typy laboratorních testů.

Nejdůležitějšími chorobami jarního ječmene jsou padlí travní (*Blumeria graminis*), rez ječná (*Puccinia hordei*), hnědá skvrnitost (*Pyrenophora teres*), rhynchosporiová skvrnitost (*Rhynchosporium secalis*), fusariozy (*Fusarium* sp.), ramularie (*Ramularia collo-cygni*) a žlutá virová zakrslost (BYDV).

Zajímavým vývojem prošlo šlechtění na odolnosti proti **padlí travnímu** (obr. 9). V počátcích cíleného využívání rezistence bylo identifikováno velké množství genů odolnosti v různých kulturních a krajových odrůdách a populacích. Tyto geny byly více či méně využívány ve šlechtění nových odrůd, v současné době však již nejsou účinné. Významnou roli sehrávají alely lokusu *Mla*, který je umístěn na krátkém rameni chromosomu 1H. Ve šlechtění byly nejvíce využity alely *Mla3*, *Mla6*, *Mla9a* a *Mla13*, nově vznikající rasy padlí však tyto odolnosti překonaly. Když pozbyl efektivnosti gen *Mla13*, zdálo se, že dochází ke krizi ve šlechtění na odolnost proti padlí travnímu, protože nebyly známy další nové zdroje rezistence. Potom však byl objeven zcela jiný typ odolnosti, rasově

by neměla být v nejbližší budoucnosti překonána. V České republice byla první odrůda s genem *mlo* (Forum) registrována v roce 1993, následována odrůdou Atribut (1996) a dalšími odrůdami. V současné době má většina nově registrovaných odrůd tento typ odolnosti proti padlí. Další bohatý zdroj genů rezistence proti padlí travnímu (a nejen proti této chorobě) byl nalezen v populacích divokého ječmene *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*, který se dodnes vyskytuje v oblasti Středního Východu [33]. V tomto ječmeni byla detegována celá další série alel lokusu *Mla*, ale i jiné, dosud neznámé geny. *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* je již ve šlechtitelských programech využíván. První odrůdy s novými odolnostmi byly registrovány v Německu a v brzké době lze očekávat i registraci českých odrůd s těmito geny rezistence proti padlí travnímu. Intenzivně se pracuje i na kumulaci více různých genů rezistence do jednoho genotypu, aby byla zajištěna delší trvalost odolnosti.

Rez ječná je méně nebezpečná choroba, protože se objevuje většinou až koncem vegetační doby, kdy již nemůže způsobit vážnější škody. Ve šlechtění byl využíván gen *Pa3*, který však již není efektivní, další používaný gen *Pa7* však účinnosti dosud nepozbyl [34]. Nové zdroje odolnosti byly nalezeny opět v *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* a také v *Hordeum bulbosum* [35, 36]. Jsou známy také odrůdy s horizontálním typem odolnosti (tzv. pomalé rezivění) [37].

Hnědá skvrnitost a rhynchosporiová skvrnitost jsou fakultativními parazity, které nejsou diferencovány do jasně rozlišitelných patotypů. Hnědá skvrnitost se vyskytuje ve dvou formách, které se liší tvarem hnědých skvrn na listech. Technika infekce při testování odolnosti je u těchto chorob podstatně náročnější než u padlí a rzi (obr. 10). Jsou známy geny odolnosti proti hnědé a rhynchosporiové skvrnitosti, ale jedná se většinou o odolnost částečnou [38, 39].

Nově nabývají na důležitosti další choroby. První z nich je **ramulariová skvrnitost**, která byla v ČR poprvé identifikována v roce 1998 ve ŠS Stupice. K nám se rozšířila z Bavorska a Rakouska. Postihuje především horní patra listů v době po vymetání, kdy se začínají nejprve objevovat drobné hnědé skvrnky, které se rychle zvětšují a slévají, až ve velmi krátké době zničí celou zelenou plochu listů [40]. Identifikace choroby podle skvrn je obtížná, ověřuje se možnost využití k tomuto účelu chemické barvené reakce v laboratorním testu na segmentech listů. Pod mikroskopem můžeme na napadených listech rozpoznat konidiofory s charakteristickým tvarem, těžko zaměnitelným s jinou chorobou (obr. 11). Ostatně podle tohoto tvaru do-

stala choroba i své jméno (*collo-cygni* – labutí krk). Předčasné zničení listové plochy má negativní vliv na výnos, velikost zrna i sladovnickou jakost. Největším problémem šlechtění na odolnost proti této chorobě jsou velmi omezené zdroje rezistence. Není znám žádný gen úplné odolnosti, pouze byly nalezeny některé odrůdy poněkud méně napadené. Metody umělé infekce stejně jako hodnocení stupně napadení jsou značně technicky a pracovní náročné.

Jinou závažnou chorobou ječmene, která se dostává do popředí pozornosti, je **fusarioza**, způsobovaná houbami rodu *Fusarium*, u nás hlavně druhy *F. graminearum* a *F. culmorum*. K infekci kvítků ječmene dochází v době kvetení, nejvíce za vlhkého a teplého počasí. Mycelium houby prorůstá zrnem, na jehož povrchu tvoří růžový povlak. Zrno bývá svraskalé, špatně vyvinuté. Hlavní nebezpečí představují produkované toxiny (nivalenol, deoxynivalenol, zearalenon a další), které jsou již ve velmi slabých koncentracích zdravotně závadné a mohou být příčinou závažných onemocnění. K jejich deaktivaci nedochází ani při výrobě sladů, ani při vaření piva. Kromě zdravotních rizik mohou fusaria přispívat také ke vzniku přepěňování piva (gushing). Šlechtění na odolnost proti této chorobě je značně nesnadné. Jsou známy genové zdroje pouze částečné odolnosti a většinou se jedná o odrůdy málo intenzivní a neadaptované na naše přírodní podmínky, po křížení s nimi se obtížně hledají akceptovatelné linie. Polní hodnocení je velmi nespolehlivé, umělá infekce fytoškolék náročná a hodnocení stupně napadení zrna je rovněž velmi pracné. Navíc v mnoha případech stupeň zjevného napadení zrna nekorresponduje s množstvím vytvořených toxinů. Laboratorní stanovení toxinů je možné, ale rovněž se jedná o pracovní a finančně náročnou záležitost [41, 42]. Přes všechny tyto potíže šlechtění na odolnost proti fusariose pokračuje a bylo již dosaženo některých dílčích úspěchů.

