



LATVIJAS LAUKSAIMNIECĪBAS UNIVERSITĀTE
Latvia University of Agriculture

VALSTS STENDES GRAUDAUGU SELEKCIJAS
INSTITŪTS
State Stende Cereal Breeding Institute

Māra Bleidere

GRAUDU KVALITĀTES IZVĒRTĒJUMS LOPBARĪBAS
MIEŽU SELEKCIJAI LATVIJĀ

GRAIN QUALITY EVALUATION FOR FEED BARLEY
BREEDING IN LATVIA

Promocijas darba
KOPSAVILKUMS
Dr. agr. zinātniskā grāda iegūšanai

SUMMARY
of the Doctoral Thesis for the scientific degree Dr. agr.

ISBN 978-9984-861-03-6

Jelgava, 2010

Darba zinātniskā vadītāja / Scientific supervisor:
Prof., Dr.agr. Zinta Gaile

Darba recenzenti /Reviewers: Dr. habil. biol. I. Rašals
Dr. agr. A. Kronberga
Dr. agr. M. Gaiķe

Promocijas darba aizstāvēšana paredzēta Latvijas Lauksaimniecības universitātes Lauksaimniecības nozares Laukkopības apakšnozares promocijas padomes atklātā sēdē 2010. gada 28. maijā plkst. 10, LLU, 123. auditorijā, Lielā ielā 2, Jelgavā.

The defence of Thesis in open session of the Promotion Board of Agricultural Science will be held on 28 May 2010 at 10⁰⁰ a.m. in the auditorium 123, Latvia University of Agriculture, Liela str. 2, Jelgava, Latvia.

Ar promocijas darbu var iepazīties LLU Fundamentālajā bibliotēkā, Jelgavā, Lielā ielā 2.

Atsauksmes lūdzu sūtīt Lauksaimniecības zinātņu nozares Laukkopības apakšnozares promocijas padomes sekretārei Dr.agr. Maijai Ausmanei, Lielā iela 2, Jelgava, LV 3001, faks +371 2027238

The Thesis is available at the Fundamental Library of the Latvia University of Agriculture, Liela str. 2, Jelgava
References are welcome to send: Dr. agr. Maija Ausmane, the Secretary of the Promotion Board, Latvian University of Agriculture, Liela street 2, Jelgava, LV 3001, Latvia, fax. +371 3027238

Maketēts un pavairots Talsos,
biedrībā "A. Pelēča lasītava", 2010

SATURS / CONTENT

IEVADS.....	4
IZMĒĢINĀJUMU APSTĀKĻI UN METODES.....	5
Miežu genotipu forma un izcelsme	5
Plēkšņaino un kailgraudu miežu līniju izveide un izpētes shēma.....	6
Izmēģinājumu vietas un apstākļu raksturojums.....	7
Materiāla novērtēšanas metodika.....	7
Datu statistiskā analīze.....	9
REZUTĀTI	10
Graudu kvalitātes rādītāju izvērtējums dažādām vasaras miežu formām	10
Hordeīnu daudzveidības izvērtējums vasaras miežu genotipiem ar dažādu kopproteīna saturu graudos.....	17
Korelatīvās sakarības starp miežu graudu kvalitātes rādītājiem.....	21
Genotipa un vides ietekme uz graudu kvalitātes rādītājiem.....	23
Miežu graudu kvalitātes rādītāju novērtējums F ₄ un F ₅ hibrīdās paaudzēs līnijām.....	26
SECINĀJUMI.....	31
PATEICĪBA.....	32
INTRODUCTION.....	33
MATERIALS AND METHODS.....	34
Type of barley genotypes and origin.....	34
Development and evaluation scheme of covered and hulless lines.....	35
Characteristic of the site and conditions of trials.....	35
Methods of material assessment.....	36
Statistical data analysis.....	38
RESULTS.....	39
Evaluation of grain quality traits for different types of barley.....	39
Hordein diversity in spring barley genotypes related to crude protein content.....	44
Correlation between grain quality traits	45
Genetic and environmental effect on grain quality traits.....	48
Evaluation of barley grain quality for F ₄ un F ₅ generation lines	50
CONCLUSIONS.....	53
ACKNOWLEDGEMENTS.....	54
PUBLIKACIJAS UN CITAS ZINĀTNISKĀS AKTIVITĀTES/ PUBLICATIONS AND OTHER SCIENTIFIC ACTIVITIES.....	55

IEVADS

Latvijā vasaras mieži (*Hordeum vulgare* L.) tradicionāli ir nozīmīgākā graudaugu suga, ko, salīdzinot ar citiem graudaugiem, visplašāk izmanto kā koncentrēto barību visu lauksaimniecības dzīvnieku ēdināšanā. Pašlaik gandrīz 85% no miežu kopražas izmanto tieši lopbarībā.

Ir grūti definēt ideālus lopbarības miežus, jo dažādām mājdzīvnieku sugām un pat vecuma grupām ir ļoti atšķirīgas prasības. Līdz šim lopbarības miežu selekcija pasaulē un arī Latvijā ir attīstījusies lēni un balstījusies uz agronomisko un alus miežu kvalitatīvo rādītāju bāzes. Viens no iemesliem ir zināšanu trūkums par graudu kvalitāti saistībā ar to izmantošanu dažādu mājdzīvnieku grupu ēdināšanā, kas nav sekmējis lopbarības šķirņu selekciju, kas būtu balstīta uz graudu kvalitātes rādītājiem. Lopbarības šķirnēm augsta raža ir svarīgs rādītājs, bet no finansiālā viedokļa graudu kvalitāte nākotnē graudu ražotājiem kļūs par nozīmīgu kritēriju, jo lopbarības izmaksas lielā mērā ietekmē arī lopkopības galaprodukcijas izmaksas.

Ģenētiski daudzveidīgs selekcijas izejmateriāls ir svarīgs priekšnoteikums veiksmīgam dažādiem izmantošanas virzieniem piemērotu miežu šķirņu selekcijas darbam. Tāpēc ir nepieciešama padziļināta daudzveidīgu miežu genotipu (divkanšu, daudzkanšu, plēkšņaino un kailgraudu) graudu kvalitātes rādītāju izpēte Latvijas agrometeoroloģiskajos apstākļos. Plašāka kailgraudu miežu izmantošana selekcijā un mērķtiecīga graudu kvalitātes izvērtēšana jau agrīnajās hibrīdajās paaudzēs varētu būt viens no veidiem, kā uzlabot miežu ķīmisko sastāvu arī plēkšņainajiem miežiem. Pietrūkst pilnīgas informācijas par Latvijā līdz šim selekcionēto un plašāk audzēto šķirņu graudu ķīmisko sastāvu, kas ierobežo šo šķirņu graudu mērķtiecīgu izmantošanu dažādiem pārstrādes virzieniem, arī lopbarībai.

Pētījums veikts no 2004. līdz 2008. gadam Valsts Stendes graudaugu selekcijas institūtā. Analizēti vasaras miežu genotipi no darba kolekcijas un selekcijas materiāla.

Pētījuma mērķis

Izvērtēt graudu kvalitātes rādītājus dažādiem vasaras miežu genotipiem rezultātu izmantošanai lopbarības miežu selekcijā Latvijas agrometeoroloģiskajos apstākļos.

Mērķa sasniegšanai izvirzīti šādi **uzdevumi**:

- salīdzināt dažādu vasaras miežu formu genotipus no kolekcijas materiāla pēc graudu kvalitātes fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem;
- raksturot Latvijā selekcionēto miežu šķirņu atbilstību kvalitatīvas lopbarības ieguvei;

- noskaidrot genotipa un vides ietekmi uz miežu graudu kvalitātes rādītāju mainību;
- izpētīt korelatīvās sakarības starp miežu graudu kvalitātes rādītājiem;
- novērtēt miežu graudu kvalitātes rādītājus F₄ un F₅ hibrīdās paaudzes plēkšņainajām un kailgraudu līnijām;

Pētījuma novitāte:

- izpētīta miežu graudu kvalitātes fizikālo un ķīmisko rādītāju mainība, savstarpējās sakarības, iedzīstamība Latvijas agrometeoroloģiskajos apstākļos;
- padziļināti izvērtēta dažādu vasaras miežu genotipu graudu kvalitāte no miežu kolekcijas un selekcijas materiāla, ieteikta to izmantošana vasaras miežu šķirņu selekcijā lopbarības virzienam;
- precizēta Latvijā selekcionēto miežu šķirņu atbilstība kvalitatīvas lopbarības ieguvei atgremotājiem un neatgremotājiem mājdzīvniekiem;
- apgūtas un adaptētas jaunas miežu graudu kvalitātes izpētes metodes: β-glikānu satura noteikšanai, ar turpmāko datu izmantošanu automātiskās graudu analizēšanas iekārtas Infratec kalibrēšanai; proteīna elektroforēzes metode hordeīna daudzveidības novērtēšanai, nodrošinot iespēju analizēt graudu kvalitāti selekcijas materiālam agrīnās hibrīdajās paaudzēs.

Pētījumu rezultāti atspoguļoti 14 zinātniskās publikācijās latviešu un angļu valodā. Par darba gaitu un rezultātiem sniegti 11 ziņojumi starptautiskās un vietējās zinātniskās konferencēs: Latvijā, Lietuvā, Slovākijā un Spānijā.

IZMĒGINĀJUMA APSTĀKĻI UN METODES

Miežu genotipu forma un izcelsme

Pētījumā vērtēti genotipi no darba kolekcijas un selekcijas līnijas no vasaras miežu selekcijas programmas. Lai izpētītu un salīdzinātu miežu genotipu graudu kvalitāti, izvēlētas selekcionētas 52 vasaras miežu šķirnes un līnijas no dažādām pasaules valstīm no vasaras miežu kolekcijas, tai skaitā 27 divkanšu plēkšņainie genotipi, 10 daudzkanšu plēkšņainie genotipi un 15 divkanšu kailgraudu genotipi. Pētīti 14 Latvijas, 1 ASV, 2 Austrijas, 1 Bolīvijas, 1 Čehijas, 1 Čīles, 3 Dānijas, 2 Gvatemalas, 1 Itālijas, 2 Japānas, 3 Kanādas, 1 Krievijas, 1 Lietuvas, 2 Lielbritānijas, 1 Maķedonijas Republikas, 2 Meksikas, 2 Nepālas, 1 Portugāles, 1 Turkmēnistānas, 1 Ungārijas, 5 Vācijas, 1 Ziemeļkorejas, 2 Zviedrijas izcelsmes genotipi, kas izvēlēti balstoties uz iepriekšējo gadu pētījumu rezultātiem par kopproteīna saturu graudos, iekļaujot genotipus ar atšķirīgu šī rādītāja vērtību - no 100 līdz 200 g kg⁻¹.

Plēkšņaino un kailgraudu miežu līniju izveide un izpētes shēma

Graudu kvalitātes izpētei vasaras miežu selekcijas materiālam analizētas F_4 un F_5 hibrīdās paaudzes 34 plēkšņainās un 40 kailgraudu līnijas no 6 krustojumu kombinācijām, kas iegūtas 2004. gadā starpšķirņu hibrizācijas rezultātā, kur kā mātes augs izvēlēta kailgraudu miežu forma, bet kā tēva augs plēkšņainā miežu forma. No 2006. gada pavasarī iesētajām F_2 paaudzes hibrīdajām populācijām rudenī veikta produktīvāko F_3 paaudzes plēkšņaino un kailgraudu elites augu izlase. 2007. gada pavasarī 50 graudi no F_3 paaudzes elites augiem un atbilstošās kombinācijas vecākaugu šķirnes izsētas 1 m garā rindiņā. Rudenī iegūtas F_4 paaudzes plēkšņainās un kailgraudu miežu līnijas. 2008. gada pavasarī F_4 paaudzes plēkšņainās un kailgraudu līnijas iesētas 1 m² lielos lauciņos. Rudenī novāktas F_5 paaudzes kailgraudu un plēkšņainās miežu līnijas.

Izmēģinājumu vietas un apstākļu raksturojums

Lauka izmēģinājumi iekārtoti Talsu novadā Valsts Stendes graudaugu selekcijas institūtā graudaugu selekcijas augu sekas laukos.

Pētījumi graudu kvalitātes novērtēšanai dažādu vasaras miežu genotipiem no kolekcijas materiāla veikti no 2004. līdz 2006. gadam velēnu podzolaugsnēs Albeluvisol (Eutric). Augsnes agroķīmiskie rādītāji: trūdvielu saturs 12-15 g kg⁻¹; pH KCl 6.1-6.8; P₂O₅ 202-278 mg kg⁻¹; K₂O 110-147 mg kg⁻¹. Priekšaugi – kartupeļi. Pavasarī pēc lauka nošļūšanas pirms augsnes kultivācijas pamatmēslojumā iestrādāts kompleksais minerālmēslojums ar kopējo normu: N-60, P₂O₅-35, K₂O – 50, S – 42 kg ha⁻¹.

Miežu graudu kvalitātes izpēte F_4 un F_5 hibrīdās paaudzes selekcijas materiālam veikta no 2007. līdz 2008. gadam velēnu podzolaugsnēs Albeluvisol (Eutric). Augsnes agroķīmiskie rādītāji: trūdvielu saturs 26 g kg⁻¹; pH KCl 5.9-6.3; P₂O₅ 168-182 mg kg⁻¹; K₂O 250-334 mg kg⁻¹. Priekšaugi – kartupeļi. Pavasarī pēc lauka nošļūšanas pirms augsnes kultivācijas pamatmēslojumā iestrādāts kompleksais minerālmēslojums ar kopējo normu: N-80, P₂O₅-47, K₂O – 66, S –56 kg ha⁻¹.

Visi agrotehniskie pasākumi veikti optimālos termiņos atbilstoši meteoroloģiskajiem apstākļiem veģetācijas periodā un augu attīstības fāzēm. Sēja veikta ar mazgabarīta sējmašīnu 'Hege 80', novākts ar kombainu 'Hege 140'. Izsējas norma 400 dīgtspējīgas sēklas uz 1 m² plēkšņainajiem genotipiem, 450 dīgtspējīgas sēklas uz 1 m² – kailgraudu miežu genotipiem. Herbicīdi lietoti miežu cerošanas fāzē (20.-23.05). Raža 1-2 m² lauciņiem novākta ar kombainu 'Hege 140', no rindiņām – ar sirpi.

Meteoroloģisko apstākļu raksturojums

2004. gada laika apstākļi bija labvēlīgi miežu augšanai un attīstībai. Veģetācijas periods pārsvarā bija vēss un mitrs. 2005. gada laika apstākļi bija labvēlīgi augstu graudaugu ražu ieguvei, bet nelabvēlīgi ražas novākšanas periodā, kas ietekmēja graudu kvalitāti. 2006. gada veģetācijas periodā laika apstākļi bija nelabvēlīgi vasaras miežu augšanai un attīstībai. Dīgstu veidošanās fāzē augiem trūka mitrums. Optimāli apstākļi bija cerošanas periodā. Izteiktu mitruma deficītu novēroja graudu veidošanās periodā. 2007. gada veģetācijas periodā laika apstākļi bija ierobežojoši vasaras miežu augšanai un attīstībai, jo cerošanas fāzē augiem trūka mitrums, kas ļoti saīsināja šīs fāzes garumu. Mitruma pārbagātība tika novērota graudu veidošanās periodā. 2008. gada veģetācijas periodā laika apstākļi bija samērā nelabvēlīgi vasaras miežu augšanai un attīstībai, jo pavasarī sējumi nevienmērīgi sadīga un nevienmērīgi attīstījās. Stiprās lietusgāzes jūlija vidū un paaugstinātais nokrišņu daudzums augusta mēnesī radīja stipru veldri labi sacerojušajos miežu sējumos.

Materiāla novērtēšanas metodika

Lauka apstākļos pētījumā iekļautajiem genotipiem veica augu fenoloģiskos novērojumus. Veģetācijas periodā atzīmēja katra genotipa plaukšanas fāzes (55.-59. etaps) iestāšanās datumu (80% augu ziedkopa pilnīgi izaugusi ārpus lapas maksts) un nogatavošanās fāzi (91.-93. etaps) (graudi cieti, viegli atdalās no vārpas), aprēķināja perioda ilgumu no plaukšanas līdz nogatavošanās fāzei.

Laboratorijas apstākļos genotipi novērtēti pēc šādām pazīmēm:

- **1000 graudu masa (g)** pēc Starptautiskā sēkļu kontroles asociācijas metodikas;
- **tūlump masa (g L^{-1})** LVS ISO 7971-2:2003;
- **plēkšņu īpatsvars (%)** (Василенко, Комаров, 1989);
- **viena grauda diametrs (mm), viena grauda svars (mg); graudu relatīvais cietības indekss (RCI)** ar Viena Grauda Analizēšanas Sistēmu 4100 (Single Kernel Characterisation System, SKCS) (Perten, ASV). Paraugi ar $\text{RCI} < 30$ raksturojas ar mīkstu grauda endospermu, $30 < \text{RCI} < 60$ vidēji mīkstu endospermu, $\text{RCI} > 60$ cietu endospermu.

Valsts Stendes Graudaugu selekcijas institūta graudu kvalitātes un agroķīmijas laboratorijā genotipiem no kolekcijas materiāla (2004.-2006. g.) analizēts:

- **kopproteīna saturs (g kg^{-1})**, ar Kjeldāla metodi (LVS 277), pārrēķināšanas koeficients 6.25;
- **cietes saturs (g kg^{-1})** ar Eversa polarimetrisko metodi (ISO 10520);
- **koptauku saturs (g kg^{-1})** ar ekstrakcijas metodi (ISO 6492);

- **koppelnu saturs** (g kg^{-1}), paraugus sadedzinot mufeļkrāsnī pie $550\text{ }^{\circ}\text{C}$ (LVS 276:2000);
- **kopējās kokšķiedras saturs** (g kg^{-1}) paraugu apstrādājot ar sērskābi un nātrija sārmu, un nosverot nešķīstošo atlikumu (ISO 5498);
- **fosfora saturs** (g kg^{-1}) ar spektrometrijas metodi (ISO 6492);

Vecākaugu šķirnēm, F₄ un F₅ paaudzes kailgraudu un plēkšņainajām miežu līnijām (2007.-2008. g.) ar graudu automātisko analizatoru Infratec Analysis 1241 (pielietojot 0.1 kg kivetī) noteikts kopproteīna saturs (g kg^{-1}), cietes saturs (g kg^{-1}), β -glikānu saturs (g kg^{-1}).

- LLU Agronomisko pētījumu laboratorijā analizēts:

- **neitrāli skalotā kokšķiedra** (NSK) (g kg^{-1}) LVS EN ISO 16472; 2006;
- **skābi skalotā kokšķiedra** (SSK) (g kg^{-1}) ar Van Soesta barības līdzekļu analīžu metodi (Forage analysis, ASV, met. 4.1: 1993);
- **lizīna saturs** (g kg^{-1}) atbilstoši LVS EN ISO 13903:2005 metodikai. Aprēķināts lizīna relatīvais saturs proteīnā ($\text{g } 100\text{ g proteīna}$).

Aarhus Universitātes Flakbebjergas Zinātnes Centra (Dānija) ģenētikas un biotehnoloģijas laboratorijā analizēts:

- **aminoskābju saturs** (g kg^{-1}) ar augstas izšķirtspējas šķīduma hromatogrāfu (Ultra Performance Liquid Chromatography/ UPLC). Aminoskābju saturs noteikts vecākaugu šķirnēm ('Justina', 'L 302'), kailgraudu un plēkšņainajām līnijām (5 plēkšņainas, 8 kailgraudu) no krustojumu kombinācijas 04-09 (Justina/L 302). Aprēķināts aminoskābju relatīvais saturs proteīnā ($\text{g } 100\text{ g proteīna}$).