Do zcela jiné skupiny chorob patří **žlutá virová zakrslost ječmene** (BYDV – Barley Yellow Dwarf Virus). Jak je již z názvu patrné, jedná se o chorobu, jejíž původci jsou rostlinné viry. Způsobuje žloutnutí listů, při rané infekci zakrslost rostlin, které vůbec nevymetají. Při silné infekci mohou být ztráty značné. Přenášena je mšicemi, které se nakazí sáním na nemocných rostlinách některých trav, potom migrují do porostů ječmene, kde infikují rostliny této plodiny. Pro šlechtění se využívá zdrojů s genem odolnosti *Yd2* případně některých odrůd s větším či menším stupněm tolerance k BYDV. Testování s použitím umělé infekce je nesmírně náročné, protože zahrnuje chov přenašeče – mšic –, jejich nakažení virem BYDV, přenesení vždy stejného počtu jedinců mšic na testo-



Obr. 11 Konidiofory houby *Ramularia collo-cygni*

nespecifický a podmíněný recesivním genem *mlo*, lokalizovaným na chromosomu 4H. Zatímco ostatní geny fungují na principu hypersenzitivity, kdy po napadení buňky dojde k jejímu odumření, a tím i k odumření parazita, u odolnosti typu *mlo* buňka na snahu klíčící spory prorůst buněčnou stěnou do cytoplasmu reaguje tak, že se stěna buňky začne v místě útoku zevnitř ztlušovat, a tím zabrání vniku hyfy do buňky [31]. Odolnost *mlo* má velké výhody v tom, že je efektivní proti všem rasám padlí a že její účinnost má dlouhodobý charakter [32]. Podle geneticko-fytopatologických studií

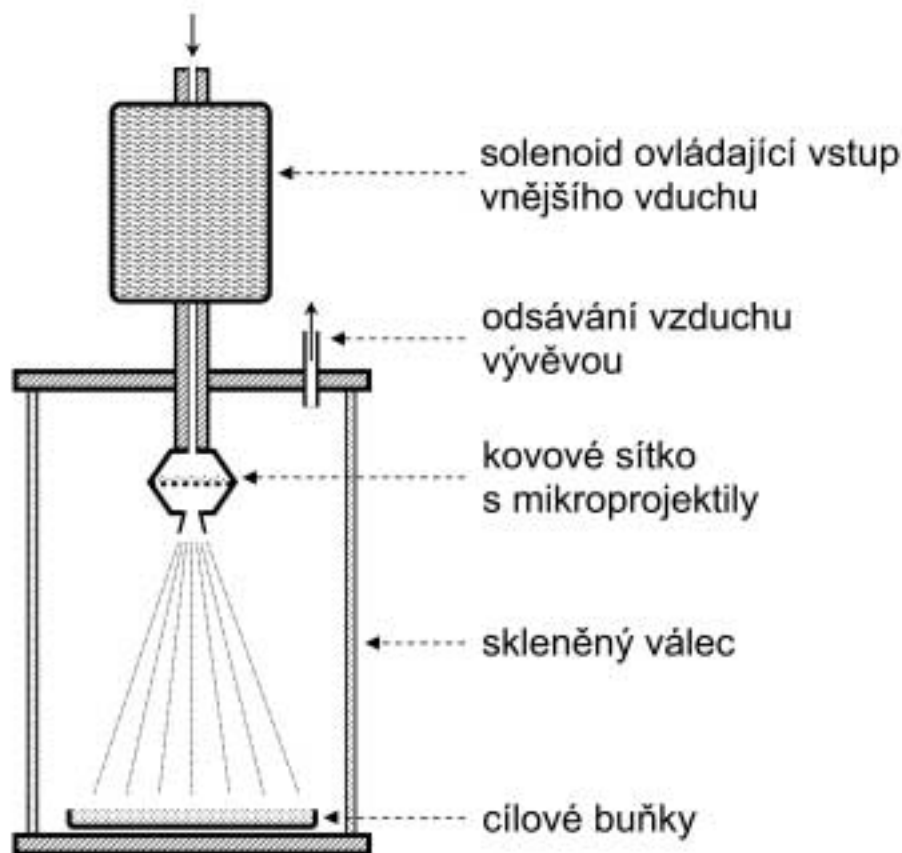
vané linie pod izolačními sítěmi a potom hodnocení symptomů choroby [43]. I zde již bylo dosaženo určitého pokroku, v domácím sortimentu odrůd mají vyšší stupeň tolerance k BYDV např. Malvaz a Atribut.

SLADOVNICKÁ JAKOST

Jakost sladu je výsledkem hydrolytické aktivity mnoha enzymů, které rozkládají vysokomolekulární zásobní látky zrna na látky jednoduché, ve vodě rozpustné. Ty potom slouží jako substrát pro kvasinky při kvašení piva a podílejí se na jeho organoleptických vlastnostech. Sladovnická jakost je velmi komplexní znak, z hlediska genetického polygenně determinovaný velkým množstvím genů. Ale i jednotlivé parametry jakosti – obsah bílkovin, extrakt, relativní extrakt při 45 °C atd. – jsou znaky kvantitativní povahy, silně ovlivňované prostředím [44]. Základním předpokladem pro produkci jakostního sladu je odrůda s vysokým genetickým potenciálem sladovnické jakosti. Realizace tohoto potenciálu je však do značné míry závislá na faktorech prostředí – půdních a klimatických podmínkách, agrotechnice, sklizni a skladování. Jako vnější prostředí musíme chápat i podmínky při sladování – vlhkost, teplota, doba klíčení atd. – kterými lze do jisté míry ovlivnit parametry sladu. Pokud jsou podmínky prostředí nepříznivé, potom ani z nejlepší odrůdy nelze vyrobit kvalitní slad.

Z hlediska šlechtění je důležité, jak skloubit selekci na jakost se selekcí na všechny ostatní znaky, na které parametry kvality vybírat, v které generaci a jaké metody použít.

V našich podmínkách se jakost odrůd hodnotí pomocí ukazatele sladovnické jakosti (USJ), který zahrnuje osm parametrů: obsah bílkovin v zrna ječmene, obsah extraktu, relativní extrakt při 45 °C, Kolbachovo číslo, diastatická mohutnost, dosažitelný stupeň prokvašení, friabilita a obsah β -glukanů ve sladině. Pro jednotlivé parametry jsou stanoveny jejich důležitost, minimální akceptovatelné hodnoty a optimální hodnoty (tab. 1 – viz první část článku, Kvasný Prum. 49(6), 2003, str. 156). Pro potřeby šlechtitelských programů je nutné stanovit parametry jakosti pro velké množství linií (řádově tisíce) za sezonu. Velikost sladovaných vzorků bývá 30–200 g, sladování probíhá v různých typech mikroskladoven vhodných pro šlechtitelské účely. Laboratorní rozbor sladu se provádějí podle metodik EBC, v případě potřeby modifikovaných podle velikosti vzorku. Kromě znaků pro USJ se hodnotí i znaky další, např. hmotnost tisíce zrn, podíly na sítěch, energie klíčení, vitalita, délka posklizňového dozrávání, příjem vody při namáčení, struktura endospermu, obsah škrobu, podíl pluch aj. Pokrok v ob-



Obr. 12 Schéma zařízení na ostřelování tkání mikroprojektily

lasti biochemie, fyziologie a genetiky přináší mnohem detailnější poznání metabolických a biochemických procesů, které během sladování a výroby piva probíhají. Genetické inženýrství a inženýrství bílkovin umožňují dříve neuskutečnitelné zásahy do celého enzymatického procesu, které se projeví ve výsledné kvalitě sladu a piva.

Pro šlechtění na jakost je zapotřebí znát, jak silně jsou jednotlivé znaky ovlivňovány prostředím, a podle toho volit příslušný pokusný design, generaci a metodu selekce. Nejvyšší hodnotu dědivosti má obsah extraktu, následují (v sestupném pořadí) diastatická mohutnost, Kolbachovo číslo, dosažitelný stupeň prokvašení, relativní extrakt při 45 °C, hmotnost tisíce zrn, obsah bílkovin, rozdíl v extraktu moučka/šrot a objemová hmotnost [47].

Již z individuálních výběrů rostlin lze hodnotit sklizené zrna na velikost a tvar zrna, na jemnost a barvu pluchy. Hodnocení se provádí bez přístrojů pouhým prohlédnutím zrna. Existují sice přístroje, které jsou schopny tvar a barvu zrna rozpoznat a analyzovat [45], ovšem zařízení a potřebný software jsou nákladné a je otázka, zda může plně nahradit zkušenosti šlechtitele.

Velké možnosti šlechtitelům přináší NIR (Near Infrared) spektrometrie, protože se jedná o metodu nedestruktivní, zrna není nijak znehodnoceno a může být použito pro výsev do další generace. Proto může být použita již v raných ge-

neracích, kdy je k dispozici jen malé množství zrna. V zrna ječmene lze poměrně přesně stanovit vlhkost a obsah bílkovin, poněkud méně přesné je hodnocení obsahu škrobu a extraktu, pouze orientační hodnoty pro hrubé rozdělení na „dobré“ a „špatné“ dává hodnocení diastatické mohutnosti. Stanovení rozpustného α -aminodusíku, rozpustných bílkovin, obsahu β -glukanů a β -glukanasy je nepřesné, a proto nepoužitelné [46]. Dobře použitelná je NIR metoda na analýzu celých zrn sladu, kdy můžeme s dostatečnou přesností hodnotit extrakt, diastatickou mohutnost, rozpustný α -aminodusík, rozpustné bílkoviny, obsah β -glukanů a β -glukanasy. Autoři citované publikace doporučují použití NIR metody ve dvou fázích: nejprve v raných generacích orientační hodnocení extraktu a diastatické mohutnosti ze zrna ječmene a vyloučení „špatných“ linií, potom v pozdějších generacích přesnější stanovení extraktu, diastatické mohutnosti, rozpustného α -aminodusíku, rozpustných bílkovin, obsahu β -glukanu a β -glukanasy z celých zrn sladu.

Zrna z linií ve výnosových pokusech je sladováno a slad podroben klasickým laboratorním rozborům. V prvním roce výnosových zkoušek bývá prováděno stanovení bílkovin a extraktu, v následujících letech se postupně přidává hodnocení dalších znaků, a před zařazením nejlepších materiálů do registračních zkoušek se hodnotí již všech osm parametrů jakosti a také délka dormance, in-

dex klíčení, případně další znaky. Kromě toho probíhá průběžně stanovení tvaru zrna, hmotnosti tisíce zrn a podílů na sítech.

Stejně jako u hodnocení ostatních vlastností také u sladovnické jakosti musí šlechtitel vždy volit určitý kompromis. Z technických a ekonomických důvodů musí být rozsah materiálu a počet sledovaných parametrů omezen na přijatelnou míru. Vývoj vědeckých poznatků i metod testování [48, 49] přináší stále nové možnosti zlepšování systému šlechtění na sladovnickou jakost a lze očekávat výrazný pokrok ve sladovnické jakosti odrůd ječmene.

MOLEKULÁRNÍ GENETIKA A BIOTECHNOLOGIE VE ŠLECHTĚNÍ JEČMENE

Doposud jsme se zabývali konvenčními metodami šlechtění ječmene. Současné poznatky v oblasti genetického inženýrství, biotechnologií a molekulární genetiky přinášejí nedávno ještě nepředstavitelné způsoby jejich aplikace v šlechtění. Pro šlechtění rostlin je přínosem především využití molekulárních markerů při selekci a možnost introdukovat do genomu ječmene zcela nové geny.

Využití molekulárních markerů v šlechtění

Marker je snadno detegovatelný znak, který je v těsné genetické vazbě s genem, na který je selekce zacílena. Výběrem rostlin, které mají odpovídající marker, vybíráme i na přítomnost žádoucího genu. V minulosti byly v šlechtění používány některé morfologické markery a markery založené na polymorfismu zásobních bílkovin (hordeinů) nebo některých enzymů (např. esteras). Možnosti těchto metod jsou ale omezené. Teprve rozvoj molekulární genetiky přinesl v tomto směru podstatný obrát.

Nositel dědičné informace jsou molekuly kyseliny deoxyribonukleové (DNA), které jsou v buňce rostliny pozorovatelné jako chromosomy. Dvojité šroubovice DNA je tvořena řetězcí nukleotidů, které obsahují purinové (adenin a guanin) a pyrimidinové (tymin a cytosin) báze. Posloupnost těchto čtyř bází v molekulách DNA kóduje jednotlivé aminokyseliny a jejich spojení do bílkovinných molekul – genových produktů, které řídí metabolismus jednotlivých buněk i celé rostliny. Genetická informace je uspořádána na molekule DNA lineárně do jednotlivých genů s různými funkcemi. V současné době je známo přesné umístění velkého počtu genů kódujících nejrůznější znaky a vlastnosti ječmene.

Různými metodami je možno podrobně analyzovat specifické krátké úseky DNA ječmene a určit jejich přes-

nou lokalizaci a strukturu. Pro využití ve šlechtění je podstatný polymorfismus DNA, tj. odlišnosti ve struktuře navzájem si odpovídajících úseků DNA u různých odrůd (linií). Pokud taková odlišnost mezi dvěma genotypy existuje, můžeme je podle těchto úseků DNA od sebe rozlišit. Molekulární (nebo také DNA) markery jsou krátké úseky kyseliny deoxyribonukleové vykazující polymorfismus, které jsou v těsné blízkosti (v genetické vazbě) s genem požadované vlastnosti. Protože se takový marker a gen, který je s ním v těsné vazbě, dědí společně, přítomnost markeru signalizuje také přítomnost daného genu. Výběrem rostlin nesoucích příslušný marker vybíráme i rostliny s příslušným žádaným genem. Takový postup je nazýván selekcí pomocí markerů (marker assisted selection, MAS). Přítomnost markeru se testuje na DNA odebrané z rostliny, stačí např. i jen malá část listu. Vlastní stanovení probíhá na speciálních přístrojích a je do značné míry automatizováno.

Metoda MAS je aplikovatelná pro selekci na nejrůznější znaky a vlastnosti. Předpokladem je znalost genetického založení znaku, lokalizace odpovídajícího genu či genů na chromosomu a existence, případně dostupnost vhodného markeru. U monogenně založených znaků je použití MAS celkem jednoduché, podstatně jiná je situace u kvantitativních znaků, které jsou podmíněny mnoha geny. Bylo zjištěno, že geny určující jeden kvantitativní znak bývají na chromosomech nahloucheny do jednoho či více krátkých úseků, bloků, do tzv. lokusů kvantitativních znaků (quantitative trait locus, QTL). Geny v těchto blocích jsou navzájem v genetické vazbě, jsou proto potomstvu předávány jako celek, a proto je možné i zde použít MAS. V přehledu uveřejněném na webové stránce Barley Genomics (Washington State University, Pullman WA, <http://barleygenomics.wsu.edu>), je v současné době (konec dubna 2003) uveden seznam téměř 1800 genů a markerů lokalizovaných v genomu ječmene. Souborný přehled současného stavu MAS a srovnání s konvenčními metodami šlechtění publikoval Thomas [50].

Možnostem využití MAS ve šlechtění a s tím spojeným metodickým otázkám je věnována velká pozornost [51–54]. Byly lokalizovány geny a QTL různých agronomických znaků, výnosu, charakteru zrna a dalších znaků [55–58]. Ve velkém měřítku jsou markery využívány při selekci na odolnost proti chorobám – padlí travnímu, rzi ječné, hnědé skvrnitosti, rhynchosporiové skvrnitosti, fusariím a virózám. Z velmi značného počtu publikací na toto téma uvádím v seznamu literatury alespoň některé [59–70].