Pētījuma autores adaptētās metodes:

- **β -glikānu saturu graudos** (g kg^{-1}) (darbs veikts LLU Agronomisko pētījumu laboratorijā), adaptējot McCleary and Glennie-Holmes (1985) metodiku (EBC metode 3.11.1) Izmantoti ķīmiskie reaģenti no Megazyme (Megazyme International Ireland Ltd.).
- **rezerves proteīna D, C un B hordeīnu profilu daudzveidības noteikšana** (darbs veikts Valsts Stendes Graudaugu selekcijas institūta laboratorijā), adaptējot nātrija dodecilsulfāta (SDS)-poliakrilamīda gēla elektroforēzes (SDS-PAGE) metodi (Doll, Andersen, 1981). Proteīna ekstrakcijai izmantota modificēta metode (E. Vincze, Flakbebjergas Zinātnes Centrs, Dānija, 2006; N. Rostoks, LU Bioloģijas fakultāte, 2008 – personīgā komunikācija). Hordeīna elektroforēze veikta vārpu paraugiem, kas ievākti 2006. gadā. Paraugs analīzei iegūts graudus no vienas vārpas samaļot piestā un izsijājot caur 0.5 mm sietu.

Datu statistiskā analīze

Iegūtie rezultāti statistiski apstrādāti ar Microsoft Excel programmas nakti, pielietojot aprakstošās un variācijas statistikas, dispersijas analīzes,

korelācijas analīzes metodes un t-testu divu neatkarīgu paraugkopu vidējo starpības būtiskuma novērtēšanai.

Izmantota **klasteru analīze**, pielietojot Varda metodi (veido klasterus jeb grupas pamatojoties uz minimālu dispersiju grupu iekšpusē), izmantota, lai pētāmo selekcijas materiālu sagrupētu pēc graudu fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem. Datu apstrādi veica ar SPSS programmas paketi.

Galveno komponentu analīzē pētāmās šķirnes sadalītas grupās ar līdzīgām pazīmju kombinācijām, ņemot vērā korelatīvās sakarības starp pazīmēm. Datu analīzi veica ar SPSS programmas paketi. Galveno komponentu analīzē īpašvērtības, kas augstākas par vienu vienību uzskatītas kā būtiskas. Pie apskatāmā galvenā komponenta pieder tie mainīgi, kuru komponentu slodze ir lielāka par 0.5.

Elektroforēzes datu apstrādē, katra individuālā hordeīnu polipeptīdu josla identificēta manuāli ar *GeneTools* datorprogrammas piedāvāto opciju un molekulas aprēķināta, balstoties uz molekulas (MM) marķieri (*Fermentas*). Šķirne 'Igrī' izmantota kā kontrole uz katra gēla. Hordeīna polipeptīdu joslas pētījumā numurētas pēc to elektroforētiskās mobilitātes. Ar datorprogrammu STATISTICA, balstoties uz bināro datu matricu, ar klasteru analīzi, kur piemērota tuvākā kaimiņa (Neighbour-joining) klasteru veidošanas metode, konstruēta dendrogramma, kas genotipus apvieno radniecīgās grupās pēc hordeīnu joslu profiliem.

Trīspadsmīt Latvijā selekcionēto šķirņu salīdzināšana pēc graudu kvalitātes rādītājiem veikta, izmantojot selekcijas materiāla **integrālā novērtējuma metodi** (Мартинов, 1987), lai identificētu šķirnes, kuras raksturojas ar zemāko šķirņu raksturojošo pazīmju normēto noviržu summu no vēlamās vērtības izmantošanai atgremotājiem un neatgremotājiem mājdzīvniekiem. Integrālajā novērtējumā ņemta vērā pazīmes vēlamā vērtība, pazīmes faktiskā vērtība, katras pazīmes ieguldījuma koeficients un standartnovirze šķirņu salīdzinājumā. Vasaras miežu genotipu integrālais novērtējums veikts pēc 4 graudu kvalitātes fizikālajām pazīmēm (plēkšņainība, 1000 graudu masa, tilpummasa, relatīvais cietības indekss) un 7 graudu kvalitātes ķīmiskajām pazīmēm (cietes, kopproteīna, koptauku, β -glikānu, kokšķiedras saturs, koppelnu un fosfora saturs). Abām mājdzīvnieku grupām vēlamā pazīmes vērtība 1000 graudu masai, tilpummasai, cietei, koptauku un β -glikānu saturam atbilst pazīmes maksimālai vērtībai, bet plēkšņainībai un kokšķiedras saturam - pazīmes minimālai vērtībai. Vēlamai pazīmes vērtībai kopproteīna saturam ir ierobežojums no apakšas ($\geq 120 \text{ g kg}^{-1}$). Neatgremotājiem kā vēlamā pazīmes vērtība relatīvajam cietības indeksam noteikta pazīmes minimālā vērtība, bet atgremotājiem – šīs pazīmes maksimālā vērtība. Minimālā integrālā novērtējuma vērtība (SD) atbilst labākajam genotipam pēc

integrālā novērtējuma. Par augstvērtīgāko lopbarības miežu šķirni tiek atzīta tā, kuras SD vērtība ir zemāka par vienu standartnovirzi (s) no vidējās šī indeksa vērtības SD_{vid-s} šķirņu salīdzinājumā ($SD \leq SD_{vid-s}$).

REZULTĀTI

GRAUDU KVALITĀTES PAZĪMJU IZVĒRTĒJUMS DAŽĀDĀM VASARAS MIEŽU FORMĀM

Miežu lopbarības kvalitāti raksturo gan fizikālie, gan ķīmiskie rādītāji, kas atrodas kompleksā mijiedarbībā un var ietekmēt miežu graudu lopbarības kvalitāti. Šķirnes, ko krustošanā izmanto kā selekcijas izejmateriālu jaunu šķirņu veidošanai parasti izvēlas pamatojoties uz pazīmju, kas svarīgas selekcijas uzdevumu veikšanai, fenotipisko novērtējumu.

Graudu kvalitātes fizikālo rādītāju izvērtējums (1. tabula).

Graudu plēkšņainība (GPL). Pētījumā iekļautajiem plēkšņainajiem vasaras miežu genotipiem plēkšņu īpatsvars graudu masā vidēji trijos gados variēja no 6.9% divkanšu šķirnei 'Cork' līdz 11.7% daudzkanšu šķirnei 'Chosen'. Rezultāti parāda, ka plēkšņu īpatsvars būtiski ($p < 0.05$) augstāks bija daudzkanšu miežiem salīdzinājumā ar divkanšu miežiem. Sešiem no desmit novērtētajiem daudzkanšu genotipiem, šis rādītājs pārsniedza 10%.

1000 graudu masa (TGM) divkanšu miežiem bija robežās no 39.7 līdz 50.0 g, bet daudzkanšu miežiem šis pazīmes vērtība variēja no 29.6 g līdz 44.1 g ar pazīmes variācijas koeficienta vērtību 12.0%. Arī kailgraudu miežu genotipiem šīs pazīmes mainība bija salīdzinoši augsta. Divkanšu miežiem TGM bija būtiski augstāka, salīdzinot ar daudzkanšu miežu šīs pazīmes vidējo vērtību ($p < 0.05$). Plēkšņainie miežu genotipi, kas raksturojās ar rupjiem graudiem bija šķirnes 'Klinta' un 'Rūja' (abām 50 g), bet kailgraudu miežiem - '10250' (49.6 g) un 'L 302' (48.7 g).

Viena grauda diametrs (GD) un viena grauda masa (GM) selekcijas materiālam Latvijas miežu selekcijas programmās līdz šim nav analizēts. Vidējais grauda diametrs plēkšņainajiem divkanšu miežiem bija būtiski ($p < 0.05$) augstāks nekā kailgraudu miežiem (attiecīgi 2.45 un 2.35 mm). Divkanšu plēkšņainajiem miežiem (44.2 mg), salīdzinot ar daudzkanšu (40.4 mg) un kailgraudu miežiem (40.8 mg), bija būtiski ($p < 0.05$) augstāka vidējā viena grauda masa. Mainība pēc šī rādītāja daudzkanšu plēkšņainajiem un divkanšu kailgraudu miežiem bija vidēja.

Graudu tilpummasa vidēji izmēģinājuma gados starp dažādu formu genotipiem variēja no 601.8 g L⁻¹ daudzkanšu miežu genotipam 'B90A' līdz 798.3 g L⁻¹ kailgraudu šķirnei 'CD Candle'. Šīs pazīmes vērtība bija būtiski

augstāka plēkšņainajiem divkanšu miežu genotipiem (682.4 g L⁻¹) salīdzinājumā ar daudzkanšu miežu genotipiem (635.8 g L⁻¹), un kailgraudu miežu genotipiem (774.6 g L⁻¹) salīdzinājumā ar plēkšņainajiem genotipiem. Septiņiem plēkšņainajiem divkanšu genotipiem graudu tilpummasa pārsniedza 700 g L⁻¹.

1. tabula / Table 1

Graudu kvalitātes fizikālo pazīmju salīdzinājums starp dažādām miežu formām (vidēji 2004.-2006. g.)
Comparison of grain quality physical traits between different types of barley (mean, 2004-2006)

Rādītāji/Indices	GPL ¹ , %	TGM, g	TM, g L ⁻¹	GD, mm	GM, mg	RCI
Divkanšu, plēkšņains/ Two-row, covered						
vidēji/mean	8.6 ^{b 2}	45.7 ^a	682.4 ^b	2.45 ^a	44.2 ^a	64.4 ^a
min	6.9	39.7	635.7	2.24	37.9	43.5
max	10.6	50.0	712.2	2.64	50.8	80.8
V%	10.4	6.5	3.0	5.4	7.2	14.7
Daudzkanšu, plēkšņains/ Six-row, covered						
Vidēji/mean	10.6 ^a	40.1 ^b	635.8 ^c	2.37 ^{ab}	40.4 ^b	67.2 ^a
min	9.6	29.6	601.8	2.08	29.4	54.6
max	11.7	44.1	661.8	2.58	47.7	80.4
V%	6.8	12.0	3.0	5.6	11.8	13.7
Divkanšu, kailgraudu / Two-row, hullless						
Vidēji/mean	-	43.1 ^{ab}	774.6 ^a	2.35 ^b	40.8 ^b	64.8 ^a
min	-	31.2	737.9	2.15	32.4	40.3
max	-	49.6	798.3	2.63	47.7	84.9
V%	-	12.8	2.0	5.6	11.4	18.9

¹GPL-graudu plēkšņainība / hull content; TGM-1000 graudu masa / 1000 kernel weight; TM-tilpummasa / test weight; GD-viena grauda diametrs / single kernel diameter; GM-viena grauda masa / single kernel weight; RCI-relatīvais cietības indekss / relative hardness index; ² pazīmes vidējās vērtības katrā salīdzinājumā starp miežu formu pāriem ar dažādiem burtiem augšrakstā ir būtiski atšķirīgas p<0.05 līmenī / trait mean values in each comparison between barley types with different labels on superscript are significant at the p<0.05.

Graudu cietība miežiem, tāpat kā kviešiem, raksturo endospermas struktūru. Relatīvais cietības indekss (RCI) pētījumā iekļautajiem dažādu miežu formu genotipiem variēja no 43.5 līdz 84.9. Visām miežu formām bija vērojama šī rādītāja salīdzinoši augsta mainība (V%=13.7-18.9). No 52 pētījumā analizētajiem genotipiem, mīksta endosperma (RCI<30) nebija nevienai šķirnei, vidēji mīksta endosperma (30>RCI<60) bija 15 genotipiem

(8 divkanšu, 2 daudzkanšu, 5 kailgraudu), bet cieta endosperma (RCI>60) – 37 genotipiem (19 divkanšu, 8 daudzkanšu, 10 kailgraudu).

Graudu kvalitātes ķīmisko rādītāju izvērtējums (2. tabula).

Cietes saturs graudos vidēji trīs gados divkanšu miežu graudos bija būtiski ($p<0.05$) augstāks nekā daudzkanšu miežu graudos (attiecīgi 620.1 un 590.4 g kg⁻¹). Kailgraudu genotipi raksturojās ar salīdzinoši lielāko mainību pēc cietes satura graudos - tas variēja no 585.7 g kg⁻¹ šķirnei 'Sumire Mochi' līdz 670.5 g kg⁻¹ šķirnei 'CD Candle', kur abiem minētiem genotipiem ir vaskveida endosperma.

2. tabula / Table 2

Graudu kvalitātes ķīmisko pazīmju salīdzinājums starp dažādām miežu formām (vidēji 2004.-2006. g.)
Comparison of grain quality chemical traits between different types of barley (mean, 2004-2006)

Rādītāji/ Indices	PR ¹ , g kg ⁻¹	C g kg ⁻¹	BGL ₁ , g kg ⁻¹	KT, g kg ⁻¹	KŠ, g kg ⁻¹	KP, g kg ⁻¹	P, g kg ⁻¹
Divkanšu, plēkšņains / Two-row, covered							
Vidēji/ mean	128.7 ^{b2}	620.1 ^a	38.6 ^c	23.2 ^b	46.5 ^b	22.9 ^b	3.9 ^b
min	109.9	581.6	34.1	19.7	34.9	21.0	3.2
max	170.7	650.0	43.9	29.4	53.1	25.4	4.7
V%	13.2	3.1	6.9	9.6	8.2	4.8	8.9
Daudzkanšu, plēkšņains / Six-row, covered							
Vidēji/mean	152.0 ^a	590.4 ^b	41.9 ^b	22.7 ^b	53.5 ^a	24.4 ^a	4.7 ^a
min	118.8	563.0	36.2	20.1	49.3	22.5	3.7
max	196.2	621.0	46.6	24.3	59.2	26.1	5.4
V%	12.9	2.9	8.5	5.9	6.1	4.6	18.0
Divkanšu, kailgraudu / Two-row, hulless							
Vidēji/mean	149.4 ^a	630.1 ^a	50.4 ^a	25.4 ^a	23.7 ^c	21.3 ^c	4.7 ^a
min	118.4	585.5	37.0	21.2	17.3	18.8	4.1
max	176.9	670.5	66.5	30.7	28.6	23.9	5.2
V%	12.5	4.9	15.2	9.4	13.8	8.3	8.4

¹PR-kopproteīns / crude protein, C – ciete / starch, BGL-β-glikāni / β-glucan, KT-koptauki / crude fat, KŠ-koksšķiedra / crude fibre; KP-koppelni / crude ash; P-fosfors / phosphorus; ² pazīmes vidējās vērtības katrā salīdzinājumā starp miežu formu pāriem ar dažādiem burtiem augšrakstā ir būtiski atšķirīgas $p<0.05$ līmenī / trait mean values in each comparison between barley types with different labels on superscript are significant at the $p<0.05$.

Kailgraudu miežu genotipiem vidējais cietes saturs graudos (630.1 g kg⁻¹) bija būtiski ($p<0.05$) augstāks nekā plēkšņainajiem miežiem (620.1 g kg⁻¹).

Kopproteīna saturs (PR) vidēji trīs gados divkanšu miežu genotipiem graudos variēja no 109.9 līdz 170.7 g kg⁻¹, daudzkanšu genotipiem - no 118.8 līdz 196.2 g kg⁻¹, kailgraudu miežu genotipiem – no 118.4 līdz 176.9 g kg⁻¹. Pētījumā iekļautie dažādu formu genotipi izvēlēti pamatojoties uz to kopproteīna saturu graudos, lai materiāls pēc šīs pazīmes būtu pēc iespējas daudzveidīgāks un tāpēc izmantojams turpmākai pārējo graudu kvalitātes rādītāju izpētei. Mainība, kas novērtēta ar pazīmju variācijas koeficientiem, pēc kopproteīna satura graudos bija līdzīga visām miežu formām (V%=12.5-13.2).

β-glikānu saturs (BGL) graudos plēkšņainajiem miežu genotipiem variēja no 34.1 līdz 46.6 g kg⁻¹, bet daudzkanšu miežu genotipiem tas variēja no 36.2 g kg⁻¹ līdz 46.6 g kg⁻¹. Vidēji trīs gados daudzkanšu miežiem β-glikānu saturs bija būtiski augstāks (p<0.05) nekā divkanšu miežiem. Kailgraudu miežu genotipiem konstatēja būtiski augstāku (p<0.0001) vidējo β-glikānu saturu nekā plēkšņainajiem miežu genotipiem. Kailgraudu miežiem konstatēja salīdzinoši augstu mainību pēc β-glikānu satura graudos, kur pazīmes *min* vērtība bija 37.0 g kg⁻¹ šķirnei 'Gainer', bet *max* pazīmes vērtība – 66.5 g kg⁻¹ šķirnei 'CD Candle', kas norāda, ka iespējams selekcionēt arī kailgraudu miežu šķirni ar pazeminātu β-glikānu saturu graudos, kas vairāk atbilst izmantošanai lopbarībā neatgremotajiem mājdzīvniekiem. Visaugstāko β-glikānu saturu novēroja kailgraudu miežu genotipiem ar vaskveida endospermu - 'Sumire Mochi', 'Wanubet' (Japāna) un 'CD Candle' (ASV) (attiecīgi 60.7, 58.5 un 66.5 g kg⁻¹), kas apstiprina, ka genotipi ar zemas amilozes cieti, ir mazāk piemēroti izmantošanai lopbarībā, īpaši putniem.

Koptauku saturs (KT) vidēji trijos gados divkanšu un daudzkanšu plēkšņainajiem miežu genotipiem bija attiecīgi 23.2 un 22.8 g kg⁻¹ un šī starpība nebija būtiska. Koptauku saturs kailgraudu miežu graudos variēja no 21.2 līdz 30.7 g kg⁻¹ ar vidējo vērtību 25.4 g kg⁻¹, kas bija būtiski augstāka nekā plēkšņainajiem miežiem (p<0.01). Koptauku saturs vidēji trīs gados miežu šķirnēm ar vaskveida endospermu kā 'Merlin', 'Wanubet' un 'CD Candle' bija ievērojami augstāks (27.1-28.3 g kg⁻¹) nekā miežiem ar normā-lu endospermu.

Kokšķiedras satura (KŠ) atšķirības starp divkanšu plēkšņainajiem miežu genotipiem bija samērā lielas – no 34.9 g kg⁻¹ šķirnei 'Grimmet' līdz 53.1 g kg⁻¹ šķirnei 'Landsorte aus Tirol'. Vidējais kokšķiedras saturs daudzkanšu miežiem (53.5 g kg⁻¹) bija būtiski augstāks nekā divkanšu miežiem (46.5 g kg⁻¹) (p<0.01). Kailgraudu miežiem kokšķiedras saturs bija divas reizes zemāks nekā plēkšņainajiem miežiem: attiecīgi 23.8 un 46.5 g kg⁻¹. Zemāko kokšķiedras saturu graudos konstatēja kailgraudu

miežu genotipiem ar vaskveida endospermu 'Wanubet', 'CD Candle' (attiecīgi 17.4 un 173 g kg⁻¹).

Koppelnu saturs (KP) plēkšņainajiem divkanšu miežiem graudos variēja no 21.0 līdz 25.4 g kg⁻¹, daudzkanšu miežu genotipiem – no 22.5 līdz 26.1 g kg⁻¹, kailgraudu miežiem - no 18.8 līdz 23.9 g kg⁻¹. Pētījumā ir konstatēta būtiska starpība ($p < 0.05$) starp visām miežu formām pēc vidējā koppelnu satura graudos. Augstāks tas bija daudzkanšu, salīdzinot ar divkanšu genotipiem (attiecīgi 24.4 un 22.9 g kg⁻¹), un plēkšņainajiem, salīdzinot ar kailgraudu genotipiem (attiecīgi 22.9 un 21.2 g kg⁻¹).

Fosfora saturs (P) graudos plēkšņainajiem divkanšu miežiem variēja no 3.2 līdz 4.7 g kg⁻¹, daudzkanšu miežiem – no 3.7 līdz 5.4 g kg⁻¹, bet kailgraudu miežu genotipiem no 4.1 līdz 5.2 g kg⁻¹. Fosfora saturs graudos vidēji trijos gados divkanšu plēkšņainajiem miežiem (3.9 g kg⁻¹) bija būtiski zemāks ($p < 0.001$) salīdzinot ar daudzkanšu plēkšņainajiem miežiem un divkanšu kailgraudu miežiem (abiem vidēji 4.7 g kg⁻¹).