Velké možnosti uplatnění MAS se nabízejí ve šlechtění na sladovnickou ja-

kost. Většina znaků sladovnické kvality je polygenního charakteru, exprese jejich QTL je do určité míry ovlivňována podmínkami prostředí. Výběr na kvantitativní znaky je již ve své podstatě obtížný, u jakostních znaků k tomu často přistupuje i časová a nákladová náročnost laboratorního stanovení, proto má MAS v této oblasti velkou perspektivu. Genotyp může do větší či menší míry ovlivnit tyto etapy technologického procesu výroby sladu a piva: máčení, klíčení, hvozďení, rmutování a filtraci sladiny [71]. V téže práci je uveden přehled známých markerů těchto znaků sladovnické jakosti: obsah bílkovin v zrně, hmotnost, tvar, tvrdost, délka a tloušťka zrna, protein ve sladině, β -glukany, α -amylasa, diastatická mohutnost a extrakt. Sladování je v podstatě proces degradace polysacharidů a bílkovin hydrolytickými enzymy a jakost sladu závisí na výsledku této hydrolyzy. Funkce jednotlivých enzymů je geneticky kódována jednoduše a mnoho genů řídících jejich aktivitu již bylo lokalizováno a lze tedy pro ně nalézt i vhodné DNA markery [72]. Geny *Amy1* a *Amy2* (β -amylasy) se nalézají na chromosomech 7H a 6H, *Bmy1* a *Bmy2* (β -amylasy) na 4H a 6H, *AgI* (β -glukosidasa) na 7H, *LD* (limit dextrináza) na 7H, *Glb* geny (β -glukanasy) – *Glb1* na 5H, *Glb2* na 7H, rodina *Glb31* až *Glb37* na 3H. Enzymatický systém redukující zásobní bílkoviny ječmene na peptidy a aminokyseliny je velmi složitý a působí v něm velký počet enzymů – endoproteinas a exopeptidas. Přehled 181 markerů různých znaků sladovnické jakosti uvádí Hayes et al. [73]. Hartl et al. našli řadu QTL pro Hartongovo číslo, index jakosti, tvrdost zrna, hrubý protein, rozpustný dusík, friabilitu, viskozitu a dosažitelný stupeň prokvašení [74]. Collins et al. [75] zjistili významný úsek na chromosomu 2H, kde se nachází QTL pro extrakt, ale i pro procento pluchatosti a rychlost klíčení. Uprostřed zkoumaného úseku se nachází marker xPSR108, který by mohl být využit pro selekci na jakost. Marquez-Cadillo et al. [76] se zabývali lokalizací QTL pro obsah bílkovin v zrně, rozpustný dusík, aktivitu β -amylasy, diastatickou mohutnost a extrakt. Ayoub et al. [77] referují o použití MAS pro selekci na QTL vysoké aktivity α -amylasy. Han et al. [78] lokalizovali tři QTL pro obsah β -glukanů v zrně ječmene, šest QTL pro obsah β -glukanů ve sladu, tři QTL pro β -glukanasu v zeleném sladu a pět QTL pro β -glukanasu v hotovém sladu. Takafuni Kaneko et al. [79] detegovali QTL pro aktivitu β -amylasy na chromosomech 1H, 2H a 5H, QTL pro termostabilitu se nacházely na chromosomech 4H a 2H. Li et al. [80] lokalizovali geny *Bmy1* a *Bmy3* do chromosomu 4H a gen *Bmy2* do 2H.

DNA markerů různých znaků a vlastností ječmene je známo již velmi mnoho

a stále přibývají další. Jaké je však současné praktické využití DNA markerů v šlechtění ječmene? Celkem jasná je situace u znaků jednoduše geneticky založených, u kterých je spolehlivost použití DNA markerů dostatečně vysoká. Limitujícím faktorem jsou zatím dosti vysoké náklady na vybavení a provoz příslušné laboratoře, proto je použití MAS rentabilní především u takových znaků, jejichž stanovení klasickými metodami je pracné a drahé. Předností MAS je možnost aplikace již v raných generacích a selekce na přítomnost více genů současně [81]. Velmi dobré uplatnění může mít MAS pro podstatné zkrácení cyklů zpětného křížení [82]. S výhodou se markery využívají při selekci na odolnost proti některým chorobám, jako jsou fusariosy, hnědá skvrnitost nebo žlutá virová zakrslost. Testování monogenně založené odolnosti proti padlí travnímu metodou infekce mladých rostlinek ve skleníku je velmi jednoduché a rychlé, proto by selekce s použitím DNA markerů byla neekonomická. Pro některé cíle ve šlechtění na odolnost proti této chorobě ale může být MAS nenahraditelná, a to při kumulaci více různých genů odolnosti (např. *mlo* a některé nové alely *Mla* z *H. spontaneum*) do jednoho genotypu. Současnou přítomnost obou genů nelze běžným způsobem testování rozpoznat.

Jiná je situace při aplikaci MAS na polygenně založené znaky. Lokalizace QTL i odvození QTL markerů je podstatně náročnější než u monogenně založených znaků. Největším problémem je však fakt, že lokalizace nalezených QTL je platná většinou pouze pro danou populaci odvozenou od určitého rodičovského páru, příslušné markery tedy nelze aplikovat pro selekci v jiné populaci. Proto má využití MAS na kvantitativní znaky v praktických šlechtitelských programech zatím omezený význam.

Limitujícím faktorem je i skutečnost, že na lokalizaci genů a vývoji markerů se do značné míry podílejí výzkumná pracoviště a laboratoře spadající do privátního sektoru, a výsledky jejich práce nebývají zveřejňovány, nebo jsou publikovány jen částečně a opožděně a pokud jsou vyvinuté markery uveřejněny, bývají patentově chráněny.

Transgenoze v šlechtění ječmene

Transgenoze je definována jako vnášení cizorodých genů do genomu. Touto technikou lze do genetické informace ječmene přidat nový gen, a to i z jiných druhů a rodů rostlin, ale třeba i ze zcela jiného organismu. Takto je možno genetickou výbavu ječmene doplnit o geny úplně nových znaků a vlastností, které nejsou v rámci druhu či rodu k dispozici a které proto nelze do genomu vnést konvenčními metodami – křížením. Pro transgenozi se používá několik různých technik, nejčastěji ostřelování buněk

mikroprojektily nebo vnášení pomocí bakterie *Agrobacterium tumefaciens*.

První stabilní transformace ječmene se podařila v roce 1994 [83]. Tkáň ječmene (embrya, kalusy) byly bombardovány mikroprojektily, což jsou mikroskopické kuličky inertního kovu (zlata, wolframu) o velikosti asi 1 µm, které byly ponechány v roztoku vektorové DNA a pak vysušeny, takže DNA ulpěla na jejich povrchu. Do buněk jsou vstřelovány pomocí různých vysokotlakých nebo naopak podtlakových zařízení (obr. 12). Buňky jsou dále pěstovány v tkáňových kulturách, kde se nejprve vytvářejí kalusy a v další fázi dochází k regeneraci rostlin. Při použití této metody musí vnášená DNA obsahovat selektovatelný gen, který umožňuje na agarovém médiu se selektivně látkou přežít pouze transgenním buňkám. Metoda má ještě řadu nedostatků a je stále zdokonalována. Cílem je dosáhnout efektivní produkce transgenních rostlin u všech odrůd, včlenit do cílového genomu pouze menší počet kopií genu, minimalizovat celkové narušení genomu a docílit stabilní exprese transgenů [84].