Kopumā graudu kvalitātes ķīmisko pazīmju mainība starp genotipiem galvenokārt pēc visiem novērtētajiem rādītājiem bija augstāka divkanšu kailgraudu miežu genotipiem, salīdzinot ar citām miežu formām. Īpaši daudzveidīgs materiāls kailgraudu miežiem bija pēc β -glikānu satura ($V\% = 15.2$) un kokšķiedras satura graudos ($V\% = 13.8$).

Dažādiem vasaras miežu genotipiem, kas raksturojās ar atšķirīgu koproteīna saturu graudos, noteica **lizīna saturu graudu sausnā un proteīnā**. Analizētos genotipus sadalīja trīs grupās, kas savstarpēji būtiski ($p < 0.05$) atšķīrās pēc vidējā koproteīna satura graudos. Pieaugot koproteīna saturam, pieauga arī lizīna saturs graudu sausnā, ko apstiprina būtiska ($p < 0.01$) pozitīva korelācija starp šiem abiem rādītājiem ($r = 0.934 > r_{0.01} = 0.798; n = 9$). Nekonstatēja statistiski būtiskas atšķirības pēc vidējā lizīna satura graudu sausnā (attiecīgi 4.31 un 4.83 g kg⁻¹) starp genotipiem ar vidēju (133.0 g kg⁻¹) un paaugstinātu koproteīna saturu (162.8 g kg⁻¹) graudos. Pieaugot koproteīna saturam graudos, samazinās lizīna proporcija proteīnā, kā norāda būtiska negatīva korelācija starp šiem abiem rādītājiem ($r = -0.775 > r_{0.05} = 0.666; n = 9$). Lizīna saturs proteīnā (3.34 g 100 g proteīna) bija būtiski augstāks genotipiem ar pazeminātu (<120 g kg⁻¹) koproteīna saturu, salīdzinot ar genotipiem ar paaugstinātu koproteīna saturu graudos (>155 g kg⁻¹) - 2.97 g 100 g proteīna. Genotipiem ar vidēju koproteīna saturu graudos (133.0 g kg⁻¹) lizīna īpatsvars proteīnā būtiski neatšķīrās no genotipiem ar pazeminātu koproteīna saturu graudos (115.7 g kg⁻¹) (lizīna saturs attiecīgi 3.25 un 3.34 g 100 g proteīna), tas bija būtiski ($p < 0.05$) augstāks nekā genotipiem ar paaugstinātu koproteīna saturu graudos (lizīna saturs 2.97 g 100 g proteīna). Datu analīze liecina, ka miežiem ar vidēju koproteīna saturu

graudos (120-140 g kg⁻¹), bija tāds lizīna saturs sausnā un proporcija proteīnā, kas vislabāk apmierina gan atgremotāju, gan neatgremotāju mājdzīvnieku prasības.

Pētījumā salīdzināja arī 13 **Latvijā selekcionētās šķirnes** pēc graudu fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem un izvērtēja šo šķirņu augstvērtīgumu no lopbarības kvalitātes viedokļa. Klasteru analizē, pamatojoties uz minimālu dispersiju grupu iekšpusē, šķirnes pēc 11 analizētajiem graudu fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem sadalījās divās grupās (3. tabula). Pirmā grupa apvienoja 6 šķirnes ('Ansis', 'Rūja', 'Gāte', 'Malva', 'Rasa', 'Kristaps'), kam bija būtiski augstāks vidējais cietes saturs (635.0 g kg⁻¹) un būtiski zemāks ($p < 0.05$) vidējais kopproteīna saturs graudos (119.6 g kg⁻¹), salīdzinot ar 7 šķirnēm, kas apvienotas 2. grupā ('Sencis', 'Linga', 'Abava', 'Klinta', 'Idumeja', 'Balga', 'Druvis') (vidējais cietes un kopproteīna saturs attiecīgi 615.9 un 128.6 g kg⁻¹). Rezultāti liecina, ka 1. grupas šķirnes raksturojas ar paaugstinātu enerģētisko vērtību, īpaši izceļot šķirnes 'Ansis', 'Rūja' un 'Rasa', kurām bija salīdzinoši augstāks koptauku saturs graudos (24.1-24.6 g kg⁻¹). Šķirnēm 'Ansis', 'Rūja', 'Gāte' un 'Malva' raksturīga cieta grauda endosperma (RCI=63.7-68.6) un salīdzinoši zemāka plēkšņainība (8.0-9.1%). Daudzkanšu miežu šķirne 'Druvis' šajā šķirņu salīdzinājumā raksturojās ar maksimālo pazīmes vērtību pēc β -glikānu satura, kokšķiedras satura un relatīvā cietības indeksa, un ar minimālo pazīmes vērtību pēc 1000 graudu masas, tilpummasas un koptauku satura, kas liecina par šīs šķirnes salīdzinoši zemo graudu lopbarības kvalitāti.

Izmantojot selekcijas materiāla daudzkritēriju izlasi jeb **integrālā novērtējuma metodi**, Latvijā selekcionētās šķirnes analizēja pēc 11 graudu kvalitātes pazīmēm vienlaicīgi, tas ir, noteica tās šķirnes, kuras raksturojās ar zemāko šķirni raksturojošo pazīmju normēto noviržu summu no vēlamās vērtības izmantošanai neatgremotājiem un atgremotājiem mājdzīvniekiem. Kvalitatīvas lopbarības prasībām izmantošanai neatgremotājiem mājdzīvniekiem pēc graudu fizikālajiem rādītājiem visvairāk atbilst šķirne 'Klinta' ($SD=2.9 \leq SD_{vid-s}=3.8$), kurai bija paaugstināta 1000 graudu masa (50.0 g), tilpummasa (707.7 g L⁻¹), pazemināta plēkšņainība (8.2%) un vidēji mīksti graudi (RCI=59.9). Izmantošanai atgremotājiem mājdzīvniekiem pēc graudu fizikālajiem rādītājiem vairāk ir piemērotas šķirnes 'Abava' un 'Rūja' ($SD=2.9-4.1 \leq SD_{vid-s}=4.1$), kurām vidēji trīs gadus, salīdzinot ar citām Latvijas izcelsmes šķirnēm, bija pazemināts plēkšņu īpatsvars (8.2-8.3%), paaugstināta 1000 graudu masa (48.9-50.0 g), tilpummasa (686.3-701.0 g L⁻¹), tās raksturojas ar cietu graudu endospermu (RCI=66.5-70.7).

Latvijā selekcionēto šķirņu raksturojums pēc graudu kvalitātes fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem,
vidēji 2004.-2006.g.¹

Grain quality characteristics of spring barley varieties bred in Latvia, mean of 2004-2006

Šķirne	C	PR	BG	KT	KŠ	KP	P	PL	TGM	TM	RCI
1. grupa / Group 1											
Ansis	634.7	115.7	36.7	24.6	45.0	21.6	3.8	9.1	46.4	680.8	67.8
Rūja	627.2	119.7	37.2	24.1	44.8	22.0	3.9	8.3	50.0	686.3	66.5
Gāte	641.7	120.0	37.6	23.7	43.1	22.2	4.1	8.0	45.2	702.5	68.6
Malva	632.5	121.9	35.0	22.1	45.2	21.7	3.9	8.7	44.2	699.5	63.7
Rasa	632.6	124.4	37.9	24.1	43.5	22.2	3.5	9.4	43.9	683.0	73.9
Kristaps	635.2	115.9	37.3	20.2	45.7	22.8	3.7	9.4	44.7	670.0	79.2
Vidēji/mean²	635.0^a	119.6^b	37.0^b	23.1^a	44.6^b	22.1^b	3.8^a	8.8^a	45.7^a	687.0^a	70.0^a
2. grupa / Group 2											
Sencis	612.0	130.5	36.3	22.6	47.6	22.8	4.0	10.6	46.5	701.3	47.1
Linga	612.1	129.8	38.7	22.6	51.5	24.1	4.0	10.6	43.0	683.0	66.7
Abava	619.9	128.7	40.3	23.3	46.2	22.6	3.8	8.2	48.9	701.0	70.7
Klinta	614.6	136.7	40.4	21.5	45.8	21.8	4.0	8.2	50.0	707.7	59.9
Idumeja	612.9	132.7	41.5	22.5	46.9	23.3	3.9	8.9	49.4	648.7	61.3
Balga	618.9	123.2	41.2	20.1	49.3	23.1	4.1	8.1	42.7	687.5	72.1
Druvis	621.0	118.8	45.0	20.1	55.8	22.6	3.7	10.3	42.5	651.0	80.4
Vidēji/mean	615.9^b	128.6^a	40.5^a	21.8^a	49.0^a	22.9^a	3.9^a	9.3^a	46.1^a	682.9^a	65.5^a

¹ C – ciete / starch, g kg⁻¹; PR – kopproteīns / crude protein, g kg⁻¹; BG - β-glikāni / β-glucan, g kg⁻¹; KT – koptauki / crude fat, g kg⁻¹; P – fosfors / phosphorus, g kg⁻¹; PL – plēkšņainība / hull content, %; TGM - 1000 graudu masa / 1000 kernel weight, g; TM – tilpummasa / test weight, g L⁻¹; RCI- relatīvais cietības indekss / relative hardness index; ² vidējie rādītāji katrā salīdzinājumā starp miežu formu pāriem ar dažādiem burtiem augšrakstā, ir būtiski atšķirīgi p<0.05 līmenī / trait mean values in each comparison between groups with different labels on superscript are significant at the p<0.05.

Augstāko novērtējumu no Latvijā selekcionētajām šķirnēm pēc graudu ķīmiskā sastāva izmantošanai abām mājdzīvnieku grupām saņēma šķirne 'Gāte', kurai vidēji trīs gados konstatēts augstākais cietes (641.7 g kg^{-1}) un fosfora saturs (4.0 g kg^{-1}) graudos, zemākais kokšķiedras saturs graudos (43.1 g kg^{-1}), tai raksturīgs paaugstināts koptauku (23.7 g kg^{-1}) un vidējs kopproteīna saturs graudos (120 g kg^{-1}).

Šķirne 'Gāte', no pētījumā iekļautajām Latvijā selekcionētajām šķirnēm, pēc graudu fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem nodrošinājusi zemāko normēto noviržu summu no vēlamo graudu fizikālo un ķīmisko rādītāju vērtībām abām mājdzīvnieku grupām. Ja relatīvo cietības indeksu pieņem kā galveno izlases kritēriju, tad tā vairāk piemērota atgremotāju mājdzīvnieku prasībām, jo atbilst genotipiem ar cietu endospermu ($RCI=67>60$). Atgremotājiem mājdzīvniekiem piemērotākās pēc graudu fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem ir arī miežu šķirnes 'Abava' un 'Rūja' ($SD=9.0-11.4 \leq SD_{\text{vid-s}}=11.6$).

HORDEĪNU DAUDZVEIDĪBAS IZVĒRTĒJUMS VASARAS MIEŽU GENOTIPIEM AR DAŽĀDU KOPPROTEĪNA SATURU GRAUDOS

Lai sekmīgi veiktu augstvērtīgu miežu šķirņu selekcijas darbu, selekcionāram ir jāizmanto pēc iespējas plašāka ģenētiskā daudzveidība, kā arī metodes, kas paaugstina izlases efektivitāti un dod iespēju daudz ātrāk uzsākt graudu kvalitātes rādītāju novērtēšanu selekcijas materiālā. Pētījumā izmantoja proteīna marķieri, lai 52 genotipiem ar atšķirīgu kopproteīna saturu graudos novērtētu hordeīnu profilu daudzveidību un noteiktu dažādu D, C un B hordeīna profilu un atsevišķu hordeīna polipeptīdu joslu saistību ar kopproteīna saturu graudos.

Pēc nātrija dodecilsulfāta poliakrilamīda gēla elektroforēzes (SDS-PAGE) rezultātiem, pamatojoties uz proteīna marķiera un standartšķirnes 'Igrī' hordeīnu molekulmasas datiem, analizēto miežu genotipu hordeīnu polipeptīdu joslu molekulmasa bija no 35 līdz 94 kDa (kilodaltoniem). Hordeīnu polipeptīdu joslu analīze liecina, ka vasaras miežu šķirnes ir daudzveidīgas pēc D, C un B hordeīnu polipeptīdu joslu profiliem.

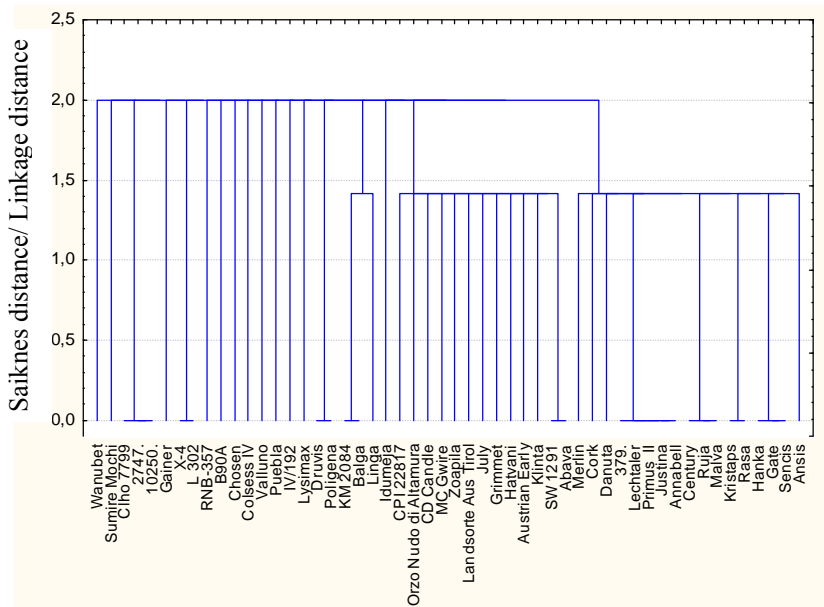
D hordeīna polipeptīdiem molekulmasa bija robežās no 82 līdz 94 kDa. Miežu genotipiem konstatēja 5 atšķirīgus D hordeīna profilus, kas sastāvēja no 4 polipeptīdu joslām. Trīsdesmit trīs genotipi (22 divkanšu plēkšņainie, 3 daudzkanšu plēkšņainie, 8 divkanšu kailgraudu) no kopējā šķirņu skaita raksturojas ar D3 hordeīna joslu profilu, kuru viedo viena polipeptīdu josla ar molekulmasu 92 kDa.

C hordeīna frakcijā dažādām miežu formām konstatēja 16 hordeīna profilus, ko veidoja 10 hordeīna polipeptīdu joslas. C hordeīna

polipeptīdiem molekulmasa bija robežās no 49 līdz 66 kDa. Identificētos 16 C hordeīna profilus veidoja 2 līdz 5 joslas. Divdesmit septiņām plēkšņaino divkanšu miežu šķirnēm konstatēja 8 hordeīna profilus, kurus veidoja 10 polimorfās polipeptīdu joslas. Daudzkanšu genotipiem izdalīja 7 C hordeīna joslu profilus ar 7 polipeptīdu joslām, bet kailgraudu genotipiem 7 C hordeīna profilus ar 8 hordeīna polipeptīdu joslām.

Analizētie genotipi bija daudzveidīgi arī pēc **B hordeīna** profiliem. Kopumā izdalīja 28 B hordeīna profilus ar 12 hordeīna polipeptīdu joslām. B hordeīna polipeptīdiem molekulmasa bija robežās no 35 līdz 46 kDa. Analizētajiem plēkšņainiem divkanšu miežu genotipiem konstatēti 12 hordeīna joslu profili, kurus veidoja 12 hordeīna polipeptīdu joslas. Šīs miežu formas deviņas šķirnes raksturojās ar B3 hordeīna joslu profilu, pieciem genotipiem konstatēts B13 hordeīna profils, bet sešiem divkanšu plēkšņainajiem genotipiem konstatēja atšķirīgus B hordeīna profilus. Visi desmit analizētie daudzkanšu miežu genotipiem konstatēti savstarpēji atšķirīgi B hordeīna profili. Analizētajiem piecpadsmit kailgraudu miežu genotipiem konstatēja 10 hordeīna joslu profilus. B hordeīna profili B10 un B24 konstatēti vienlaicīgi gan divkanšu, gan daudzkanšu miežu genotipiem, bet B6 un B20 – divkanšu plēkšņainajiem un kailgraudu miežu genotipiem. Pamatojoties uz datiem par D, C un B hordeīna joslu profiliem, **klasteru analizē** analizētie genotipi sadalījās trīs grupās. Konstruētā dendrogramma parāda miežu daudzveidības strukturēšanos, ņemot vērā radniecību starp dažādām šķirnēm pēc hordeīna joslu profiliem (skat. 1. att.).

Vairākiem genotipiem konstatēts identisks hordeīna joslu profils (dendrogrammā ar saiknes distanci 0), izdalot deviņas līdzības grupas ar 2 līdz 5 genotipiem katrā grupā. Identiskus hordeīna joslu profilus novēroja ne tikai starp vienas un tās pašas miežu formas genotipiem, bet arī starp dažādām miežu formām. Miežu genotipi, kas dendrogrammā sagrupējās ar saiknes distanci 1.4, ir līdzīgi pēc vienas vai divām hordeīna joslu profila grupām (D, C vai B). Tie ir galvenokārt Eiropas izcelsmes genotipi, kas norāda uz ģenētisko līdzību starp tiem. Šie genotipi izveidoja divus klāsterus jeb grupas pēc hordeīna profiliem. I grupa apvienoja galvenokārt plēkšņaino divkanšu miežu genotipus ar salīdzinoši zemāku vidējo kopproteīna saturu graudos (127.3 g kg^{-1}). Savukārt II grupa apvienoja genotipus ar paaugstinātu kopproteīna saturu graudos (145.1 g kg^{-1}). Novērtējot ar t-testu abu grupu vidējo starpību pēc kopproteīna satura graudos, konstatēts, ka šī starpība bija būtiska ($p < 0.01$). III grupa apvienoja genotipus ar savstarpēji atšķirīgiem hordeīna joslu profiliem. Šo miežu genotipu izcelsme ir no attālākiem pasaules reģioniem. Pie III grupas pieder galvenokārt šajā pētījumā iekļautie kailgraudu un daudzkanšu miežu genotipi ar paaugstinātu kopproteīna saturu graudos (vidēji 150.2 g kg^{-1}).



1. att. **Dendrogramma, kas miežu genotipus apvieno radniecīgās grupās (I, II, III) pēc hordeīna joslu profiliem ar tuvākā kaimiņa klasteru veidošanas metodi.**

Fig. 1. Dendrogram clustered genotypes in related groups (I, II, III) based on hordein banding patterns by the Neighbour-joining method.

Balstoties uz dažādu joslu profilu daudzveidību, pētījumā iekļautajiem genotipiem kopumā identificēja 26 hordeīna joslas. Novērota augsta daudzveidība pēc C un B polipeptīdu joslām. Visas identificētās hordeīna polipeptīdu joslas bija polimorfiskas un ar t-testu konstatēts, ka 10 polipeptīdu joslas uzrādīja būtisku saistību ar kopproteīna saturu graudos (4. tabula).

Kopproteīna vidējā vērtība bija būtiski augstāka hordeīna polipeptīdu joslu Nr. 1, 7, 12, 15, 20 un 24 klātbūtnē un iztrūkstot hordeīna polipeptīdu joslām Nr. 2, 3, 5 un 17. Pētījuma rezultāti parāda, ka šīs minētās hordeīna polipeptīdu joslas varētu izmantot miežu selekcijas materiāla izlasē pēc kopproteīna satura graudos.

**D, C un B hordeīna polipeptīdu joslu klātbūtnes un iztrūkuma saistība
ar kopproteīna saturu graudos**
**Associations between crude protein content and single D, C and B
hordein polypeptide bands**

Joslas Nr. / Band No	Joslas klātbūtne / Presence of band		Joslas iztrūkums / Absence of band		Vidējo starpība / Mean difference ¹
	Genotipu skaits / Number of genotypes	Kopproteīns / Crude protein, g kg ⁻¹	Genotipu skaits / Number of genotypes	Kopproteīns / Crude protein, g kg ⁻¹	
D hordeīns / D hordein					
1	7	160.9	45	137.0	23.9**
2	5	131.7	47	141.1	9.4*
3	37	136.3	15	149.9	13.5*
4	7	147.3	45	139.1	8.2
C hordeīns / C hordein					
5	21	128.5	31	148.2	19.7**
6	34	140.5	18	139.5	1.1
7	7	165.7	45	136.9	29.2**
8	4	144.9	48	139.8	5.2
9	2	175.6	50	138.8	36.8
10	5	146.7	47	139.5	7.2
11	40	140.4	12	139.7	0.7
12	48	142.1	4	117.2	24.9**
13	41	139.6	11	142.6	3.0
14	8	140.8	44	140.1	0.7
B hordeīns / B hordein					
15	16	151.7	36	135.1	16.6**
16	9	142.9	43	139.7	3.3
17	36	135.2	16	151.5	16.3**
18	29	143.1	23	139.1	4.0
19	30	143.1	22	136.7	6.4
20	16	149.9	36	135.3	14.6**
21	17	145.6	35	137.6	7.9
22	38	141.3	14	137.5	3.8
23	5	139.2	47	140.3	1.2
24	41	141.9	11	133.7	8.2*
25	5	141.5	47	140.1	1.4
26	10	145.5	42	139.0	6.6

¹ *, ** vidējo starpība ir būtiski atšķirīga p<0.05 un p<0.01 līmenī / mean difference significant at the 0.05 and 0.01 level respectively.

KORELATĪVĀS SAKARĪBAS STARP MIEŽU GRAUDU KVALITĀTES RĀDĪTĀJIEM

Korelatīvās sakarības starp viena grauda masu un viena grauda diametru bija būtiskas ($p < 0.05$) gan plēkšņainajiem ($r_{PI} = 0.788 > r_{0.05} = 0.396$), gan kailgraudu miežiem ($r_K = 0.845 > r_{0.05} = 0.553$). Lineāro sakarību izpēte parādīja, ka abām miežu formām starp 1000 graudu masu (TGM), viena grauda diametru (GD), un viena grauda masu (GM) ir būtiska korelācija:

- plēkšņainie $r_{GD:TGM} = 0.646$, $R^2 = 0.417$; $p < 0.01$;
 $r_{GM:TGM} = 0.923$, $R^2 = 0.852$; $p < 0.001$;
- kailgraudu $r_{GD:TGM} = 0.620$, $R^2 = 0.384$, $p < 0.05$;
 $r_{GM:TGM} = 0.832$, $R^2 = 0.692$; $p < 0.001$.

Pēc graudu masas un diametra nevar spriest par graudu tilpummasu, jo starp šiem rādītājiem nekonstatēja lineāras sakarības. Būtiskas lineāras sakarības nepastāvēja arī starp 1000 graudu masu un tilpummasu.

Būtisku pozitīvu korelāciju konstatēja starp graudu relatīvo cietības indeksu un β -glikānu saturu plēkšņaino divkanšu miežu formām

$$(r_{2-k,PI} = 0.418 > r_{0.05} = 0.396).$$

Cieša un būtiska ($p < 0.05$) negatīva korelācija visos pārbaudes gados bija starp kopproteīna un cietes saturu gan plēkšņainajiem ($r = 0.868$), gan kailgraudu miežu genotipiem ($r = 0.929$). Pozitīva korelatīvā sakarība starp kopproteīna saturu un koptauku saturu graudos konstatēta tikai divkanšu plēkšņainajiem miežiem, kas būtiska bija 2006.gadā ($r_{PI} = 0.738 > r_{PI,0.05} = 0.396$) un, statistiski analizējot trīs gadu vidējos datus pētījuma periodā ($r_{PI} = 0.531 > r_{PI,0.05} = 0.396$). Analizējot sakarības starp kopproteīna saturu graudos un citiem graudu ķīmiskajiem kvalitātes rādītājiem, būtiska ($p < 0.05$) pozitīva korelācija gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem konstatēta starp kopproteīna un fosfora saturu graudos ($r_P = 0.545$; $r_K = 0.820$). Pētījumā gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem atsevišķos gados konstatēta būtiska pozitīva korelatīva sakarība starp graudu tilpummasu un cietes saturu.

Divkanšu plēkšņainajiem miežiem ar augstāku tilpummasu bija zemāks kokšķiedras saturs graudos ($r_{PI} = -0.419$, $r_{0.05} = 0.381$), kas ir vēlams no lopbarības kvalitātes viedokļa. Tāpēc tilpummasu varētu izmantot kā vienkāršu izlases kritēriju enerģijas un sagremojamības palielināšanai miežu graudos. Pieaugot cietes saturam graudos, samazinās ne tikai kopproteīna saturs, bet arī kokšķiedras ($r_{PI} = -0.471$; $r_K = -0.539$), koppelnu ($r_{PI} = -0.673$; $r_K = -0.673$), fosfora saturs ($r_{PI} = -0.600$; $r_K = -0.845$) graudos plēkšņainajiem un arī kailgraudu miežiem, kā arī koptauku saturs plēkšņainajiem miežiem ($r_{PI} = -0.566$). Šīs minētās korelatīvās sakarības bija būtiskas 0.05% ticamības līmenī.

Korelācijas koeficientu vērtības un to būtiskums starp graudu kvalitātes rādītājiem bija atšķirīgs plēkšņainajiem un kailgraudu miežiem. Būtisku pozitīvu korelāciju starp koptaukiem un β -glikānu saturu graudos konstatēja tikai kailgraudu miežiem ($r_K=0.710 > r_{0,05}=0.514$). Tas paver iespējas veikt kailgraudu miežu šķirņu selekciju, kas raksturojas ar paaugstinātu β -glikānu un koptauku saturu graudos.

Galveno komponentu analīze izmantota, lai pētītu korelatīvo sakarību iekšējo struktūru, izdalot vairākus faktoros jeb galvenos komponentus (GK), kas ir savstarpēji neatkarīgi. Galveno komponentu analīzē izdalīti trīs galvenie komponenti, kas plēkšņainajiem miežiem kopā izskaidro 73%, bet kailgraudu miežiem 85% no datu kopējās dispersijas sākotnējā korelāciju matricā.

Plēkšņainajiem miežiem koproteīna, koptauku, koppelnu un fosfora saturam ar GK1 ir pozitīva korelācija (komponentu slodzes 0.910, 0.732, 0.654 un 0.765), bet ar cietes saturu graudos – būtiska negatīva korelācija (-0.906) (5. tabula).

5. tabula/Table 5

Galveno komponentu slodzes divkanšu kailgraudu un plēkšņaino miežu graudu kvalitātes rādītājiem, vidēji 2004. - 2006. g.¹

Principle component loadings for grain quality traits in two-row covered and hullless barley, mean 2004-2006

Pazīme/Trait	Galvenie komponenti / Principle components					
	Plēkšņainie/Covered			Kailgraudu/Hullless		
	1	2	3	1	2	3
1000 graudu masa / 1000 grain weight	0.038	0.769	0.212	0.297	-0.023	0.904
Tilpummasa / Test weight	-0.087	0.702	-0.155	-0.341	-0.652	-0.025
Koproteīns / Crude protein	0.910	-0.133	0.182	0.952	0.041	0.195
Ciete / Starch	-0.906	0.288	-0.124	-0.924	-0.252	-0.189
Koptauki / Crude fat	0.732	-0.004	-0.349	-0.057	0.669	-0.699
β -glikāni / β -glucans	-0.028	0.049	0.930	-0.005	0.887	-0.094
Kokšķiedra / Crude fibre	0.280	-0.741	-0.018	0.765	-0.577	-0.077
Koppelni / Crude ash	0.654	-0.444	0.321	0.699	0.008	0.530
Fosfors / Phosphorus	0.765	0.039	-0.379	0.780	0.363	0.411

¹ Izceltas slodzes >0.5 / pointed loadings >0.5

GK1 apvieno plēkšņaino miežu genotipus ar paaugstinātu kopproteīna, koptauku un koppelnu saturu graudos un pazeminātu cietes saturu graudos. Savukārt GK2 pieder genotipi ar paaugstinātu 1000 graudu masu un tilpummasu (slodzes attiecīgi 0.769 un 0.702) un pazeminātu kokšķiedras saturu graudos (slodze -0.741). Plēkšņainajiem miežiem lielākā saikne ar GK3 ir tikai β -glikānu saturam graudos (slodze 0.930), kas norāda, ka plēkšņainajiem miežiem starp β -glikānu saturu graudos nepastāv korelatīvas sakarības ar pārējiem graudu kvalitātes rādītājiem. Kailgraudu miežiem ar galveno komponentu analīzi izdalītie trīs galvenie komponenti atšķirās pēc to saistības ar graudu kvalitātes fizikālajiem un ķīmiskajiem rādītājiem. Ar GK1 pozitīva korelācija bija kopproteīna (komponenta slodze 0.952), kokšķiedras (0.765) un koppelnu (0.699) un fosfora saturam (0.780), bet negatīva cietes saturam (-0.924). Tas norāda, ka izdalās kailgraudu miežu genotipi ar paaugstinātu kopproteīna, kokšķiedras, koppelnu, fosfora saturu un pazeminātu cietes saturu graudos. Galveno komponentu analizē GK2 galvenokārt saistāms ar paaugstinātu β -glikānu un koptauku saturu graudos (slodzes attiecīgi 0.887 un 0.669). Šādiem kailgraudu genotipiem būs pazemināta tilpummasa un kokšķiedras saturs graudos, uz ko norāda negatīva korelācija starp GK2 un minētajiem graudu kvalitātes rādītājiem (slodzes attiecīgi -0.652 un -0.577). GK3 izdala kailgraudu genotipus, kuri raksturojas ar paaugstinātu 1000 graudu masu (0.904) un koppelnu saturu graudos (0.530), bet kuriem ir pazemināts koptauku saturs graudos (-0.699).

Iegūtos rezultātus galveno komponentu analizē iespējams izmantot selekcijā, lai mērķtiecīgi plānotu hibridizācijas programmu, savstarpēji krustojot genotipus, kas pieder pie dažādām galveno komponentu grupām.

GENOTIPA UN VIDES IETEKME UZ GRAUDU KVALITĀTES RĀDĪTĀJIEM

Lai noskaidrotu cik lielu daļu no pazīmes vērtību variēšanas trīs pētījuma gados ir saistāma ar faktoriem – šķirni, gada agrometeoroloģiskajiem apstākļiem (turpmāk: gads) un šo faktoru mijiedarbības ietekmi, noteica šo faktoru ietekmes relatīvo īpatsvaru kopējā dispersijā. Izvērtējot katra faktora relatīvo ieguldījumu uz kvalitātes rādītāju mainību, konstatēts, ka šķirnes kā faktora ietekmes īpatsvars ($\eta^2\%$) uz analizēto pazīmju mainību divkanšu plēkšņainajiem miežiem bija būtisks ($p < 0.01$) uz visu analizēto graudu kvalitātes rādītāju mainību, izņemot kokšķiedras saturu graudos. Visaugstākais šī faktora ietekmes īpatsvars bija uz tilpummasu ($\eta^2\% = 81.0$). Plēkšņainajiem daudzkanšu miežiem genotipa ietekme uz 1000 graudu masas, tilpummasas, kopproteīna, cietes, β -glikānu

un kokšķiedras mainību bija statistiski būtiska ($p < 0.01$). Divkanšu kailgraudu miežiem šķirnes kā faktora ietekme bija būtiska ($p < 0.01$) uz visu pazīmju mainību. Šī faktora ietekmes īpatsvars pētītajām pazīmēm variēja no 67% līdz 86%.

Gada kā faktora ietekmes īpatsvars uz graudu kvalitātes rādītāju mainību pieauga, ja graudu kvalitātes rādītāju mainību analizēja atsevišķi plēkšņainajām un kailgraudu miežu formām. Plēkšņainajiem divkanšu miežiem gada kā faktora ietekme bija būtiska ($p < 0.01$) uz visu pazīmju, izņemot tilpummasas un β -glikānu satura, mainību. Visaugstākais šī faktora ietekmes īpatsvars divkanšu plēkšņainajiem miežiem bija uz koppelnu saturu ($\eta^2\% = 59.0$). Kailgraudu miežiem gada kā faktora ietekme bija būtiska uz kopproteīna, koppelnu, kokšķiedras satura ($p < 0.01$), 1000 graudu masas un cietes satura graudos mainību ($p < 0.05$). Plēkšņainajiem daudzkanšu miežiem gads kā faktors būtiski neietekmēja koptauku, β -glikānu, koppelnu satura un tilpummasas mainību.

Ar t-testu konstatēts, ka 2004. gadā vasaras miežiem bija būtiski ($p < 0.05$) augstākais koppelnu saturs un 1000 graudu masa pētījuma periodā. Visaugstākais kokšķiedras saturs miežu graudos bija 2005. gadā. Šajā gadā miežu genotipi veidoja būtiski zemāku 1000 graudu masu. 2006. gadā miežiem bija būtiski ($p < 0.05$) augstākais kopproteīna saturs graudos (150.8 g kg^{-1}), kā arī būtiski zemāks cietes (606.8 g kg^{-1}) un kokšķiedras saturs graudos (36.9 g kg^{-1}) (6. tabula).

Lai noskaidrotu graudu kvalitātes atšķirību cēloņus dažādos pētījuma gados, izmantoja fenoloģiskos un meteoroloģiskos datus. Graudu veidošanās periods pētījumā pieņemts kā periods no plaukšanas līdz nogatavošanās fāzei, kas meteoroloģisko datu salīdzināšanai, sadalīts divās vienādās daļās (katra daļa ilgst no 20 līdz 25 dienām atkarībā no šī perioda garuma) – graudu veidošanās perioda pirmā puse un graudu veidošanās perioda otrā puse.

Fenoloģisko novērojumu datu analīze liecina, ka augu attīstības periodu (00-91. etaps, 00-55. etaps, 55-91. etaps) garumi vasaras miežiem trīs pētījuma gados bija atšķirīgi. Visgarākais graudu veidošanās periods konstatēts 2005. gadā (51 diena), kad vidējais kopproteīna saturs miežiem bija būtiski zemāks nekā citos pētījuma gados. Savukārt 2006. gadā, kad kopproteīna saturs bija būtiski augstākais, vidējais graudu veidošanās perioda garums bija visīsākais (40 dienas). Graudu veidošanās periodā kopumā vidējā gaisa temperatūra nebija būtiski atšķirīga. Tomēr analizējot vidējo diennakts gaisa temperatūras režīmu graudu veidošanās perioda pirmajā un otrajā pusē, konstatētas būtiskas ($p < 0.05$) atšķirības pa gadiem. Graudu veidošanās perioda pirmajā pusē būtiski augstākā vidējā gaisa temperatūra konstatēta 2006. gadā ($19.4 \text{ }^\circ\text{C}$). Turklāt šajā gadā nogata-

vošanās perioda pirmajā pusē bija sevišķi sauss (nokrišņu summa 5.1 mm). Gadā ar paaugstinātu temperatūru un nelieliem nokrišņiem graudu veidošanās periodā, kā tas bija 2006. gadā, vidējais kopproteīna saturs graudos bija būtiski augstāks nekā 2004. un 2005. gadā. Tā kā nogatavošanās perioda pirmā puse ir saistīta galvenokārt ar šūnu dalīšanās periodu cieti veidojošajā grauda endospermā, tad karstais un sausais laiks saīsināja šī perioda garumu, tā ietekmējot cietes akumulāciju, kā rezultātā 2006. gadā miežiem bija būtiski zemāks cietes un būtiski augstāks kopproteīna saturs graudos. Tā kā miežus lopbarībā izmanto galvenokārt kā enerģijas avotu, tad karsti un sausi apstākļi graudu nogatavošanās periodā var samazināt to enerģētisko vērtību. Lai arī 2005. gadā, kad konstatēja būtiski zemāko kopproteīna saturu graudos un augstāko cietes saturu graudos, graudu veidošanās periods arī bija salīdzinoši silts (17.0°C), tomēr šajā gadā šis periods kopumā bija ļoti bagāts ar nokrišņiem (168.4 mm), kas sekmēja pastiprinātu cietes veidošanos miežu grauda endospermā.

6. tabula/Table 6

**Vidējie vasaras miežu graudu kvalitātes rādītāju raksturojums,
vidēji 2004.-2006.g.
Characterisation of grain quality of spring barley, mean 2004-2006**

Pazīme/Trait	2004	2005	2006
1000 graudu masa / 1000 grain weight, g	45.5 ^{a1}	41.8 ^c	44.4 ^b
Tilpummasa / Test weight, g L ⁻¹	701.8 ^a	695.6 ^a	697.0 ^a
Kopproteīns / Crude protein, g kg ⁻¹	137.3 ^b	132.2 ^c	150.8 ^a
Ciete / Starch, g kg ⁻¹	619.4 ^a	624.9 ^a	606.8 ^b
Koptauki / Crude fat, g kg ⁻¹	23.0 ^b	24.6 ^a	23.7 ^b
β-glikāni / β-glucan, g kg ⁻¹	42.7 ^a	42.1 ^a	43.2 ^a
Koppelni / Crude ash, g kg ⁻¹	24.3 ^a	21.6 ^b	22.2 ^c
Kokšķiedra / Crude fibre, g kg ⁻¹	42.3 ^b	43.8 ^a	36.9 ^c

¹ vidējie katrā salīdzinājuma pāri starp gadiem ar dažādiem burtiem augšrakstā ir būtiski atšķirīgi p<0.05 līmenī / trait mean values in each comparison between years with different labels on superscript are significantly different at the p<0.05.

Novērtējot ar variācijas koeficientu astoņu pazīmju mainību trīs pētījuma gados Latvijā selekcionētajām šķirnēm, konstatēts, ka tām dažādiem graudu kvalitātes rādītājiem ir atšķirīga stabilitāte pa gadiem. Viszemākā mainība novērtētajām pazīmēm konstatēta daudzkanšu miežu šķirnei 'Druvis', kurai variācijas koeficients visām pazīmēm, izņemot kokšķiedras saturam, bija zemāks par pazīmes vidējo variācijas koeficienta

vērtību (visu pazīmju vidējais variācijas koeficients šķirnei 3.9%). Vidējais variācijas koeficients novērtētām pazīmēm bija zems arī alus miežu šķirnēm 'Rasa' (V%=5.4), 'Klinta' (V%=5.5) un 'Ansis' (V%=6.6), kā arī lopbarības miežu šķirnei 'Linga' (V%=6.7). Lopbarības miežu šķirnei 'Linga' pa gadiem stabilākās pazīmes bija tilpummasa, kopproteīna, cietes un koptauku saturs. Līdzīgus rezultātus analizēto pazīmju mainības struktūrā parādīja arī miežu šķirne 'Abava'. Savukārt alus miežu šķirnei 'Sencis' piecas pazīmes (tilpummasa, kopproteīna, β -glikānu, kokšķiedras, koppelnu saturs) bija ar salīdzinoši augstu mainību pa gadiem. Tāpēc kopumā šķirnei 'Sencis' graudu kvalitāte pa gadiem bija visnestabilākā (V%=9.6).