Agrobacterium tumefaciens je půdní bakterie, která způsobuje vytváření nádorků na kořenech některých dvouděložných rostlin. Vyznačuje se schopností vnášet své specifické geny, lokalizované v části DNA označované jako t-DNA (transfer DNA), do genomu buňky hostitelské rostliny. Jedná se o geny pro syntézu rostlinných hormonů a nádorově specifických látek (opiny), které slouží jako zdroj uhlíku, dusíku a energie pro samu bakterii. Pro účely transgenoze je t-DNA modifikována tak, že v ní jsou původní geny nahrazeny geny, které chceme přenést a dalšími pomocnými geny, které umožňují selekci transformovaných genotypů v tkáňové kultuře, případně dalšími geny regulujícími expresi transgenů. Rostliny vzniklé regenerací z tkáňových kultur obsahují ve svém genomu žádaný transgen. K selekci homozygotních transgenních rostlin se používají molekulární markery a různé enzymové systémy.

Využití *Agrobacterium tumefaciens* u jednoděložných rostlin bylo zprvu velmi obtížné. Úspěchů již bylo dosaženo u rýže, kukuřice, pšenice i ječmene, avšak všechny problémy nejsou zdaleka vyřešeny. Pozitivní stránkou této metody je poměrně vysoká frekvence získaných transgenů, malý počet kopií transgenů a téměř nulový výskyt polyploidie. Celá procedura je ale velmi pracná a zdoluhavá (10 měsíců do získání zrna), úspěšnost silně závisí na odrůdě, vyskytují se somaklonální mutace nebo jiná genetická poškození.

Patrně nejznámějším praktickým výsledkem transgenoze jsou polní plodiny odolné proti působení neselektivních herbicidů (např. „Roundup-ready“ plo-

diny) nebo proti různým chorobám a škůdcům. Dále jsou nebo v perspektivě budou využívány transgeny měnící chemické složení proteinů, lipidů, transgeny prodlužující trvanlivost plodů rajčat a řezaných květů, pro syntézu vakcín a jiných farmakologicky využitelných látek, enzymů, biodegradovatelných polyesterů, transgeny modifikující vývoj rostlin, barvu květů, obsah vitaminů aj. Punja [85] shrnuje stav a perspektivy transgenoze z hlediska rezistence proti houbovým chorobám.

Souhrn poznatků o využití transgenoze u ječmene publikovali Lemaux et al. [86], Horvath et al. [87] a Lörz et al. [88]. Byly již získány transgenní rostliny odolné proti fusariosám nebo rostliny s transgeny, které deaktivují toxiny produkované fusarií [89-91]. Velké možnosti se nabízejí ve využití transgenoze pro zlepšení sladovnické jakosti. Některé nadějně výsledky již byly dosaženy, např. byly do genomu ječmene vneseny geny zvyšující aktivitu α-amylasy, β-glukosidasy a termostabilní β-glukanasy. Úspěšné vložení transgenů termostabilní β-glukanasy publikovali i jiní autoři, např. Nuutila et al. [92] aj. Zajímavý efekt má transgen pro thioredoxin h, pocházející z genomu pšenice. Thioredoxin h je enzym regulující mobilizaci zdrojů dusíku a uhlíku v endospermu zrn pšenice při klíčení a růstu klíčících rostlin. Tento transgen vnesený do ječmene měl příznivý vliv na rychlost klíčení, zvýšil množství rozpustného dusíku, zvýšil rychlost syntézy α-amylasy a čtyřikrát zvýšil aktivitu limitní dextrinasy [93]. Na zlepšení sladovnické jakosti pomocí transgenů, ovlivňujících metabolismus během klíčení, se intenzivně pracuje a byla již publikována celá řada dalších výsledků.

Praktické využití transgenoze u ječmene je v samých začátcích, a je nutno překonat ještě mnoho překážek. Je žádoucí zvýšit výťažnost transgenních rostlin, obejít se bez selektovatelných markerů založených na citlivosti k antibiotikům nebo herbicidům, překonat závislost procenta získaných transgenních rostlin na genotypu, umožnit inzerci transgenů do určitého místa genomu, zlepšit možnost regulovat expresi transgenů, snížit frekvenci somaklonálních mutací atd. Vložené transgeny nemají vliv pouze na jediný znak, ale v závislosti na genomovém pozadí mění mnoho metabolických procesů v buňce, mají pleiotropický efekt a celkový výsledek lze těžko předpovídat. Zásadní důležitost má účinek transgenů na výnos zrna a na ostatní hospodářské vlastnosti ječmene. Dosavadní údaje se v tomto směru navzájem dost liší. Harwood et al. [94] zjistili u zkoušených transgenních linií kratší stéblo a u některých linií pozdnější kvetení, ale žádné rozdíly ve složkách výnosu ani ve výnosu z parcely prokázány nebyly. Naproti tomu Bregitzer a Halbert [95] zjistili u většiny z 44 linií po-

cházejících z 15 nezávislých transformací redukcí výšky rostliny, životnosti i výnosu zrna. Podobné rozdílné výsledky publikovali i další autoři.

Transgenoze dává do budoucna ohromné možnosti zlepšení všech důležitých znaků a vlastností ječmene. Je třeba si ale uvědomit, že vnesení cizího genu do sbalancovaného genomu může ovlivnit mnoho metabolických procesů a fenotypických projevů, že rostlina má velké schopnosti kompenzace změny jednoho znaku změnami znaků jiných a že realizace genetického potenciálu znaků je závislá na interakci genotypu s prostředím. Získané transgenní rostliny můžeme proto považovat za výchozí materiál pro další šlechtění a pro selekci stabilních genotypů, ve kterých bude transgen v souladu s celým genovým pozadím. Jen tak bude možno dojít k transgenním odrůdám s vyhovujícími hospodářskými vlastnostmi.

Pro uplatnění transgenních odrůd v praxi bude rozhodujícím faktorem, zda spotřebitel bude takové odrůdy a produkty z nich vyrobené akceptovat. Platí to pro všechny produkty a u tak tradičního výrobku, jakým je pivo, to platí dvojnásob. Současná celosvětová široce publikovaná diskuse o geneticky modifikovaných organismech (GMO), vedená často z nevědeckých pozic na obou stranách bariéry, vzbuzuje všeobecné pochybnosti o nezávadnosti GMO z hlediska zdravotního i z hlediska vlivu na životní prostředí. Černobílé chápání problému nevede k řešení, je třeba si uvědomit, že žádná technologie není dokonalá, že má své přednosti a nedostatky a je třeba realisticky zvážit všechna pro a proti. Nelze zavrhnout či naopak prosazovat biotechnologie jako takové. Je jisté, že biotechnologie již přinesly vynikající výsledky: odolnost proti chorobám a škůdcům – snížení spotřeby pesticidů; odolnost proti totálnímu herbicidům – snížení spotřeby selektivních herbicidů; „zlatá rýže“ se zvýšeným obsahem prekurzorů vitamínu A [96-99]. Perspektivy dalšího zlepšování užité hodnoty rostlin jsou takřka neomezené. Možná rizika v konkrétních případech aplikace transgenní technologie musí být objektivně a všestranně posouzena. Teprve jsou-li vyloučeny jakékoliv negativní dopady na zdraví nebo ekologii, je možné nové odrůdy nesoucí ve svém genomu transgeny uvolnit pro běžné pěstování, zpracování a spotřebu.