MIEŽU GRAUDU KVALITĀTES RĀDĪTĀJU NOVĒRTĒJUMS F_4 UN F_5 HIBRĪDĀS PAAUDZES LĪNIJĀM

Šī nodaļa sniegs rezultātu analīzi par F_4 un F_5 paaudzes plēkšņaino un kailgraudu līniju graudu kvalitātes rādītājiem (1000 graudu masa, kopproteīna, cietes, β -glikānu saturs graudos), kas iegūtas no 6 krustojumu kombinācijām starp plēkšņainiem un kailgraudu genotipiem. Pētījumā iekļautās 34 plēkšņainās un 40 kailgraudu līnijas analizēja no lopbarības graudu kvalitātes perspektīvas. Novērtēja šo pazīmju iedzimstamību starp F_4 un F_5 paaudzi plēkšņainajām un kailgraudu līnijām.

Izmantojot **klasteru analīzi**, līnijas pēc analizētajiem graudu kvalitātes rādītājiem sadalītas grupās. Plēkšņaino miežu līnijām veidojās 4 grupas, bet kailgraudu līnijām - 3 grupas. Katrai pazīmei, ar t-testu salīdzinot katras grupas vidējo starpības būtiskumu, konstatēts, ka grupas gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem būtiski ($p < 0.05$) atšķiras viena no otras tikai pēc kopproteīna un cietes satura graudos. Ņemot vērā cietes un kopproteīna saturu graudos, kā augstvērtīgākās no lopbarības kvalitātes viedokļa uzskatāmas 6 plēkšņaino miežu līnijas, kas raksturojās ar vidēju kopproteīna saturu (137.0-148.0 g kg⁻¹) un paaugstinātu cietes saturu graudos (612-623 g kg⁻¹). Līnijas raksturojās ar salīdzinoši labu 1000 graudu masu (48.0-54.7 g) un, salīdzinot ar citu grupu līnijām, tām bija augstākais vidējais β -glikānu satura graudos – 39.3 g kg⁻¹ (37.0 - 44.0 g kg⁻¹). No lopbarības viedokļa šāds β -glikānu saturs ir atbilstošs izmantošanai gan cūku, gan putnu ēdināšanā. Kailgraudu miežiem pēc cietes un kopproteīna satura graudos kvalitatīvas lopbarības kritērijiem vislabāk atbilda 13 līnijās, kurām bija vidējs kopproteīna saturs (121.0-144.5 g kg⁻¹) un paaugstināts cietes saturs graudos (625.5-657.0 g kg⁻¹). Visaugstāko 1000 graudu masu (>50 g) šajā grupā konstatēja līnijām 'L-557' (Justina/L 302) un 'L-652' (Austris/Danuta//Freedom). β -glikānu saturs graudos šim izdalītajām līnijām variēja no 47.0 līdz 53.5 g kg⁻¹. β -glikānu saturs, kas pārsniedz

50 g kg⁻¹ šajā grupā konstatēts kailgraudu līnijām 'L-575' (Simba/Wanubet) un 'L-822' (Gāte/Freedom).

Līniju **proteīna kvalitātes novērtēšanai** izvēlēta krustojumu kombinācija 04-09 (Justina/L 302), kur vecākaugiem bija vislielākā starpība pēc kopproteīna saturu graudos (40 g kg⁻¹) un iegūto plēkšņaino un kailgraudu miežu līniju populācijai pēc kopproteīna satura bija augstākais variācijas koeficients. Rezultātu analīzē uzmanība pievērsta neatgremotajiem mājdzīvniekiem svarīgākajām neaizvietojamām aminoskābēm (NA) (lizīns, metionīns, cistīns, treonīns, triptofāns, izoleicīns, leicīns, valīns) un tām aizvietojamām aminoskābēm (AA) (glutamīnskābe, prolīns), kas miežu proteīnā sastāda procentuāli lielāko daļu. Augsta proteīna kailgraudu līnijai 'L 302' ir augstāks gan aizvietojamā, gan neaizvietojamā aminoskābju saturs sausnā, salīdzinot ar plēkšņaino miežu šķirni 'Justina'. Novēroja vidēju līdz augstu mainību pēc aminoskābju satura sausnā abu miežu formu līnijām – plēkšņainajām līnijām pazīmju variācijas koeficients variēja no 13.2 līdz 20.1%, bet kailgraudu līnijām – no 9.3 līdz 19.8%. Lizīna saturs sausnā plēkšņainajām līnijām variēja no 2.9 līdz 4.6 g kg⁻¹ (V%=17.1), bet kailgraudu līnijām – no 3.3 līdz 4.4 g kg⁻¹ (V%=11.0).

Lai salīdzinātu **aminoskābju saturu** graudu sausnā (g kg⁻¹) un proteīnā (g 100 g proteīna) miežu graudiem ar atšķirīgu kopproteīna saturu, plēkšņainos un kailgraudu miežu genotipus no krustojumu kombinācijas 04-09 (Justina/L 302) sadalīja divās grupās – kopproteīna saturs graudu sausnā < 140 g kg⁻¹ (1. grupa) un >140 g kg⁻¹ (2. grupa), kur vidējais kopproteīna saturs abām minētajām grupām bija būtiski (p<0.05) atšķirīgs (attiecīgi 129.2 un 156.7 g kg⁻¹) (7. tabula). Rezultātu analīzē konstatēts, ka vidējais NA un AA aminoskābju saturs graudu sausnā (g kg⁻¹) bija būtiski (p<0.05) augstāks genotipiem ar paaugstinātu kopproteīna saturu graudos. Tomēr proteīna kvalitāte abām minētajām genotipu grupām bija līdzvērtīga, ko apstiprina nebūtiska starpība starp 1. un 2. grupas genotipiem pēc NA un AA aminoskābju satura proteīnā (g 100 g proteīna). Augstākais NA saturs proteīnā konstatēts līnijām 'L-567' (21.5 g 100 g proteīna), 'L-559' (20.6 g 100 g proteīna) un 'L- 568' (19.9 g 100 g proteīna), kas pārsniedz arī abas vecākaugu šķirnes. Kopproteīna saturs šīm līnijām variēja no 124 līdz 139 g kg⁻¹.

Novērtējot proteīna kvalitāti (NA un AA aminoskābju attiecību proteīnā) genotipiem ar atšķirīgu kopproteīna saturu graudos, konstatēts, ka sabalansētāks proteīns pēc NA un AA satura 100 g proteīna, ir genotipiem no 1. grupas (kopproteīna saturs <140 g kg⁻¹), kā norāda arī šajā grupā būtiski (p<0.05) augstāka NA un AA aminoskābju grupu attiecība proteīnā. Kopumā var secināt, ka pieaugot kopproteīna saturam graudos, pieaug gan NA, gan AA saturs graudu sausnā. Novērtējot NA un AA aminoskābju

attiecību proteīnā (g 100 g proteīna), labākos rezultātus parādīja miežu genotipi ar vidēju kopproteīna saturu graudos – no 119 līdz 138 g kg⁻¹. Genotipiem ar paaugstinātu kopproteīna saturu graudos (>140 g kg⁻¹), no lopbarības kvalitātes viedokļa, ir sliktāka NA un AA aminoskābju attiecība proteīnā.

7. tabula/Table 7

Neaizvietoājamo (NA) un aizvietoājamo aminoskābju (AA) saturs graudu saussnā (g kg⁻¹) un proteīnā (g 100 g proteīna), 2008. g.
Content of the essential (NA) and nonessential amino (AA) acids in the dry matter of grain (g kg⁻¹) and in the protein (g 100 g protein), 2008. g.

Genotips / Genotype	Forma / Type	Kopproteīna saturs / Crude protein, g kg ⁻¹	Aminoskābes / Amino acids ²				
			g kg ⁻¹		g 100 g proteīna/protein		
			NA	AA	NA	AA	NA/AA attiecība / ratio
1. grupa (kopproteīna saturs <140 g kg⁻¹) / Group 1 (crude protein <140 g kg⁻¹)							
Justina ♂	Pl	119.0	20.9	33.7	17.6	28.3	0.62
L-558	Pl	118.0	22.2	39.8	18.8	33.7	0.56
L-567	Pl	124.0	26.6	42.6	21.5	34.4	0.62
L-565	Pl	126.0	19.3	33.8	15.3	26.8	0.57
L-568	Pl	127.0	25.2	42.4	19.9	33.4	0.60
L-559	Pl	139.0	28.6	49.2	20.6	35.4	0.58
L-562	K	135.0	20.4	35.8	15.1	26.5	0.57
L-571	K	137.0	26.5	47.3	19.3	34.5	0.56
L-557	K	138.0	22.3	42.8	14.0	31.0	0.45
Vidēji / Mean		129.2^{b3}	23.6^b	40.8^b	18.0^a	31.5^a	0.57^a
2. grupa (kopproteīna saturs >140 g kg⁻¹) / Group 2 (crude protein >140 g kg⁻¹)							
L-556	K	150.0	26.6	47.7	16.6	31.8	0.52
L-555	K	154.0	23.2	43.9	15.1	28.5	0.53
L-570	K	156.0	27.1	52.9	17.4	33.9	0.51
L-569	K	160.0	29.6	54.8	18.5	34.2	0.54
L-564	K	161.0	26.5	49.2	16.5	30.6	0.54
L 302 ♀	K	159.0	30.1	57.5	19.5	37.4	0.52
Vidēji / Mean		156.7^a	27.2^a	51.0^a	17.2^a	32.5^a	0.53^b

¹ Pl-plēkšņains / covered; K – kailgraudu / hullless; ² NA - neaizvietoājamo aminoskābju summa / summ of essential amino acids; AA - aizvietoājamo aminoskābju summa / summ nonessential amino acids; ³ vidējie katrā salīdzinājumā starp grupām, kuriem seko dažādi burti augšrakstā, ir būtiski atšķirīgi pie p<0.05 līmeņa / trait mean values in each comparison between groups with different labels on superscript are significantly different at the p<0.05.

Salīdzinot kailgraudu un plēkšņainās līnijas ar vecākaugu šķirnēm, atrastas līnijas, kas uzrādīja gan pozitīvu, gan negatīvu **transgresiju**, tas ir, abus pārbaudes gadus tās pēc kāda no četriem analizētajiem graudu kvalitātes rādītājiem pārsniedza abus vecākaugus pozitīvā vai negatīvā virzienā. Starp plēkšņaino miežu līnijām pozitīva transgresija novērota 7 līnijām pēc 1000 graudu masas un 2 līnijām pēc kopproteīna satura graudos. No analizētajām kailgraudu līnijām, 27 līnijām novērotas pozitīvas transgresīvas īpašības pēc kāda no četriem analizētajiem graudu kvalitātes rādītājiem. Šīs plēkšņainās un kailgraudu līnijas uzskatāms kā perspektīvs materiāls turpmākajām selekcijas darbām. Lai arī plēkšņaino miežu līnijām pēc cietes satura pozitīvi transgresīvas līnijas nekonstatēja, tomēr var izlasīt līnijas, kuru cietes saturs abās hibrīdajās paaudzēs ir bijis augstāks par plēkšņainā vecākauga šīs pazīmes vērtību. Īpaši jāatzīmē kailgraudu šķirne 'Freedom' (Kanāda), kas iekļaušana krustojumu kombinācijā 04-41 (Gāte/Freedom), salīdzinot ar citām krustojumu kombinācijām, devusi plēkšņaino miežu līnijas ar vidēji augstāko cietes saturu graudos.

Graudu kvalitātes rādītāju **iedzimstamība** (H^2) raksturota divējādi – ar starppaaudžu korelācijas koeficientu (r) un ar lineārās regresijas koeficientu (b), regresējot F_5 paaudzes līniju datus pret atbilstošiem F_4 paaudzes līniju datiem (8. tabula). Korelācijas analīze starp F_4 un F_5 hibrīdās paaudzes kailgraudu un plēkšņainajām līnijām liecina, ka šīs sakarības ir pozitīvas un būtiskas ($p < 0.05$) visiem analizētajiem graudu kvalitātes rādītājiem.

Novērtējot iegūto korelācijas koeficientu ciešumu, konstatēts, ka vidēji ciešs un salīdzinoši augstākais starppaaudžu korelācijas koeficients gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem bija cietes saturam (attiecīgi $r_{F_4:F_5} = 0.580$ un 0.635 ; $p < 0.01$). Aprēķinātie determinācijas koeficienti starppaaudžu korelatīvajām sakarībām 1000 graudu masai, kopproteīnam un β -glikāniem variēja no 11 līdz 35%, kas norāda uz salīdzinoši lielu genotipa un vides mijiedarbības kā faktora ietekmi uz šo miežu līniju graudu kvalitāti raksturojošo pazīmju mainību. Konstatēts, ka augstākais lineārās regresijas koeficients gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem bija cietes saturam graudos (atbilstoši $b = 0.549$ un 0.703 ; $p < 0.01$), bet kailgraudu miežiem 1000 graudu masai ($b = 0.517$; $p < 0.01$). Samazinātas šī koeficienta vērtības abām miežu formām konstatētas kopproteīna un β -glikānu saturam graudos, kas norāda, ka šo graudu kvalitātes rādītāju fenotipu lielā mērā ir noteikusi genotipa un vides faktoru mijiedarbība.

Pētījuma rezultāti par pazīmju iedzimstamību liecina, ka veikt izlasi F_4 hibrīdajā paaudzē gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem ir mērķtiecīgāk pēc cietes satura graudos, bet kailgraudu miežiem – arī pēc 1000 graudu masas.

**Plēkšņaino un kailgraudu miežu līniju graudu kvalitātes rādītāju
iedzimstamības raksturojums**
Characteristic of heritability for hulless and covered spring barley lines

Pazīme / Trait	Vidēji/ Mean		H ²		R ² %
	F ₄	F ₅	r	b	
Plēkšņainās līnijas / Covered lines					
1000 graudu masa / 1000 kernel weight, g	53.5 ^{a1}	49.3 ^b	0.405* ²	0.341*	16*
Kopproteīns / Crude protein, g kg ⁻¹	138.9 ^a	131.4 ^b	0.598**	0.368**	36**
Ciete / Strach, g kg ⁻¹	607.7 ^b	621.5 ^a	0.580**	0.549**	34**
β-glikāni / β-glucans, g kg ⁻¹	34.1 ^b	42.9 ^a	0.336*	0.342*	11
Kailgraudu līnijas / Hulless lines					
1000 graudu masa / 1000 kernel weight, g	48.9 ^a	47.1 ^b	0.523**	0.517**	27**
Kopproteīns / Crude protein, g kg ⁻¹	152.4 ^a	139.5 ^b	0.458**	0.347**	21**
Ciete / Strach, g kg ⁻¹	618.9 ^b	640.8 ^a	0.635**	0.703**	40**
β-glikāni / β-glucans, g kg ⁻¹	44.7 ^b	52.9 ^a	0.593**	0.373**	35**

¹pazīmes vidējie katrā salīdzinājumā starp F₄ un F₅ hibrīdo paaudzi, kuriem seko dažādi burti augšrakstā, ir būtiski atšķirīgi pie p < 0.05 līmeņa / means for the same trait in each comparison between progenies followed by different letters are significantly different at the 0.05 level;
²* ** būtisks pie p < 0.05 un p < 0.01 ticamības līmeņa / significant at 0.05 and 0.01 probability level;

SECINĀJUMI

1. Pētījumā konstatētie pozitīvie genotipiskās korelācijas koeficienti starp: cietes saturu un tilpummasu, kopproteīna un koptauku saturu, kopproteīna un fosfora saturu, relatīvās cietības indeksu un β -glikānu saturu, dod iespēju izlases procesā vienlaicīgi uzlabot abus graudu kvalitātes rādītājus. Korelatīvo sakarību trūkums starp kopproteīna un β -glikānu saturu graudos nodrošina iespēju, atkarībā no izvirzītā selekcijas mērķa, veidot lopbarības miežu šķirnes ar dažādām šo abu rādītāju vērtībām.
2. Izvērtējot korelatīvās sakarības, galveno komponentu analīzē plēkšņainie un kailgraudu genotipi sadalās grupās ar savstarpēji atšķirīgām graudu kvalitātes fizikālo un ķīmisko rādītāju vērtībām. Iegūtos rezultātus var izmantot selekcijā, lai mērķtiecīgi plānotu hibridizācijas programmu, savstarpēji krustojot genotipus, kas pieder pie dažādām galveno komponentu grupām.
3. Augstākais ietekmes īpatsvars uz graudu kvalitātes mainību ir šķirnes genotipam. Arī gada meteoroloģiskie apstākļi būtiski ietekmē visu analizēto graudu kvalitātes rādītāju, izņemot tilpummasas un β -glikānu satura, mainību. Cietes un kopproteīna saturu pētījuma gados būtiski ietekmēja diennakts gaisa vidējā temperatūra un nokrišņu daudzums graudu veidošanās perioda pirmajā pusē.
4. Veikt izlasi F_4 hibrīdajā paaudzē ir mērķtiecīgāk pēc cietes satura graudos gan plēkšņainajiem, gan kailgraudu miežiem, un pēc 1000 graudu masas - kailgraudu miežiem, jo šīm pazīmēm konstatēja vidēju iedzimstamību.
5. Plēkšņaino lopbarības miežu šķirņu selekcijai kā izejmateriālu lietderīgāk izmantot divkanšu miežu formas, jo pēc graudu kvalitātes fizikālajiem (tilpummasas, 1000 graudu masas, plēkšņainības) un ķīmiskajiem rādītājiem (cietes un kokšķiedras satura graudos), tie raksturojas ar būtiski augstāku lopbarības kvalitāti nekā daudzkanšu mieži.
6. Kailgraudu miežu genotipiem, salīdzinot ar plēkšņainajiem miežiem, ir būtiski augstāka tilpummasa, cietes, β -glikānu, koptauku un fosfora saturs graudos, kas atbilst kvalitatīvas lopbarības raksturojumam, tāpēc būtu vēlams attīstīt kailgraudu lopbarības miežu selekcijas virzienu.
7. Lai iegūtu plēkšņaino miežu līnijas ar paaugstinātu kopproteīna vai arī β -glikānu saturu graudos un kailgraudu līnijas ar paaugstinātu 1000 graudu masu vai pazeminātu β -glikānu saturu graudos, ieteicams savstarpēji krustot plēkšņainos un kailgraudu genotipus. Krustojumu

kombinācijās ir iespējams atlasīt plēkšņainās un kailgraudu līnijas ar noturīgu pozitīvu transgresiju.

8. Augstākais lizīna saturs saussnā un proporcija proteīnā, un sabalansētākais proteīns pēc neaizvietojamo un aizvietojamo aminoskābju sastāva, konstatēts miežu genotipiem ar vidēju kopproteīna saturu graudos (120-140 g kg⁻¹). Atlasītas plēkšņaino un kailgraudu miežu F₅ paaudzes līnijas ar vidēju kopproteīna un paaugstinātu cietes saturu graudos, kas izmantojamas kā perspektīvs izejmateriāls lopbarības miežu šķirņu selekcijas darbam.
9. Miežu genotipi ir daudzveidīgi pēc hordeīnu profiliem - konstatētas 26 hordeīna polipeptīdu joslas, kas veidoja 5 D hordeīna, 16 C hordeīna un 28 B hordeīna profilus. Atrastas būtiskas atšķirības pēc kopproteīna satura graudos starp genotipiem ar noteiktiem D, C un B hordeīnu joslu profiliem. Sešu hordeīna polipeptīdu joslu klātbūtne un četru hordeīna polipeptīdu joslu trūkums miežu genotipiem norāda uz būtisku atšķirību pēc kopproteīna satura graudos.
10. Pierādītas 13 Latvijā selekcionēto šķirņu nozīmīgās atšķirības pēc graudu lopbarības kvalitātes fizikālo un ķīmisko rādītāju integrālā novērtējuma. Graudu cietības indeksam šķirņu integrālajā novērtējumā pēc graudu kvalitātes fizikālajiem rādītājiem ir izšķiroša nozīme, lai noteiktu šķirnes piemērotību neatgremotāju vai atgremotāju mājdzīvnieku ēdināšanai.