Literatura

- [1] Smith, D. C.: Plant breeding: Development and success. In: Frey, K. J. (ed.), Plant breeding, Iowa State University Press, Ames, Iowa 1966: s. 3.
- [2] El Rabey, H., Salamini, F.: Domestication history of barley (*H. vulgare*) and phylogenetic relationships in the genus *Hordeum*. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia 2000, Vol. I., s. 32.
- [3] Lekeš, J.: Šlechtění obilovin na území Československa. Brázda, 1997, 279 s.
- [4] FAO 2003: <http://www.FAP.org>.
- [5] GRIN Database: <http://www.ars-grin.gov>
- [6] Psota, V., Kosař, K.: Ukazatel sladovnické jakosti. Kvasny Prum. **48**, 2002, s.142.
- [7] Psota, V.: Komise pro hodnocení kvality odrůd sladovnického ječmene. Kvasny Prum **49**, 2003, s.73.
- [8] Anashenko, B. Z.: Estimation of parental value for varieties used in plant breeding. Plant Breeding **117**, 1998, s.131.
- [9] Nader-Mahmoudi, K., Haghparsat, R.: Utilization of cluster and discriminant analysis for parents selection in barley. In: Al Slinkard et al. (eds.), VII. International Barley Genetics Symposium, University of Saskatchewan, University Extension Press 1996, Vol.2: s.538.
- [10] Thomas, W. T. B., Ellis, R. P.: Cross prediction in winter barley. In: Munck, L. (ed.), VI. International Barley Genetics Symposium, Helsingborg, Muskgaard Int. Publishers, Copenhagen 1991, Vol. I.: s. 352.
- [11] Weber, W. E.: Selektionsstrategien in der Getreidezucht, Kühn-Archiv **88**, 1994, s.140.
- [12] Snee, J., Hendriksen, A. J. T.: Plant breeding perspectives. A simplified method of bulk and pedigree selection. PUDOC, Wageningen 1979 s.160.
- [13] Broughton, S., Gilmour, R. F.: Production and utilisation of barley doubled haploids in the Western Australian Barley Improvement Program. In: Al Slinkard et al. (eds.), VII. International Barley Genetics Symposium, University of Saskatchewan, University Extension Press 1996, Vol.2 s. 461.
- [14] Davies, P. A., Morton, S.: The relative efficiency of isolated microspore culture and anther culture for doubled haploid production. In: Al Slinkard et al. (eds.), VII. International Barley Genetics Symposium, University of Saskatchewan, University Extension Press 1996, Vol.2, s. 472.
- [15] Pickering, R. A., Morgan, P. W.: Plant regeneration from cultured embryos derived from *Hordeum vulgare* L. pollinated with *H. bulbosum* L. *Euphytica* **32**, 1983, s. 585.
- [16] Hallauer, A. R.: Selection and breeding methods. In: Frey, K. J. (ed.), Plant Breeding II., Iowa State University Press, Ames 1979, s. 3
- [17] Stoskopf, N. C., Reinbergs, E.: Breeding for yield in spring cereals. *Canad. J. Plant Sci.* **46**, 1966, s. 513.
- [18] Minařík, F.: Šlechtění na produkční potenciál. In: Ječmen, Státní zemědělské nakladatelství Praha, 1985, s.80.
- [19] Stoy, V.: The storage and re-mobilization of carbohydrates in cereals. In: Crop physiology and cereal breeding. Eucarpia, PUDOC, Wageningen 1979, s. 55.
- [20] Hay, R. K. M.: Harvest index: a review of its use in plant breeding and physiology. *Annals Appl. Biol.* **126**, 1995, s. 197.
- [21] Arnau, G., Monneveux, P.: Physiology and genetics of terminal water stress tolerance in barley. *J. Genet. Breed.* **49**, 1995 s. 327.
- [22] Karsai, I. et al.: Multivariate analysis of traits determining adaptation in cultivated barley. *Plant Breeding* **120**, 2001 s. 217.
- [23] Karamanos, A. J., Papatheohari, A. Y.: Assessment of drought resistance of crop genotypes by means of the water potential index. *Crop Sci.* **39**, 1999, s. 1792.
- [24] Žofajová, A., Mužík, M.: Hodnotenie tolerancie odrod jarného jačmeňa voči nízkému pH pody. *Polnohosp. výroba a skušobníctvo* **5**, 1997, s. 11.
- [25] Brown, A. H. D. et al.: Wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) as a source of disease resistance for barley breeding. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia 2000 Vol. I, s.56.
- [26] Koga, H. et al.: Characteristic cellular responses as expression of genes for resistance to *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* in barley. *Phytopathology* **73**, 1983, s.907.
- [27] Pickering, R. A. et al.: The transfer of a powdery mildew resistance gene from *Hordeum bulbosum* L. to barley (*H. vulgare* L.) chromosome 2. *Theoret. Appl. Genet.* **91**, 1995, s. 1288.
- [28] Dreiseitl, A., Bockelman, H. E.: Investigation of the wild barley germplasm collection for powdery mildew resistance. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia 2000, s. 72
- [29] Vanderplank, J. E.: Specificity, interaction and additivity in host pathogen system. *Plant Pathol.* **37**, 1988, s. 165.
- [30] Newton, A. C., Andriavon, D.: Assumptions and implications of current gene-for-gene hypotheses. *Plant Pathol.* **44**, 1995, s. 607.
- [31] Skou, J. P. et al.: Comparative studies on callose formation in powdery mildew compatible and incompatible barley. *Phytopath. Z.* **109**, 1984, s.147.
- [32] Schwarzbach, E.: Epidemiologické aspekty genu mlo způsobujícího odolnost ječmene k padlí travnímu. *Genet. a Šlecht.* **33** 1997, s. 55.
- [33] Jahoor, A., Fischbeck, G.: Identification of new genes for mildew resistance of barley at the *Mla* locus in lines derived from *Hordeum spontaneum*. *Plant Breeding* **110**, 1993, s. 116.
- [34] Dreiseitl, A.: Perspektivy využití genu *Pa7* ve šlechtění ječmene na odolnost vůči rzi ječné. *Zpravodaj šlechtitelů a semenářů* **6**, 1988.
- [35] Pickering, R. A. et al.: Association of leaf rust and powdery mildew resistance in a recombinant derived from a *Hordeum vulgare* x *H. bulbosum* hybrid. *Plant Breeding* **117**, 1998, s. 83.
- [36] Walther, U. et al.: *Hordeum bulbosum* as a new source of disease resistance: transfer of resistance to leaf rust and mosaic viruses from *H. bulbosum* into winter barley. *Plant Breeding* **119**, 2000, s. 215.
- [37] Statler, G. D., Parlevliet, J. E.: Factors related to partial resistance of barley to leaf rust. *Phytopathology* **77**, 1987, s. 549.
- [38] Sato, K., Takeda, K.: Sources of resistance to net blotch in barley germplasm. In: Toward enhanced and sustainable agricultural productivity. Society for the Advancement of Breeding Researches in Asia and Oceania, 1994, s. 37.
- [39] Cselny, L. et al.: Inheritance of resistance to *Rhynchosporium secalis* in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Breeding* **117**, 1998, s. 23.