PATEICĪBA

Paldies maniem tuviniekiem par pacietību un stiprinājumu visā manu doktorantūras studiju laikā.

Pateicos par sniegto morālo un materiālo atbalstu pētījumu veikšanā un nobeiguma darba sagatavošanā kolēģiem Valsts Stendes graudaugu selekcijas institūtā. Īpaši pateicos kolēģiem miežu selekcijas grupā prof. Inai Belickai, Ilzei Gruntei, Valentīnai Mankevičai un Zaigai Jansonei par praktisko palīdzību.

Izsaku pateicību CIRIUS programmai un Aarhus Universitātes Flakkebjergas Zinātnes Centra (Dānija) Biotehnoloģijas un ģenētikas laboratorijas kolektīvam par finansiālo atbalstu un īpaši vadošajai pētniecei Evai Vinczei par sniegtajām zināšanām proteīna elektroforēzes metodikas apguvē un atbalstu miežu līniju aminoskābju sastāva analizē.

Paldies zinātniekiem Līgai Lepsei Pūrē, Nilam Rostokam LU Bioloģijas fakultātē par padomiem un palīdzību rezultātu analizē.

Pāri visam es pateicos Dievam par šo iespēju, par veselību un spēku iesākto paveikt līdz galam.

INTRODUCTION

Spring barley (*Hordeum vulgare* L.) in Latvia traditionally is one of the most important crop species, which, in comparison with other cereals, is most widely used as a concentrated feed for all kinds of livestock. Currently, nearly 85% of the total barley harvest is used directly for animal feeding.

It is difficult to define the ideal feed barley because the different animal species and even age groups have very different requirements. Until now the breeding of feed barley has developed slowly in the world and in Latvia as well and been based on the agronomic and quality characteristics of malting barley. One of the reasons is lack of the knowledge on grain quality in relation to their use for feeding different groups of livestock. Barley use for feed currently is not based on specific grain quality indicators. High yield is an important characteristic for feed barley varieties, but from a financial point of view the grain quality may become an important criterion for feed barley producers in the future. It is because the feed costs strongly influence the final costs of livestock products as well.

Genetically diverse breeding material is an important prerequisite for successful barley breeding work for different final uses. Therefore deep investigation of grain quality for different barley genotypes (two-row, six-row, covered and hulless) is necessary in the agro-meteorological conditions of Latvia. Wider use of hulless barley in the breeding and targeted evaluation of grain quality in early generations could be one of the ways to improve the chemical composition of covered barley. The lack of complete information on chemical composition of grain of Latvian origin and other widely grown spring barley varieties limits their targeted application for different final uses, as well as for feed.

The study was carried out at the State Stende Cereal Breeding Institute from 2004 to 2008. The spring barley genotypes from the working collection and breeding material were analyzed.

The aim of the study was to evaluate the grain quality traits of different spring barley genotypes so that the results could be applied to feed barley breeding in the agro-meteorological conditions of Latvia.

The following tasks were carried out:

- to compare the grain quality between different types of spring barley from collection material according to physical and chemical traits;
- to determine the barley varieties of Latvian origin which correspond to the highest feed quality requirements;

- to clarify the effect of the genotype and the environment on the variation in barley grain quality;
- to evaluate the correlation between barley grain quality traits;
- to assess the barley grain quality traits for covered and hulless lines of F₄ and F₅ generation;

Novelty of the research:

- variation in barley grain quality physical and chemical traits, their correlation and heritability was evaluated in the agro-meteorological conditions of Latvia;
- grain quality of different genotypes from barley collection and breeding material were deeply investigated, and their use for barley breeding feed direction was recommended;
- conformity of Latvian origin barley varieties with good quality feed grain production was specified;
- new barley grain quality testing methods were acquired and adapted: assessment of β -glucan content with the further use of data for calibration of automatic grain analyzer Infratec; protein electrophoresis method for assessment of hordein diversity thus making it possible to analyse the grain quality of breeding material in the early hybrid generations.

The research results have been presented in 14 scientific papers in the Latvian and English languages. Eleven reports on the progress of the research have been presented at international and local scientific conferences in Latvia, Lithuania, Slovakia and Spain.

MATERIALS AND METHODS

Types and origin of barley genotypes

Fifty-two barley genotypes which represent a broad range of germplasm (two-row, six-row, covered, and hulless) of different origin were chosen. Thirty-seven genotypes of covered spring barley, including 27 two-row and 10 six-row ear types, and 15 hulless genotypes were used in this study. Only two-row hulless genotypes were included in this investigation.

The spring barley genotypes were selected on the basis of results of previous studies according to the data of grain crude protein (CP) content: CP varied from 100 to 200 g kg⁻¹. The origin of genotypes used was as follows: Latvia - 14, USA - 1, Austria - 2, Bolivia - 1, Czech Republic - 1, Chile - 1, Denmark - 3, Guatemala - 2, Italy - 1, Japan - 2, Canada - 3, Russia - 1, Lithuania - 1, Great Britain - 2, the Republic of Macedonia - 1,

Mexico - 2, Nepal - 2, Portugal - 1, Turkmenistan - 1, Hungary - 1, German - 5, North Korea - 1, Sweden - 2.

Development and evaluation of covered and hulless lines

F₃ generation barley elite plants which had been derived from F₂ bulk populations were divided into covered and hulless plants. The structural analysis of F₃ generation elite plants with the respect to number of morphological and plant productivity traits were done and only the most productive material was selected. In 2007 50 grains from each F₃ generation covered and hulless elite plant and their parents were planted in a one meter row. During the growing season phenological observations were carried out. Promising F₄ lines and their parents were harvested in 2007. Grain quality traits for F₄ generation barley lines and their parents were determined. On the basis of the superior agronomic performance in 2008 F₄ generation covered (34) and hulless (40) barley lines and their parents were sown in small plots (1 m²). F₅ barley lines were harvested, and the grain quality traits were determined.

Characteristics of the site and conditions of trials

The study of grain quality evaluation of different spring barley genotypes from the collection material was performed at the State Stende Cereal Breeding Institute from 2004 to 2006. The soil at the site was sod-podzolic Albeluvisol (Eutric), the humus content – 12-15 mg kg⁻¹, the soil pH KCl – 6.1-6.8, the content of phosphorus P₂O₅ available for plants – 202-278 mg kg⁻¹, and potassium K₂O – 110-147 mg kg⁻¹, the pre-crop – potatoes. The plot size was 2 m², 2 replicates. Before cultivation of the soil a complex mineral fertilizer was applied to it: N-60, P₂O₅–35, K₂O – 50, S – 42 kg ha⁻¹.

The study of spring barley F₄ and F₅ hybrid generations' grain quality was performed during the period from 2007 to 2008. The soil at the site was sod-podzolic Albeluvisol (Eutric), the humus content – 26 mg kg⁻¹, the soil pH KCl – 5.9-6.3, the content of phosphorus P₂O₅ available for plants – 168-182 mg kg⁻¹, and potassium K₂O – 250-334 mg kg⁻¹, the pre-crop – potatoes. Before cultivation a complex mineral fertilizer was applied to the soil: N-80, P₂O₅–47, K₂O – 66, S – 56 kg ha⁻¹.

All agro-technical operations were carried out at optimal terms according to the weather conditions during the vegetation period and depending on the plant development phases. Barley was sown with a compact trial drill 'Hege 80'. The seeding rate was 400 germinable seeds per 1 m² for covered genotypes, and 450 germinable seeds per 1 m² – for hulless barley genotypes. Herbicides for weed control were used during the barley tillering phase (20-23.05). The yield was harvested by a combine 'Hege 140' from 1-2 m² plots, and manually, using a sickle from the rows.

Characteristics of the meteorological conditions

In 2004 the weather conditions were favourable for the growth and development of barley. The vegetation period was mostly cool and damp in 2005. Such weather was favourable for high yield crop production, but during the harvesting period they affected the grain quality adversely. The weather conditions were unfavourable for spring barley growth and development during the growing season of 2006. During the seedling phase plants suffered from the lack of moisture. Optimal conditions were observed during the tillering phase. The strong moisture deficit in this year occurred during the grain formation. The weather conditions of 2007 growing season limited spring barley growth and development: during the tillering phase plants suffered from drought which shortened the length of this phase very much. Abundance of moisture was observed during the grain formation. The weather conditions during the growing season in 2008 were also relatively unfavourable for spring barley growth and development: germination of barley in spring was uneven due to drought; and further plant development was also uneven. Heavy rain falls in mid-July and increased rainfalls in August caused lodgings of the plants.

Breeding material assessment

Phenological observations were performed in field conditions. During the growing period the date of flowering (stage 55-59; inflorescences of 80% of plants fully emerged from their leaf sheath) and ripening (stage 91-93; grains were hard, easily separable from their ears) was noted for each genotype. The duration of the period from the flowering to ripening stage was calculated according to the obtained data every year.

The following grain physical traits of the genotypes were evaluated:

- **1000 kernel weight (g)** by the ISTA method;
- **Test weight (g L-1)** - LVS ISO 7971-2:2003 method;
- **Hull content (%)** (Василенко, Комаров, 1989);
- **Single kernel diameter (mm), single kernel weight (mg), relative grain hardness index (RHI)** by Single Kernel Characterization System 4100, SKCS) (Perten, USA). Samples with RHI <30 are characterized by soft grain endosperm, 30 > RHI <60 medium soft endosperm; RHI > 60 hard endosperm.

For the genotypes from the collection material the following grain chemical analysis were done in the State Stende Cereal Breeding institute's Laboratory of grain quality and agro-chemistry (2004 to 2006):

- **crude protein content (g kg⁻¹)** by Kjeldahl method (LVS 277), a conversion factor of 6.25;
- **starch content (g kg⁻¹)** by Ewers polarimetric method (ISO 10520);
- **crude fat content (g kg⁻¹)** by the extraction method (ISO 6492);

- crude ash content (g kg^{-1}), by burning the samples in a muffle furnace at $550\text{ }^{\circ}\text{C}$ (LVS 276:2000);
 - **crude fibre content (g kg^{-1})** by treatment of samples with sulfuric acid and caustic alkali, and weighing the insoluble residue (ISO 5498);
 - **phosphorus content (g kg^{-1})** by the spectrometric method (ISO 6492);
- For parent varieties and for covered and hulless F_4 and F_5 generation lines the crude protein content (g kg^{-1}), starch content (g kg^{-1}), β -glucans content (g kg^{-1}) were analyzed by automatic grain analyzer Infratec Analysis 1241 (using 0.1 kg cuvette).

In the Scientific Laboratory of Agronomy Research of Latvia University of Agriculture (LLU) the following parameters were determined:

- **neutral detergent fibre (NDF)** (g kg^{-1}) LVS EN ISO 16472, 2006;
- **acid detergent fibre (ADF)** (g kg^{-1}) by Van Soest method of analysis for food products (Forage analysis, the U.S., met. 4.1: 1993);
- **lysine content (g kg^{-1})** by the LVS EN ISO 13903:2005 method. The relative lysine content in the protein ($\text{g per 100 g of protein}$) was calculated.

Analysed in the Laboratory of Genetics and Biotechnology at Research Centre Flakkebjerg (Denmark) analyzed:

- **content of amino acids** (g kg^{-1}) by Ultra Performance Liquid Chromatography (UPLC) for parental varieties ('Justina', 'L 302'), covered and hulless lines (5 covered, 8 hulless) from hybrid combination 04-09 (Justina / L 302) were evaluated. The relative content of amino acids in the protein ($\text{g per 100 g of protein}$) was calculated.

The methods adapted by the author of the currently described research:

- **β -glucan content** (g kg^{-1}) (the work was carried out in the Scientific Laboratory of Agronomy Research, LLU), adapting McCleary and Glenn-Holmes (1985) methodology (EBC Method 3.11.1), using chemical kits from Megazyme (Megazyme International Ireland Ltd).
- Evaluation of **the diversity of storage protein D, C and B** hordein banding patterns (the work was done in the laboratory of the State Stende Cereal Breeding institute), adapting the method of sodium dodecylsulfate (SDS)-polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE). Protein extraction was done using a modified method (Doll, Andersen, 1981; E. Vincze, Research Center Flakkebjerg, Denmark, 2006; N. Rostoks, LU Faculty of Biology, 2008 - personal communication). Hordein analysis for each genotype was done based on the yield of 2006. A barley flour sample for each replication was obtained grinding grains from one single ear and sieving through a 0.5 mm sieve.

Statistical data analysis

The obtained results were statistically processed by MS Excel program package using the methods of descriptive statistics, analysis of variance, correlation analysis and t-test: two-samples assuming unequal variance.

In **cluster analysis** Wards method was used (the clusters or groups based on a minimal variance inside the groups were created) to group the selection material according to the grain physical and chemical characteristics. Data processing was carried out using SPSS program package.

In **principal component analysis** (PCA) the varieties were divided into groups with similar combinations of traits, taking into account the correlative relationships between traits. The data analysis was performed by the SPSS program package. In PCA, the eigenvalues, greater than one were considered as significant. Those variables where component loadings exceeded 0.5 were considered principal component (PC).

Electrophoresis data processing. Apparent molecular weights of single polypeptide bands of B, C, and D hordeins were studied by determining their molecular weight (MW) in kilodaltons (kDa) by *GeneTools* gel analysis software (*Syngene*) according to MW marker (*Fermentas*). The variety 'Igri' was run as a control in all gels. The hordein banding patterns were determined by scoring the presence and absence of all examined bands. The bands were numbered according to their electrophoretic mobility. By elaborating a pair-wise similarity matrix using the presence (1) or absence (0) of B, C, and D hordein banding patterns, the dendrogram was constructed by cluster analysis obtained from Euclidean distance and clustered by Neighbor-joining method using software STATISTICA. Two samples t-test assuming unequal variance was used for comparison of means of crude protein.

For thirteen varieties bred in Latvia the comparison of grain quality traits was carried out by **integral evaluation method** to identify the varieties which had the lowest deviation from the desired value preferable for non-ruminants or ruminants. The desired value and the actual value of a trait, an investment coefficient of each trait and the standard deviation are taken into account, when using this method. The integral evaluation of genotypes was carried out according to four grain physical traits (hull content, 1000 kernel weight, volume weight, relative hardness index), and seven grain chemical quality (starch, crude protein, crude fat, β -glucans, crude fibre, crude ash and phosphorus content). For both livestock's groups the desired value for 1000 kernel weight, volume weight, starch, crude fat, and β -glucans content corresponded to their maximum value, but for hull content and crude fibre content – to the minimal value. The desired value

for crude protein content had the lowest limit (≥ 120 g kg⁻¹). For non-ruminants the desired value of relative hardness index was the minimal value, while for ruminants - the maximal value. The minimal value of integral evaluation (SD) corresponded to the best genotype in the integral evaluation. If the value of integral evaluation was less than one standard deviation (s) from the average integral value SD_{vid} ($SD \leq SD_{vid} - s$) the barley variety was declared superior.

RESULTS

EVALUATION OF GRAIN QUALITY TRAITS FOR DIFFERENT TYPES OF BARLEY

Barley feed quality is characterized by both, physical and chemical indicators which interact in complex and can affect the feed quality of barley grain. Varieties used as parents in cross combinations in the breeding process of the new varieties are usually selected on the basis of traits' phenotypic values which are important for selection.

Evaluation of the grain quality physical traits (Table 1)

Hull content. For covered spring barley genotypes included in this study the average hull proportion in the grain mass ranged from 6.9% for two-row variety 'Cork' to 11.7% for six-row variety 'Chosen'. The results showed that hull content was significantly ($p < 0.05$) higher for six-row barley than for two-row barley. The value of this trait for six of ten estimated six-row barley genotypes exceeded 10%.

1000 kernel weight for two-row barley ranged from 39.7 to 50.0 g, but for six-row barley value of this trait ranged from 29.6 g to 44.1 g with the coefficient of variation 12%. Variability of this trait was relatively high also for hulless barley genotypes. The mean value of 1000 kernel weight for two-row barley was significantly higher ($p < 0.05$) if compared with six-row barley. The coarsest kernels were found for the covered barley genotypes 'Klinta' and 'Ruja' (both 50 g) and for hulless barley genotypes '10250' (49.6g), and 'L 302' (48.7 g).

Single kernel diameter and single kernel weight for breeding material from Latvian barley breeding programs have not been analyzed so far. The average single kernel diameter for covered two-row barley was significantly ($p < 0.05$) higher than that for hulless barley (respectively 2.45 and 2.35mm). For covered two-row barley the average single kernel weight (44.2 mg) was significantly ($p < 0.05$) higher than for six-row barley (40.4 mg) and for hulless barley genotypes (40.8 mg). Variability of this trait for six-row covered and two-row hulless genotypes was average.

The average **grain test weight** in the years of investigation between the different types of spring barley ranged from 601.8 g L⁻¹ for six-row barley genotype 'RNB 367' to 798.3 g L⁻¹ for hulless variety 'CD Candle'. The value of this trait for covered two-row barley genotypes (682.4 g L⁻¹) was significantly higher than that for six-row barley genotypes (635.8 g L⁻¹), and the value for hulless barley genotypes (774.6 g L⁻¹) was significantly higher than that for covered genotypes. Grain test weight for seven covered two-row barley genotypes exceeded 700 g L⁻¹.

Relative hardness index (RHI) for barley, like for wheat, characterizes the endosperm structure. The relative grain hardness index for different types of barley ranged from 43.5 to 84.9. All types of barley showed relatively high variability (V%=13.7-18.9) of this trait. It was found out that not a single variety out of the 52 genotypes which were analyzed had a soft endosperm (RHI<30), 15 genotypes (8 two-row, 2 six-row, 5 hulless) had medium soft endosperm (30>RHI<60), and 37 genotypes (19 two-row, 8 six-row, 10 hulless) had hard endosperm (RHI>60).

Evaluation of the grain quality chemical traits (Table 2)

The average **starch content** during the three years was significantly (p<0.05) higher in two-row barley grain than that in six-row barley grain (620.1 and 590.4 g kg⁻¹ respectively). Hulless genotypes were characterized by relatively larger variation of starch content in the grain - it ranged from 585.7 g kg⁻¹ for variety 'Sumire Mochi' to 670.5 g kg⁻¹ for variety 'CD Candle', which are genotypes with waxy endosperm. For hulless barley genotypes the average starch content in grain (630.1 g kg⁻¹) was significantly (p <0.05) higher than for covered barley (620.1 g kg⁻¹).

The average **crude protein content** during the three years ranged from 109.9 to 170.7 g kg⁻¹ for two-row barley genotypes, from 118.8 to 196.2 g kg⁻¹ - for six-row barley, and from 118.4 to 176.9 g kg⁻¹ - for hulless barley genotypes. Various genotypes, selected on the basis of grain crude protein content were included into the study in order to promote material diversity according to this trait and to use this diversity for further investigation of other grain quality traits. Variability of crude protein assessed by the coefficients of variation was similar for all barley types (V% = 12.5-13.2).

The **β-glucan content** for covered barley genotypes ranged from 34.1 to 46.6 g kg⁻¹, but for six-row barley genotypes it ranged from 36.2 g kg⁻¹ to 46.6 g kg⁻¹. On average, β-glucan content was significantly higher (p<0.05) for six-row barley than that for two-row barley. Hulless barley genotypes showed significantly higher (p<0.0001) average β-glucan content than covered barley genotypes. The hulless barley showed a relatively high variability of β-glucans content in grain. The minimal value was 37.0 g kg⁻¹ for variety 'Gainer', but the maximum value of the trait - 66.5 g kg⁻¹ was

found for variety 'CD Candle'. It indicated that it is possible to breed hullless barley varieties with reduced β -glucan content in the grain; such varieties are more suitable for feeding non-ruminants. The highest β -glucan content was observed for hullless barley genotypes with a waxy endosperm - 'Sumire Mochi', 'Wanubet' (Japan), and 'CD Candle' (USA) (60.7, 58.5 and 66.5 g kg⁻¹ respectively), confirming that genotypes with low amylose starch are less suitable for use in feeding animals, especially birds.