- [40] Sachs, E. et al.: Ramularia-Blattflecken (Ramularia collo-cygni Sutton et Waller) an Gerste in Franken (Bayern). Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutz. **50**, 1998, s. 307.
- [41] Steffenson, B. J.: Fusarium head blight of barley: epidemics, impact, and breeding for resistance. Tech. Q. Master. Brew. Assoc. Am. **35**, 1998, s. 177.
- [42] Perkowski, J.: Production of mycotoxins in cereals by fungi of the genus Fusarium. Post. Nauk Roln. **242**, 1993, s. 67.
- [43] Vacke, J.: Problematika virů u obilovin. In: Perspektivy některých nových směrů ve šlechtění obilovin. ČMŠSA a VÚRV Praha, 1996 s. 14.
- [44] Van Lonkhuijsen, H. L. et al.: Evaluation of a malting barley quality assessment system. J. Am. Soc. Brew. Chem. **56**, 1998, s. 7.
- [45] Horgan, G. W.: The statistical analysis of plant part appearance – a review. Computers and Electronics in Agriculture **31**, 2001, s. 169.
- [46] Black, C., Panozzo, J.: Utilizing near infrared spectroscopy for predicting malting quality in whole grain barley and whole grain malt. In: Proc. of the 10th Australian Barley Technical Symposium, 2001, s. 4.
- [47] Minařík, F.: Šlechtění na sladovnickou a nutriční hodnotu zrna. In: Ječmen. SZN, Praha, 1985 s. 110.
- [48] MacGregor, A. W.: Biochemistry of malting – the way forward. In: 7th Barley Genetics Symposium, Saskatoon, Canada, 1996, s. 1.
- [49] MacLeod, L. C.: Breeding barley for malt and beer. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. I., s. 81.
- [50] Thomas, W. T. B.: Molecular marker-assisted versus conventional selection in barley breeding. In: Slafer et al. (eds.), Barley science. Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality. Food Product Press, 2002, s. 177.
- [51] Langridge, P. et al.: Practical application of marker assisted selection. In: 7th Barley Genetics Symposium, Saskatoon, Canada, 1996, s. 141.
- [52] Eathington, S. R. et al.: Usefulness of marker-QTL associations in early generation selection. Crop Sci. **37**, 1997, s. 1686.
- [53] Knapp, S.: Marker-assisted selection as a strategy for increasing the probability of selection superior genotypes. Crop Sci. **38**, 1998, s. 1164.
- [54] Barr, A. R. et al.: Marker assisted selection in theory and practice. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. I., s. 167.
- [55] Thomas, W. T. B. et al.: Detection of quantitative trait loci for agronomic, yield, grain and disease characters in spring barley. Theor. Appl. Genet. **91**, 1995, s. 1307.
- [56] Spaner, D. et al.: Verification of a quantitative trait locus affecting agronomic traits in two-row barley. Crop Sci. **39**, 1999, s. 248.
- [57] Kjaer, B. et al.: Quantitative trait loci for heading date and straw characters in barley. Genome **38**, 1995, s. 1098.
- [58] Ellis, R. P. et al.: Mapping physiological traits in barley. New Phytol. **137**, 1997, s. 149.
- [59] Jahoor, A. et al.: Use of molecular markers in cereal breeding. Genet. a Šlecht. **33**, 1997, s. 211.
- [60] Molnar, S. J. et al.: Inheritance and RAPD tagging of multiple genes for resistance to net blotch in barley. Genome **43**, 2000, s. 224.1
- [61] Kolb, F. L. et al.: Host plant resistance genes for Fusarium head blight: mapping and manipulation with molecular markers. Crop Sci. **41**, 2001 s. 611.
- [62] Van Sandorf, S. et al.: Discovery and deployment of molecular markers linked to Fusarium head blight resistance: an integrated system for wheat and barley. Crop Sci. **41**, 2001 s. 638.
- [63] Drechsler, et al.: High-resolution mapping of the Rph16 locus in barley. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 95.
- [64] Eeckstein P. E. et al.: Identification and development of markers for scald (*Rhynchosporium secalis*) resistance genes in barley. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 101.
- [65] Steyer, S. et al.: Evaluation of barley yellow dwarf virus tolerance: a controlled field system compared with a molecular marker test. J. Plant Diseases and Protection **106**, 1999, s. 553.
- [66] Šíp, V. et al.: Možnosti šlechtění ječmene a pšenice na odolnost k viru žluté zakrslosti ječmene. In: Perspektiva některých nových směrů ve šlechtění obilovin. ČMŠS a VÚRV, Praha, 1966, s. 19.
- [67] Graner, A. et al.: Molecular mapping of genes conferring resistance to viral and fungal pathogens. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. I. s. 45.
- [68] Šíp, V. et al.: Detection and molecular identification of BYDV resistance genes in barley. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 175.
- [69] Jefferies, S. P. et al.: Marker-assisted backcross introgression of the Yd2 gene conferring resistance to barley yellow dwarf virus in barley. Plant Breeding **122**, 2003, s. 52.
- [70] Castro et al.: Pyramiding quantitative trait locus (QTL) alleles determining resistance to barley stripe rust: effects on resistance at the seedling stage. Crop Sci. **43**, 2003, s. 651.
- [71] Henry, R. J. et al.: Marker assisted selection for quality in barley and oat. In: Barley Genetics VII., Proc. of the 7th International Barley Genetics Symposium, Saskatoon, 1996: s. 167.
- [72] Hayes, P. M., Jones, B. L.: Malting quality from a QTL perspective. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. I. s. 99.
- [73] Hayes, P. M. et al.: A summary of published barley QTL reports. <http://www.css.orst.edu/barley/nabsmp/gtlsum.htm>.
- [74] Hartl, L. et al.: QTL-mapping of malting quality parameters in spring barley. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 246.
- [75] Collins, H. M. et al.: Using QTL mapping to improve our understanding of malt extract. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 225.
- [76] Marquez-Cedillo, L. A. et al.: QTL analysis of malting quality in the Harrington x Morex cross. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. II. s. 255.
- [77] Ayoub, M. et al.: Marker-based selection in barley for a QTL region affecting α -amylase activity of malt. Crop Sci. **43**, 2003, s. 556.
- [78] Han, F. et al.: Mapping of β -glucan content and β -glucanase activity loci in barley grain and malt. Theor. Appl. Genet. **91**, 1995, s. 921.
- [79] Takafumi Kaneko et al.: QTL mapping for enzyme activity and thermostability of β -amylase in barley. Breeding Science **51**, 2001, s. 99.
- [80] Li, C. D. et al.: Mapping of barley (*Hordeum vulgare* L.) β -amylase alleles in which an amino acid substitution determines β -amylase isoenzyme type and the level of free β -amylase. J. Cereal Sci. **35**, 2002, s. 39.
- [81] Frisch, M., Melchinger, A. E.: Marker-assisted backcrossing for simultaneous introgression of two genes. Crop Sci. **41**, 2001, s. 1716.
- [82] Frisch, M. et al.: Comparison of selection strategies for marker-assisted backcrossing of a gene. Crop Sci. **39**, 1999, s. 1295.
- [83] Wan, Y., Lemaux, P.: Generation of large numbers of independent transformed fertile barley plants. Plant Physiol. **104**, 1994, s. 37.
- [84] Jacobsen, J. et al.: Barley transformation breeding: further progress and remaining problems. In: Proc. of the 9th Australian Barley Technical Symposium, 1999, 3 s.
- [85] Punja, Z. K.: Genetic engineering of plants to enhance resistance to fungal pathogens – a review of progress and future prospects. Can. J. Plant Pathol. **23**, 2001, s. 216.
- [86] Lemaux, P. G. et al.: Transgenic cereals: *Hordeum vulgare* L. (barley). In: Molecular improvement of cereal crops, Vasil, I. K. (ed.), Kluwer Academic Publishers, Great Britain, 1999, s. 255.
- [87] Horvath, H. et al.: Experiences with genetic transformation of barley and characteristics of transgenic plants. In: Slafer et al. (eds.), Barley science. Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality, Food Product Press, 2002, s. 143.
- [88] Lörz, H. et al.: Transgenic barley – a journey with obstacles and milestones. In: Barley Genetics VIII., Proc. of the 8th International Barley Genetics Symposium, Adelaide University, South Australia, 2000, Vol. I. s. 189.
- [89] Dahleen, L. S. et al.: Transgenic approaches to combat fusarium head blight in wheat and barley. Crop Sci. **41**, 2001, s. 628.
- [90] Gianessi, L. P. et al.: Plant biotechnology: Current and potential impact for improving pest management in U. S. agriculture. Fungal resistant barley, 14 s.

- [91] Muehlbauer, G. J., SMITH, L.: Developing transgenic barley carrying antifungal protein genes. Barley Newsletter 42, 1998: <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/BarleyNewsletter>.
- [92] Nuutila, A. M. et al.: Expression of fungal thermotolerant (1,3-1,4)-beta-glucanase in transgenic barley seeds during germination. ARS USDA, 1999, <http://www.nal.usda.gov/ttic/tektran>.
- [93] Wong, J. H. et al.: Transgenic barley grain over-expressing wheat thioredoxin shows improved germination properties. American Society of Plant Biologists, Plant Biology, 2000: <http://rycomusa.com/aspp2000/public/P24/0978.html>.
- [94] Harwood, W. A. et al.: The performance of transgenic barley lines in a UK field trial. Barley Genetics Newsletter 29, 1999, 5 s.
- [95] Bregitzer, P., Halbert, E.: Field performance of transgenic barley (*Hordeum vulgare* L.) containing coat protein sequences from the barley yellow dwarf virus. In: Plant Genome III. Conference, San Diego, 1995, 1 s.
- [96] Miflin, B. J.: Crop biotechnology: Where now? Plant Physiology 123, 2000, s.17.
- [97] Sommerville, C.: The genetically modified organism conflict. Plant Physiology 123, 2000, s.1201.
- [98] Wolfenbarger, L. L., Phifer, P. R.: The ecological risks and benefits of genetically engineered plants. Science 290, 2000, s. 2088.
- [99] Prakash, C. S.: The genetically modified crop debate in the context of agricultural evolution. Plant Physiology 126, 2001, s. 8.

Do redakce došlo 30. 4. 2003

Langer, I.: Základní principy šlechtění sladovnického ječmene. Kvasny Prum. 49, 2003, č. 6, s. 154–159 a č. 7–8, s. 191–199.

Článek shrnuje současné poznatky o šlechtění sladovnického ječmene. První část je po stručném popisu ječmene *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, jeho genové charakteristiky a chromosomové mapy zaměřena na proces šlechtění. Jsou popsány historické i současně užívané konvenční postupy šlechtění (rodokmenová metoda, metoda hromadně-populační, metoda populačně-rodokmenová a metoda raného zkoušení výnosu) s jejich výhodami i negativními stránkami.

Druhá část článku se nejprve zabývá strategií výběru na jednotlivé znaky (výnos, agronomické vlastnosti, odolnost proti chorobám, sladovnická jakost). Každý znak je stručně charakterizován a uvedena vhodná metoda výběru. Následuje popis moderních metod šlechtění, založených na molekulární genetice (využití molekulárních markerů a transgenoz).

Langer, I.: Basic Principles of Malting Barley Breeding. Kvasny Prum 49, 2003, No. 6, s. 154–159 and No. 7–8, p. 191–199.

The article sums up current knowledge of malting barley breeding work. The first part is, except of the brief description of barley *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, its genetics and chromosomal map, focused on the process of selection work. Historical and currently used conventional methods are described (pedigree, population, combined population-pedigree, and early testing method) with their advantages and negative sides.

The second part of the article first deals with the selection strategy for individual characters (yield, agricultural qualities, disease resistance, malting quality). Each feature is briefly described and an appropriate method of selection is given. It is followed by the description of modern methods of breeding work based on molecular genetics (molecular markers and transgenose utilization).

Langer, I.: Grundprinzipie der Züchtung der Braugerste. Kvasny Prum. 49, 2003, Nr. 6, S. 154–159 und Nr. 7–8, S. 191–199.

Der Artikel bringt zusammenfassende Information über die Züchtung der Braugersten. Der erste Teil des Artikels ist nach der zusammenfassenden Beschreibung der Gerste *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, ihrer Gen-Charakteristik und Chromosomen-Mappe auf die Züchtungsverfahren orientiert. Es werden die historischen sowie auch die gegenwärtig applizierten konventionellen Züchtungsverfahren beschrieben (Stammbaummethode, Massenweise-Populationsmethode, die Populations-Stammbaummethode und die Methode der frühen Prüfung der Erträge), und zwar mit ihren Vor- und Nachteilen.

Der zweite Teil des Artikels befasst sich zuerst mit der Strategie der Auswahl einzelner Kriterien (Ertrag, agronomische Eigenschaften, Beständigkeit gegenüber Krankheiten, Mälzerei- und Brauqualität). Jedes Merkmal wird zusammenfassend charakterisiert und die geeignete Auswahlmethode angeführt. Im weiteren folgen Beschreibungen moderner Züchtungsmethoden, die auf der molekularen Genetik begründet sind (Anwendung der Molekularmarker und Transgenose).

Лангер, И.: Основные принципы селекции солодорастиельного ячменя. Kvasny Prum. 49, 2003, No. 6, стр. 154–159 и No. 7–8, стр. 191–199.

В статье подытожены современные знания о селекции солодорастиельного ячменя. В первой части, содержащей короткое описание ячменя *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, геновую характеристику и хромосомную карту, уделяется внимание его селекции. Описываются исторические и в настоящее время применяемые обыкновенные процессы селекции (родословие, сортовая популяция, их комбинации и метод потомств F2 растений), их преимущества и недостатки.

Во второй части статьи уделяется внимание стратегии выбора отдельных признаков (урожайность, агрономические свойства, стойкость против болезней, качество солодоращения). Приводится краткая характеристика каждого знака и подходящий метод выбора. Описываются современные методы селекции, основанные на молекулярной генетике (использование молекулярных маркеров и трансгенозов).

www.regom.cz

Stránky, které Vám pomohou nalézt řešení

- Kompletní řešení od návrhu po realizaci
- Zkušenosti
- Profesionalita
- Spolehlivost
- Kvalita



- ⇒ Laboratorní přístroje
- ⇒ Procesní přístroje
- ⇒ Ventily, pumpy, klapky
- ⇒ Technologie
- ⇒ Engineering
- ⇒ Novinky
- ⇒ Download
- ⇒ Dotazníky
- ⇒ Objednávky
- ⇒ Servis
- ⇒ Partneři

Využijte elektronického zajištění servisu přístrojů či objednání služeb, nabídek a katalogových listů všech produktů

Váš spolehlivý partner



REGOM INSTRUMENTS s.r.o.

Brabcova 2 / 1159
147 00 PRAHA 4

☎ 241 402 206, 241 433 151, 241 433 152
☎ 241 400 290, 241 433 153
✉ regom@regom.cz
🌐 www.regom.cz