The average **crude fat content** during the three years for two-row and six-row barley genotypes was noted 23.2 and 22.8 g kg⁻¹ respectively, and this difference was not significant. For hullless barley the fat content in grain varied from 21.2 to 30.7 g kg⁻¹ with an average value of 25.4 g kg⁻¹, which was significantly higher than for covered barley ($p < 0.01$). Crude fat in the grain of genotypes with waxy endosperm ('Merlin', 'Wanubet' and 'CD Candle') was considerably higher (27.1-28.3 g kg⁻¹) than that in barley genotypes with normal endosperm.

The **crude fibre content** difference between two-row barley genotypes was relatively high – it ranged from 34.9 g kg⁻¹ for variety 'Grimmet' to 53.1 g kg⁻¹ for variety 'Landsorte Aus Tirol'. The average crude fibre content for six-row barley (53.5 g kg⁻¹) was significantly higher than that for two-row barley (46.5 g kg⁻¹) ($p < 0.01$). Crude fibre content of hullless barley was two times lower than that of covered barley - 23.8 and 46.5 g kg⁻¹ respectively. The lowest grain crude fibre content was found in hullless barley genotypes with waxy endosperm 'Wanubet' and 'CD Candle' (17.4 and 17.3 g kg⁻¹ respectively).

The **crude ash content** varied from 21.0 to 25.4 g kg⁻¹ in two-row barley grain, from 22.5 to 26.1 g kg⁻¹ in six-row barley, and from 18.8 to 23.9 g kg⁻¹ – in hullless barley. Significant differences ($p < 0.05$) in average grain crude ash content were found among all types of barley. For six-row barley it was higher than for two-row barley genotypes (24.4 and 22.9 g kg⁻¹ respectively), and for covered barley it was higher if compared to hullless barley (22.9 and 21.2 g kg⁻¹ respectively).

The **phosphorus content** for covered two-row barley genotypes varied from 3.2 to 4.7 g kg⁻¹, for six-row barley - from 3.7 to 5.4 g kg⁻¹, but for hullless barley genotypes from 4.1 to 5.2 g kg⁻¹. The average grain phosphorus content over the period of the three years was significantly lower for covered two-row barley (3.9 g kg⁻¹) ($p < 0.001$) than that for covered six-row and for hullless barley (4.7 g kg⁻¹ on average for both). Generally speaking, if the variation of grain quality chemical traits was compared among different genotype groups, it was higher for two-row hullless barley genotypes as compared to other barley types included in the

study. Hulless barley material was especially variable regarding β -glucan content ($V\% = 15.2$) and crude fibre content ($V\% = 13.8$).

For different spring barley genotypes with different crude protein content in grain, **lysine content in grain dry matter and in protein** was investigated. The analyzed genotypes were divided into three groups, where each of them differed significantly ($p < 0.05$) regarding the average crude protein content. It was observed that lysine content in grain dry matter increased when crude protein content increased. Significant ($p < 0.01$) positive correlation between these two parameters ($r = 0.934 > r_{0.01} = 0.798$, $n = 9$) was found. Statistically significant differences in the average lysine content in grain dry matter (4.31 and 4.83 g kg⁻¹ respectively) were not found between genotypes with moderate (133.0 g kg⁻¹) and heightened crude protein content (162.8 g kg⁻¹). The proportion of lysine in protein decreased with increasing crude protein content in grain; significant negative correlation was found between these two parameters ($r = -0.775 > r_{0.05} = 0.666$, $n = 9$). Lysine content in protein (3.34 g per 100 g of protein) was significantly higher in genotypes with lower crude protein content (<120 g kg⁻¹) if compared to genotypes with heightened crude protein content in grain (>155 g kg⁻¹) - 2.97 g per 100 g of protein. Lysine proportion in protein was not significantly different if genotypes with moderate crude protein content (133 g kg⁻¹; lysine content 3.25 g per 100 g protein) and genotypes with low crude protein content (115.7 g kg⁻¹; lysine content 3.34 g per 100 g of protein) were compared; it was significantly ($p < 0.05$) higher than lysine content for genotypes with heightened crude protein content (lysine content 2.97 g per 100 g protein). Data analysis showed that barley with moderate grain crude protein content (120-140 g kg⁻¹) had lysine content in dry matter and lysine proportion in protein which best satisfied requirements of both - ruminant and non-ruminant livestock.

In the study 13 **varieties bred in Latvia** were also compared according to grain physical and chemical traits with the aim to determine the varieties which correspond to the highest feed quality requirements. According to the cluster analysis based on a minimal variance inside the groups, spring barley varieties regarding to the analyzed 11 grain physical and chemical traits were split into two groups (Table 3.). The first group combined 6 varieties ('Ansis', 'Rūja', 'Gāte', 'Malva', 'Rasa', 'Kristaps'), which had significantly higher average starch content (635.0 g kg⁻¹) and significantly lower ($p < 0.05$) average crude protein content (119.6 g kg⁻¹) if compared with another 7 varieties which formed the second group ('Sencis', 'Linga', 'Abava', 'Klinta', 'Idumeja', 'Balga', 'Druvis') with the average starch and crude protein content of 615.9 and 128.6 g kg⁻¹ respectively. The results showed that varieties from the 1st group were characterized by the

heightened energetic value, particularly the barley varieties 'Ansis', 'Rūja' and 'Rasa' which had relatively higher grain fat content (24.1-24.6 g kg⁻¹). The varieties 'Ansis', 'Rūja', 'Gāte' and 'Malva' were characterized by hard grain endosperm (RHI =63.7-68.6) and relatively lower hull content (8.0-9.1%). The six row barley variety 'Druvis' had the maximum value of β-glucan and crude fibre content, and the relative hardness index in this comparison of varieties, but the values of 1000 kernel weight, test weight and crude fat were the minimal; it suggests that this variety has relatively low grain feed quality.

Using the multi-criteria selection or **integral evaluation** method the varieties bred in Latvia were analyzed according to 11 grain quality traits simultaneously with the aim to identify the varieties which had the lowest deviation from the desired value for non-ruminant and ruminant livestock. The variety 'Klinta' (SD=2.9≤SD_{vid-s}=3.8) conforms with high-quality feed requirements for non-ruminants according to the grain physical traits best of all; increased 1000 kernel weight (50.0 g), test weight (707.7 g L⁻¹), decreased hull proportion (8.2%), and medium soft endosperm (RCI=59.9) are characteristic of this variety. The varieties 'Abava' and 'Rūja' (SD = 2.9-4.1≤SD_{vid-s}=4.1) were more suitable for ruminant feeding according to feed grain physical traits. On average during the three years the above mentioned two varieties could be characterized by low proportion of hulls (8.2-8.3%), heightened 1000 kernel (48.9-50.0 g) and test weight (686.3-701.0 g L⁻¹), and hard grain endosperm (RHI=66.5-70.7) if compared to other varieties of Latvian origin.

The variety 'Gāte' received the highest rating for feeding both livestock groups among the varieties selected in Latvia regarding to grain chemical composition. On average the variety showed the highest starch (641.7 g kg⁻¹) and phosphorus content (4.0 g kg⁻¹), the lowest crude fibre content (43.1 g kg⁻¹), the heightened crude fat content, (23.7 g kg⁻¹) and average crude protein content in the grain (120 g kg⁻¹) during the three years. The variety 'Gāte' also provided the lowest deviation from the desired value among all analyzed Latvian spring barley varieties which were included in the study for both groups of livestock based on both - grain physical and chemical traits. If the relative hardness index is taken as the main selection criterion then 'Gate' is more suitable for the requirements of ruminants because of its hard grain endosperm (RHI = 67>60). The barley varieties 'Abava' and 'Rūja' (SD = 9.0-11.4≤SD_{vid-s}=11.6) are also suitable for ruminants according to grain physical and chemical traits.

HORDEIN DIVERSITY IN SPRING BARLEY GENOTYPES RELATED TO CRUDE PROTEIN CONTENT

For successful breeding work of high-quality barley varieties, breeders have to use as much wide genetic diversity as possible, as well as methods which increase the selection efficiency and enable earlier start of breeding material evaluation according to grain quality traits. The protein marker was used to determine the diversity of hordein banding patterns for 52 genotypes with different crude protein content, to access the association between various D, C and B hordein banding patterns and separate hordein polypeptide bands with the grain crude protein content.

According to the results of the sodium dodecyl polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) the hordein molecular weight of polypeptide bands for the analyzed barley genotypes ranged from 35 to 94 kDa. Analysis of hordein polypeptides showed that the spring barley varieties varied according to D, C and B hordein polypeptide banding patterns.

Molecular weight for **D hordein** polypeptides ranged from 82 to 94 kDa. Five different banding patterns consisting of 4 bands were recognized for D hordein group. Thirty-three genotypes (22 two-row covered, 3 six-row covered, 8 two-row hullless) of the total number of varieties were characterized by D3 hordein banding pattern that consisted of one polypeptide band with a molecular weight of 92 kDa.

Sixteen banding patterns totally consisting of 10 bands in **C hordein** group were determined for different types of barley. The molecular weight of C hordein polypeptides ranged from 49 to 66 kDa. 16 identified C hordein banding patterns were formed of 2 to 5 bands. In C hordein group, 10 different bands and 8 banding patterns were found for 27 covered two-row varieties; 7 bands and 7 banding patterns were found for 10 six-row barley genotypes, and 8 different bands and 7 banding patterns – for 15 hullless genotypes.

Barley genotypes varied according to **B hordein** banding patterns as well. In total in B hordein group 28 hordein banding patterns with 12 polypeptide bands were defined. Molecular weight for B hordein polypeptides ranged from 35 to 46 kDa. Twelve hordein banding patterns made of 12 hordein polypeptide bands were found for the tested covered two-row barley genotypes. Nine varieties from this type of barley were characterized by B3 hordein banding pattern, five varieties belonged to B13 hordein banding pattern, but six covered two-row genotypes were characterized by distinct B hordein banding patterns. Wide range of diversity regarding B hordein banding patterns was found among covered six-row genotypes; each of those totally differed from the others. There

were 10 hordein banding patterns detected within 15 hulless genotypes. Only B10 and B24 hordein banding patterns were the same for two-row and six-row genotypes, but B6 and B20 – for covered and hulless barley genotypes. The analyzed genotypes were split into three groups on the basis of data about D, C and B hordein banding patterns using the cluster analysis. The constructed dendrogram showed the structuring of barley diversity, taking into account the relation between different varieties according to hordein banding patterns (Fig. 1).

There were several genotypes with identical hordein banding pattern (with linkage distance 0) dividing genotypes into nine similarity groups with 2 to 5 varieties in each group. The identical hordein banding patterns were observed not only among genotypes of one barley type, but also among different types of barley. Barley genotypes clustered on linkage distance 1.4 were genotypes which were similar to one or two of the hordein banding pattern groups (D, C, or B). These genotypes were mainly of European origin, which indicates genetic similarity between them. These genotypes originated two clusters according to hordein banding patterns. Cluster I combined only covered two-row barley genotypes mainly with comparatively lower crude protein content (127.3 g kg^{-1}). Cluster II grouped genotypes with heightened crude protein content (145.1 g kg^{-1}). According to t-test the mean difference between these two clusters regarding crude protein was significant ($p < 0.01$). Cluster III grouped genotypes with diverse hordein banding patterns. These barley genotypes originated from more distant world regions. Hulless and six-row covered barley characterized by the heightened grain crude protein content (150.2 g kg^{-1} on average) mostly belongs to cluster III.

On the bases of the combination of various banding patterns, 26 hordein bands were recognized among all the genotypes screened. There was great genotypic variation in the bands of C and B polypeptides. All the 26 bands were polymorphic and 10 of them exhibited significant association with crude protein content (Table 4). The mean value of crude protein increased significantly at the presence of bands 1, 7, 12, 15, 20 and 24, and at the absence of bands 2, 3, 5, and 17. The present study revealed that these protein polypeptide bands could be used in the screening of barley breeding material according to the crude protein content.

CORRELATION BETWEEN GRAIN QUALITY TRAITS

Correlation between a single grain weight and single grain diameter was significant ($p < 0.05$) for covered barley ($r_C = 0.788 > r_{0.05} = 0.396$) and hulless barley ($r_H = 0.845 > r_{0.05} = 0.553$). The study revealed significant linear

correlation between 1000 kernel weight (TKW) and single kernel diameter (KD), and a single kernel weight (KW) for both types of barley:

- covered $r_{KD:TKW}=0.646$, $R^2=0.417$; $p<0.01$;
 $r_{KW:TKW}=0.923$, $R^2=0.852$; $p<0.001$;
- hulless $r_{KD:TKW}=0.620$, $R^2=0.384$, $p<0.05$;
 $r_{KW:TKW}=0.832$, $R^2=0.692$; $p<0.001$.

It is not possible to judge grain volume weight by a single kernel weight and diameter due to the lack of significant ($p>0.05$) linear correlation between those traits. Significant linear correlations were not also found between 1000 kernel weight and test weight. A significant positive correlation was found between the relative grain hardness index and β -glucan content for covered two-row barley genotype ($r_C=0.418>r_{0.05}=0.396$). A strong and significant ($p<0.05$) negative correlation during all the investigation years was noted between crude protein and starch content for covered ($r_C=0.868$) and for hulless barley genotypes ($r_H=0.929$). Significant positive correlation between grain crude protein content and crude fat content was found only in covered two-row barley in 2006 ($r=0.738>r_{0.05}=0.396$) and when analyzing the three-year average data of the study period ($r=0.531>r_{0.05}=0.396$).

Analyzing the relationship between grain crude protein content and other chemical quality traits a significant ($p<0.05$) positive correlation for the both covered and hulless barley was detected between the grain crude protein and phosphorus content ($r_C=0.545$, $r_H=0.820$). Only in a few years significant positive correlation between grain test weight and starch content was found in covered and hulless barley. For covered two-row barley, characterized by higher test weight, lower grain crude fibre content was noted ($r=-0.419$, $r_{0.05}=0.381$). Low grain crude fibre content is desirable from the feed quality view. Therefore grain test weight could be used as a simple selection criterion to increase energy and digestibility of barley grain.

If grain starch content increases, not only grain crude protein content but also crude fibre ($r_C=-0.471$; $r_H=-0.539$), crude ash ($r_C=-0.673$; $r_H=-0.673$) and phosphorus content ($r_C=-0.600$; $r_H=-0.845$) of covered and hulless barley, as well as crude fat content of covered barley ($r_C=-0.566$) decreases ($p<0.05$).

The values of correlation coefficients and their significance between grain quality traits were different depending on the analyzed data set: covered or hulless barley. A significant positive correlation between the crude fat and β -glucan content was found only in hulless barley ($r_H=0.710>r_{0.05}=0.514$). This relationship gives the possibility for breeding

covered barley varieties which are characterized by increased grain β -glucan and crude fat content.

The **principle component analysis** was used to study internal structure of correlations singling out several factors or principal components (PC) which are mutually independent. Principal component analysis marked out three main components for covered barley in total explaining 73%, but for hulless barley 85% of the total variance in the original data correlation matrix.

For covered barley positive correlation was found between the crude protein, crude fat, crude ash and phosphorus content and PC1 (component loadings 0.910, 0.732, 0.654 and 0.765 respectively), but significant negative correlation (-0.906) was found between crude protein and grain starch content (Table 5). PC1 combines covered barley genotypes with heightened grain crude protein, crude fat and crude ash content, and with reduced starch content. In its turn, in PC2 genotypes with high 1000 kernel weight and volume weight (loadings 0.769 and 0.702 respectively) and reduced crude fibre content (loading -0.741) were included. For covered barley the strongest link with PC3 was noted only for β -glucan content (loading 0.930) suggesting that correlations between grain β -glucan content and other grain quality traits do not exist for this type of barley. The principle component analysis dealt out three principle components of hulless barley. In comparison with covered barley, the relationship between these components and grain quality physical and chemical traits was different. Positive correlation between the PC1 and crude protein (component loading 0.952), crude fibre (0.765), crude ash (0.699) and phosphorus content (0.780), and negative correlation with starch content (-0.924) was found. This indicated that the group of hulless barley genotypes with heightened crude protein, fibre, crude ash and phosphorus content, and decreased grain starch content existed. In the principal component analysis PC2 is mainly associated with increased grain β -glucan and crude fat content (loadings 0.887 and 0.669 respectively). Such hulless genotypes will be characterized by reduced test weight and crude fibre content which is indicated at by negative correlation between PC2 and the above mentioned grain quality traits (loadings -0.652 and -0.577 respectively). The PC3 combined hulless genotypes which were characterized by heightened 1000 grain weight (0.904) and crude ash content (0.530), but with lower grain crude fat content (-0.699).

The results obtained by the principle component analysis are possible to be used in targeted breeding work doing crossings between genotypes which belong to different groups of principle components.

GENETIC AND ENVIRONMENTAL EFFECT ON GRAIN QUALITY TRAITS

To find out how much the variation of traits during the three year period of study was related to the influence of factors – genotype, environment or agro-meteorological conditions of a particular year (hereinafter: the year) and their (genotype \times year) interaction, the relative proportion of these factors ($\eta^2\%$) in the total variance was determined. According to the three years' data analysis of variance a significant influence ($p < 0.01$) of genotype for two-row covered barley was observed on all the investigated grain quality traits, except crude fibre content. The highest impact of this factor was found in the variation of volume weight ($\eta^2 = 81.0\%$). For covered six-row barley the genotype significantly affected ($p < 0.01$) the variation of 1000 kernel weight, test weight, crude protein, starch, β -glucan and crude fibre content. It was found that the variation of all traits for two-row hulless barley was significantly ($p < 0.01$) influenced by genotype. The relative proportion of factor's influence ranged from 67% to 86%.

The relative proportion of the year's as a factor influence increased if the quality traits were analyzed separately depending on the type of barley: covered or hulless. For covered barley the relative proportion of this factor's influence was significant ($p < 0.01$) for all grain quality traits, except for test weight and β -glucan content. The highest influence of the year for covered two-row barley was found on the crude ash content ($\eta^2 = 59.0\%$). The year as a factor had a significant effect on variability of grain crude protein, ash and fibre content ($p < 0.01$), 1000 kernel weight and starch content ($p < 0.05$) in hulless barley. For covered six-row barley the year as a factor did not significantly affect the variation of crude fat, β -glucan and crude protein content, and test weight.

As the t-test indicated, the barley, grown in 2004 had significantly higher crude ash and 1000 kernel weight than the barley, grown in 2005 and 2006. The highest grain crude fibre content was noted in 2005. This year the barley genotypes had significantly lower 1000 kernel weight. In the growth season of 2006 the barley had significantly ($p < 0.05$) higher crude protein content (150.8 g kg^{-1}) and significantly lower starch (606.8 g kg^{-1}) and crude fibre content (36.9 g kg^{-1}) as compared to other years (Table 6).

The phenological and meteorological data were used to determine the reasons of grain quality variation differences within separate years of the investigation. The grain filling period was measured as the period from heading (GS 55) to maturity (GS 91) stage. This period was divided into two similar parts – the first half of grain filling period and the second part of grain filling period (the length of each half-period was from 20 to 25 days

depending on the length of full period). The analysis of phenological data showed that for spring barley the length of plant development periods (GS 00-91, GS 00-55, and GS 55-91) within three years of the study were different. The longest period of grain filling was found in 2005 (51 days) when the average crude protein content of barley was significantly lower than in the other years of the investigation. In 2006 when the crude protein content was significantly higher the average length of grain filling period was the shortest (40 days). Overall in the grain filling period the average air temperature was not significantly different. However, the analysis of the average daily air temperature during the first and the second half of grain filling period showed significant ($p < 0.05$) differences over the years. In the first half of the grain filling period a substantially higher average air temperature was noted in 2006 (19.4 °C). In addition, the first half of the grain filling period was very dry (precipitation in total: 5.1 mm) this year. In a year with heightened temperatures and low amount of precipitation during the grain filling, such as 2006, the average crude protein content in grain was significantly higher than in 2004 and 2005. Since the first period of grain filling is associated primarily with the cell division period of starch forming endosperm hot and dry weather conditions shortened the length of this period. It affected the accumulation of starch, as a result of which in 2006 barley had significantly lower average starch content and significantly higher crude protein content in grain. Since the barley is used for feed mainly as an energy source, hot and dry conditions during grain filling can reduce its energy value. Although grain filling period was also relatively warm (17.0 °C) in 2005 it was still generally very rich in precipitation (168.4 mm) which contributed to increased formation of starch. Thus significantly lowest crude protein and highest starch content in grain was found in 2005.

By assessing the variability of eight grain quality traits for varieties bred in Latvia over the three year period of investigation using the coefficient of variation, it was found out that various grain quality traits have different stability over the years. The lowest variation of traits was found in six-row barley variety 'Druvis', where the coefficient of variation for all characteristics, except that of crude fibre content was lower than the average value of the coefficient of variation (the average coefficient of variation for all the traits was 3.9%). The average coefficient of variation of the estimated traits was low also for malting barley varieties 'Rasa' ($V\%=5.4$), 'Klinta' ($V\%=5.5$), and 'Ansis' ($V\%=6.6$), as well as for feed barley variety 'Linga' ($V\%=6.7$). The test weight, crude protein, starch and fat content were the most stable traits over the years for feed barley variety 'Linga'. Barley variety 'Abava' also showed similar results of traits' variability. For

the malting barley variety 'Sencis' five characteristics in their turn (test weight, crude protein, β -glucan, crude fibre and crude ash content) were characterized by relatively high variability over the years. Therefore overall stability of grain quality for variety 'Sencis' over the years was the lowest ($V\% = 9.6$).

EVALUATION OF BARLEY GRAIN QUALITY FOR HYBRID F₄ AND F₅ GENERATION LINES

In this chapter grain quality traits (1000 kernel weight, crude protein, starch, β -glucan content in grains) of covered and hulless barley F₄ and F₅ generation lines from 6 hybridization combinations between covered and hulless genotypes will be analyzed. Heritability of traits between F₄ and F₅ hybrid generations was evaluated for both line types.

The lines according to analyzed grain quality traits were divided into groups using cluster analysis. Four groups were developed for covered barley lines, but 3 groups - for hulless lines. Grain quality traits of each group were compared using t-tests. It was found that there were significant ($p < 0.05$) differences between groups only concerning the crude protein and starch content for both, covered and hulless lines. According to the data of grain starch and crude protein content as regards the feed quality six covered barley lines, characterized by moderate crude protein content (137.0-148.0 g kg⁻¹) and heightened starch content (612-623 g kg⁻¹) had the highest feed value. These lines were characterized also with good 1000 kernel weight (48.0-54.7 g), and they had the highest average grain β -glucan content - 39.3 g kg⁻¹ (37.0 - 44.0 g kg⁻¹) if compared to lines from other groups. Such β -glucan content is appropriate for use in swine and poultry nutrition. Among hulless barley the best regarding to the feed quality 13 lines characterized by moderate grain crude protein (121.0-144.5 g kg⁻¹) and heightened starch (625.5-657.0 g kg⁻¹) content were the best. In this group the lines 'L-557' (Justina/L 302) and 'L-652' (Austri/Danuta//Freedom) showed the highest 1000 kernel weight (>50 g). Hulless lines 'L-575' (Simba/Wanubet) and 'L-822' (Gate/Freedom) showed β -glucan content which exceeded 50 g kg⁻¹. The average grain β -glucan content for the selected 13 lines ranged from 47.0 to 53.5 g kg⁻¹.

Hybridization combination 04-09 (Justina/L 302) was chosen to evaluate **protein quality** because of (1) the biggest difference as regards crude protein content between parents (40 g kg⁻¹), and (2) the highest coefficient of variation of crude protein content for obtained covered and hulless barley lines. The analysis of the results focuses on the essential amino acids (lysine, methionine, cystine, threonine, tryptophan, isoleucine, leucine,

valine) which are most important for non-ruminants, and on non-essential amino acids (glutamic acid, proline) which are found in the largest percentage in barley protein. Both, essential and non-essential amino acid content is higher in the dry matter of high protein hulless line 'L 302' if compared with the covered barley variety 'Justina'. Moderate to high variability of amino acid content in dry matter for both types of barley lines was observed – for covered lines the coefficient of traits' variation ranged from 13.2 to 20.1%, but for hulless lines - from 9.3 to 19.8%. Lysine content in covered barley lines' dry matter ranged from 2.9 to 4.6 g kg⁻¹ (V% = 17.1), but for hulless lines - from 3.3 to 4.4 g kg⁻¹ (V% = 11.0).

Covered and hulless barley genotypes from the hybrid combination 04-09 (Justina/L 302) were divided into two groups (group 1 - with the grain crude protein content <140 g kg⁻¹ and group 2 with the grain crude protein content >140 g kg⁻¹) for the comparison of **amino acids' (AA) content** on the grain dry matter (g kg⁻¹) basis and in the protein (g 100 g protein) of barley with different crude protein content. The average crude protein content in both groups was significantly (p<0.05) different (129.2 and 156.7 g kg⁻¹ respectively) (Table 7). The analysis of the results showed that the average content of essential and non-essential amino acids in grain dry matter (g kg⁻¹) was significantly (p<0.05) higher for genotypes with heightened crude protein content. However, the protein quality of these two groups of genotypes was equivalent, which was approved by a non-significant (p>0.05) difference in essential and non-essential AA contents in protein (g 100 g protein) between the genotypes of the 1st and the 2nd groups. The highest content of essential AA in protein was found in lines 'L-567' (21.5 g 100 g protein), 'L-559' (20.6 g 100 g protein) and 'L-568' (19.9 g 100 g protein) which exceeded that in both the parent varieties. Crude protein content in these lines ranged from 124 to 139 g kg⁻¹. Analyzing protein quality (the ratio of essential and non-essential AA in protein) it was found out that genotypes from group 1 (crude protein content <140 g kg⁻¹) had more balanced protein. The quality was approved by the ratio of essential and non-essential AA in protein which was significantly (p<0.05) higher for this group.

The overall conclusion is that increasing the grain crude protein content increases the content of both, essential and non-essential AA in grain dry matter as well. But if the ratio of essential and non-essential AA in protein (g 100 g protein) was evaluated, barley genotypes with a moderate grain crude protein content - from 119 to 138 g kg⁻¹ showed the best results. The ratio of the essential AA and non-essential AA in protein was worse for genotypes with heightened crude protein content (>140 g kg⁻¹).

Lines representing both, positive and negative **transgression** were found comparing covered and hulless lines with their parent varieties. These lines during the two years of investigation exceeded both parents in positive or negative direction according to any of the four analyzed grain quality traits. Within covered barley lines positive transgression was observed in seven lines regarding 1000 kernel weight, and in two lines regarding crude protein content. Twenty-seven hulless lines showed positive transgression regarding any of the four analyzed grain quality traits. These covered and hulless lines are considered to be perspective material for the future breeding work. Although, no line with positive transgression regarding starch content was found within the covered barley line. However, it was possible to select lines with higher value of starch content than that in the covered parent in both hybrid generations. A possibility to obtain covered spring barley lines with the highest average starch content (if compared to other cross-combinations) was observed in the hybridization combination 04-41 (Gate/Freedom) where the hulless variety 'Freedom' (Canada) was used as a parent.

The **heritability** (H^2) of grain quality traits was estimated in two ways – as the intergeneration correlation coefficient (r) and as the linear regression coefficient (b), regressing F_5 progeny means to F_4 progeny means (Table 8). The correlation analysis between the F_4 and F_5 generations of covered and hulless lines suggested that these correlations were positive and significant ($p < 0.05$) for all analyzed grain quality traits. Analyzing the correlations in detail, it was found out that the starch content had the average and relatively higher intergeneration correlation coefficients for both, covered and hulless barley ($r_{F_4:F_5} = 0.580$ and 0.635 , $p < 0.01$ respectively). The estimated coefficients of determination for 1000 kernel weight, crude protein and beta-glucan content intergeneration correlation varied from 11 to 35%, indicating to a relatively high impact of genotype \times environment interaction on the variability of grain quality traits of these barley lines. The maximum linear regression coefficient for both, covered and hulless barley was found in starch content ($b = 0.549$ and 0.703 respectively, $p < 0.01$), but for hulless barley - in 1000 kernel weight ($b = 0.517$, $p < 0.01$). The reduced values of crude protein and β -glucans content linear regression coefficient were found in both types of barley, thus indicating that the phenotype of grain quality is largely determined by the genotype \times environment interaction.

The results of a study about heritability of grain quality traits showed that the selection for both, covered and hulless barley in F_4 generation would be more effective based on the starch content, but for hulless barley – in addition on 1000 kernel weight.

CONCLUSIONS

1. The positive genotypic correlation coefficients found in the study between starch content and test weight, crude protein and fat content, crude protein and phosphorus content, relative grain hardness index and β -glucan content, allow improving the breeding process of both grain quality traits simultaneously. Lack of correlation between crude protein and β -glucan content provides a possibility, depending on the selection targets to create feed barley varieties with different values of these two traits.
2. Evaluating correlations according to the principal component analysis, covered and hulless genotypes were divided into groups with different values of grain quality physical and chemical traits. The obtained results can be used in breeding to plan the hybridization program purposefully, choosing genotypes which belong to different groups of principal components for crossing.
3. The genotype of the variety had the highest proportion of influence on variability of the grain quality. The weather conditions also considerably affected all the tested grain quality traits, except the variation of the test weight and β -glucan content. During the years of the investigation the starch and crude protein content were significantly affected by the average daily air temperature and amount of precipitation during the first half of the grain filling period.
4. The selection in F_4 generation for both, covered and hulless barley will be more effective based on the starch content as the main criterion, but for hulless barley – as a criterion using 1000 kernel weight as well, because these traits showed moderate heritability.
5. Two-row barley showed significantly higher feed quality than six-row barley regarding to grain quality physical traits (test weight, 1000 grain weight, hull content) and chemical traits (crude fibre and starch content). For this reason it is better to use two-row type of barley as an initial material in the breeding work of covered feed barley varieties.
6. Hulless barley genotypes showed significantly higher test weight, starch, β -glucan, crude fat, and phosphorus content if compared to covered barley; values of those characteristics better corresponded to the demands of high-quality feed. Hence it would be desirable to develop the direction of hulless feed barley breeding.
7. It is advisable to cross covered and hulless genotypes in order to obtain covered barley lines with the heightened crude protein or β -glucan content, hulless lines with increased 1000 kernel weight or reduced

- β -glucan content. It is possible to select covered and hullless lines with the consistent positive transgression from such cross combinations.
8. The highest lysine content in dry matter and the highest lysine proportion in protein as well as more balanced protein in respect of the composition of essential and nonessential amino acids was found in barley genotypes with moderate grain crude protein content (120-140 g kg⁻¹). F₅ generation covered and hullless barley lines with moderate grain crude protein and heightened starch content were selected to be used as a promising initial material in the breeding work of feed barley varieties.
 9. Barley genotypes showed high diversity concerning hordein banding patterns. Twenty six hordein polypeptide bands, which consisted of 5 D hordein, 16 C hordein and 28 B hordein banding patterns, were established. Significant differences regarding to crude protein content were found between genotypes with certain D, C and B hordein banding patterns. The presence of six polypeptide bands and the absence of four polypeptide bands in barley genotypes indicated to a significant difference regarding crude protein content.
 10. Important differences based on the integral evaluation assessment of grain quality physical and chemical traits between 13 barley varieties bred in Latvia were proved. The relative hardness index out of grain physical traits is the crucial characteristics in the integral evaluation of varieties to determine suitability of a specific variety for the nutrition of non-ruminants or ruminants.

ACKNOWLEDGMENTS

I would like to thank my colleagues at the State Stende Cereal breeding institute for moral and financial support during the executive process of the field trials and during the final preparation of the research results. Special thanks to my colleagues from the barley breeding team.

I express my gratitude to CIRIUS program and the team of the Laboratory of Genetics and Biotechnology at Research Centre Flakkebjerg (Denmark) for financial support. Special gratitude goes to the leading researcher Eva Vincze for sharing her knowledge as concerns the protein electrophoresis methodology and her support when analyzing amino acid composition.

I am very thankful to Birthe Møller Jespersen at the Department of Food Science, Faculty of Life Sciences, University of Copenhagen for support and technical assistance in analyzing the barley grain quality by SKCS.

PUBLIKĀCIJAS UN CITAS ZINĀTNISKĀS AKTIVITĀTES PUBLISHED PAPERS AND OTHER SCIENTIFIC ACTIVITIES

II RAKSTI RECENZĒJAMOS IZDEVUMOS / REVIEWED ARTICLES

1. Bleidere M. (2006) Variation in endosperm beta-glucan content of different spring barley genotypes. **In:** *Research for Rural Development 2006. International Scientific Conference Proceedings*, Jelgava: LLU, p. 7-11.
2. Bleidere M. (2007) Relationships between grain quality traits in covered and hulless spring barley. *Agriculture. Scientific articles*, Lithuanian Institute of Agriculture, p. 79-87.
3. Belicka I., Maļeckā S., Bleidere M. (2007) Plēkšņaino un kailo graudaugu ķīmiskā sastāva salīdzinošs novērtējums, *Agromijas Vēstis*, Nr. 10, p. 97-104.
4. Bleidere M. (2008) Genetic and environmental effect on grain quality of spring barley. *Latvian Journal of Agronomy*, No. 11, p. 33-38.
5. Bleidere M., Grunte I. (2008) Grain chemical compositions of spring barley genotypes. **In:** *Research for Rural Development 2008. International Scientific Conference Proceedings*, Jelgava: LLU, p. 334.-340.
6. Bleidere M. (2009) Characteristic of grain physical traits of spring barley. **In:** *Research for rural development 2009. International Scientific Conference Proceedings*, Jelgava: LLU, p. 8-13.
7. Bleidere M., Belicka I. (2009) Characteristic of grain quality for early generation lines in the crossings between covered and hulless barley. **In:** *Research for Rural Development 2009. International Scientific Conference Proceedings*, Jelgava: LLU, p. 14-20.
8. Bleidere M., Grunte I. (2009) Hordein diversity in spring barley genotypes related to crude protein content. *LLU Raksti*, Nr. 22 (317), p. 89-99.

II RAKSTI ZINĀTNISKO KONFERENČU MATERIĀLOS / ARTICLES IN THE MATERIĀLS OF THE SCIENTIFIC CONFERENCES

1. Bleidere M. (2007) Evaluation and use of spring barley working collection in breeding at the State Stende cereal breeding institute. **In:** *Abstract Book to the Meeting of the Eucarpia Genetic Resources section "Plant genetic resources and their Exploitation in the Plant Breeding for Food and Agriculture*, Piestany, Slovak Republic, p. 73.
2. Legzdiņa L., Bleidere M. (2008) Testing and Breeding Hulless Barley for Healthy Food. **In:** *Proceedings to the meeting of the Eucarpia Cereal section "Cereal science and technology for feeding ten billion*

people: genomics era and beyond”, Spain, Options Meditterianeennes, Series A, No. 81, p. 345-347.

3. Bleidere M. (2007) Relationships between grain quality traits of spring barley. **In:** *Materials of the International Scientific conference „Plant breeding: scientific and practical aspects*”, Lithuanian Institute of Agriculture, Lithuania, p. 15-16.
4. M. Bleidere (2007) Grain quality characterization of Latvian spring barley varieties. **In:** *Abstract of IV Baltic Genetical Congress. Proceeding of the Latvian Academy of Sciences*, Vol. 61, No. 5, p. 162.
5. Belicka I., Bleidere M., Jansone Z. (2008) Grain quality of hybrid populations in crossings of hulled and hullless barley. **In:** *Proceedings to the meeting of the 18th Eucarpia General Congress „Modern variety breeding for present and future needs*”, Valencia, p. 548-551.
6. Bleidere M., Gaile Z. (2009) Latvijā selekcionēto miežu šķirņu novērtējums pēc to atbilstības augstvērtīgas lopbarības ieguvei atgremotājiem mājdzīvniekiem. **No:** *Zinātniskā semināra „Ražas svētki Vecauce – 2009: Latvijas Lauksaimniecības universitātei – 70” rakstu krājums*, Jelgava. LLU, 19.- 22. lpp.

III POPULĀRZINĀTNISKĀ PUBLIKĀCIJA / POPULAR SCIENCE PUBLICATION

Bleidere M. (2007) Lopbarības mieži kvalitatīvas gaļas ieguvei. *Agrotops*, Nr. 10, 24.-27. lpp.

IV ZIŅOJUMI ZINĀTNISKĀS KONFERENCĒS UN SEMINĀROS / PRESENTATIONS IN SCIENTIFIC CONFERENCES AND SEMINARS

1. Bleidere M. Variation in endosperm beta-glucan content of different spring barley genotypes. Starptautiska zinātniskā konference “Zinātne lauku attīstībai 2006”, Latvija, Jelgava, 2006. g. 17.-18. maijs (referāts).
2. Legzdiņa L., Bleidere M. Testing and Breeding Hullless Barley for Healthy Food. EUCARPIA graudaugu sekcijas konference “Cereal science and technology for feeding ten billion people: genomics era and beyond”, Spānija, Lleida, 2006. g. 13.-17. novembris (stenda referāts).
3. Bleidere M. Evaluation and use of spring barley working collection in breeding at the State Stende cereal breeding institute. EUCARPIA Ģenētisko resursu sekcijas konference “Plant genetic resources and their Exploitation in the Plant Breeding for Food and Agriculture”, Slovākijas Republika, Piestany, 2007. g. 23.-26. maijs (stenda referāts).
4. Bleidere M., Grunte I. Grain Chemical composition of spring barley

- genotypes. Starptautiska zinātniskā konference “Zinātne lauku attīstībai 2007”, Latvija, Jelgava, 2007.g. 16-17. maijs (referāts).
5. Bleidere M. Relationships between grain quality traits in covered and hulless spring barley. Starptautiska zinātniska konference „Plant breeding: scientific and practical aspects”, Lietuva, Dotnuva, 2007. g. 3.-5. jūlijs (stenda referāts).
 6. Bleidere M. Grain quality characterization of Latvian spring barley varieties. IV Baltijas Valstu Ģenētikas Kongress. Latvija, Daugavpils, 2007. g. 9.-12. oktobris (stenda referāts).
 7. Bleidere M. Characteristic of grain physical traits of spring barley. Starptautiska zinātniskā konference “Zinātne Lauku attīstībai 2008”, Latvija, Jelgava, 2008.g. 21.-23. maijs (referāts).
 8. Bleidere M. Genetic and environment effect on grain quality of spring barley”. Starptautiska zinātniska konference ”Development of plant breeding and crop management in time and space”, Latvija, Priekuļi, 2008. g. 16.-18. jūlijs, (stenda referāts).
 9. Bleidere M., Belicka I. Characteristic of grain quality for early generation lines in the crossings between covered and hulless barley. Starptautiska zinātniskā konference “Zinātne lauku attīstībai 2009”, Jelgava, Latvija, 2009.g. 20.-22. maijs (referāts).
 10. Bleidere M. Hordein diversity in spring barley genotypes related to crude protein content. Starptautisks seminārs „Collaboration in plant breeding – Outlook and challenges”, Latvija, Stende, 2009. g. 7.-8.jūlijs (referāts).
 11. Bleidere M., Gaile Z. Latvijā selekcionēto miežu šķirņu novērtējums pēc to atbilstības augstvērtīgas lopbarības ieguvei atgremotājiem mājdzīvniekiem. Zinātnisks seminārs „Ražas svētki ‘Vecauce – 2009’: Latvijas Lauksaimniecības Universitātei – 70”, Latvija, Vecauce, 2009. g. 5. novembris (referāts).

