

DOI: 10.18832/kp201708

Hodnocení variability hordeinů českých odrůd jarního ječmene

The Assessment of Hordein Variability in Czech Spring Barley Varieties

Jana BRADOVÁ¹, Vratislav PSOTA²¹ Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha 6 - Ruzyně
Crop Research Institute, Drnovská 507/73, CZ – 161 06 Praha 6 - Ruzyně, Czech Republic
e-mail: bradova@vurv.cz² Výzkumný ústav pivovarský a sladařský, a. s., Mostecká 7, 614 00 Brno
Research Institute of Brewing and Malting, Plc, Mostecká 7, CZ – 614 00 Brno, Czech Republic
e-mail: psota@beerresearch.cz

Recenzovaný článek / Reviewed Paper

Bradová, J., Psota, V., 2017: Hodnocení variability hordeinů českých odrůd jarního ječmene. Kvasny Prum. 63, č. 2, s. 57–63

Metoda škrobové gelové elektroforézy byla použita k hodnocení alelické variability hordeinů českých odrůd jarního ječmene. Soubor zahrnoval 70 krajových, starých a moderních odrůd, u nichž bylo detekováno celkem 34 hordeinových alel. Identifikované alely tvořily celkem 43 elektroforetických profilů. Alelická hordeinová variabilita kompletního souboru vyjádřená indexem genetické variability (H) byla 0,941. Genetický index variability moderních odrůd ječmene byl 0,946. Krajové odrůdy a staré odrůdy se vyznačovaly v průměru nižší variabilitou (H=0,870). Naopak krajové a staré odrůdy byly charakterizovány prokazatelně vyšším vnitroodrůdovým polymorfismem než moderní odrůdy.

Bradová, J., Psota, V., 2017: The assessment of hordein variability in Czech spring barley varieties. Kvasny Prum. 63, No. 2, pp. 57–63

The allele variability of the hordein controlled by *Hrd A*, *Hrd B*, and *Hrd F* loci was investigated in Czech spring barley varieties using starch gel electrophoresis. The studied set included landraces, old varieties and modern varieties. A total of 34 hordein alleles were detected in the set of 70 barley varieties. Identified hordein alleles created totally 43 electrophoretic patterns. Hordein allelic variability of the complete set expressed as an index of genetic variability (H) was 0.941. The genetic variability index (H) of modern barley varieties was 0.946 while in landraces and old varieties on average lower variability was recorded H=0.870. On the contrary, landraces and old varieties were characterized by much higher intra-varietal polymorphism than modern varieties.

Bradová, J., Psota, V., 2017: Die Auswertung der Hordeinvariabilität der tschechischen Sommergerstensorten. Kvasny Prum. 63, Nr. 2, S. 57–63

Zur Auswertung der alelischen Hordeinvariabilität der tschechischen Sommergerstensorten wurde die Methode der Stärke-Gel-Elektrophorese angewandt. Zur Datei gehörten 70 regionale, alte und zeitgenössische Sorten, bei denen 34 Hordein-Allele festgestellt wurden. Identifizierte Allele bildeten insgesamt 43 elektroforetische Profile. Die allelische Hordeinvariabilität der kompletten Datei, ausgedrückt als Index der genetischen Variabilität (H) wurde 0,941. Der genetische Index der Variabilität von neuen (modernen) Gerstensorten wurde 0,946. Die Landes- und alte Gerstensorten wiesen im Durchschnitt eine niedrigere Variabilität (H=0,870) auf. Im Gegensatz dazu, regionale und alte Sorten wurden nachweislich mit dem höheren inneren Sorten Polymorphismus charakterisiert, als die Vielzahl von den modernen Pflanzenzüchtung.

Klíčová slova: jarní ječmen, hordein, genetická variabilita, šlechtění**Keywords:** spring barley, hordein, genetic variability, breeding

1 ÚVOD

Šlechtění se od počátku minulého století významně podílelo na zvyšování výnosů zemědělských plodin a v posledních třech desetiletích se stalo u mnoha plodin faktorem rozhodujícím. Podmínkou úspěchu šlechtění je efektivní využití genetické diversity, jejímiž nositeli jsou genetické zdroje rostlin. Protože moderní kultivary některých plodin jsou geneticky podobné, vzrůstá potřeba využívat ve šlechtění novou genetickou diversitu. Zdrojem tak mohou být geneticky odlišné kultivary, staré krajové odrůdy či příbuzné plané druhy (Dotlačil et al., 2011).

Genetické zdroje ječmene jarního představují unikátní a nenahraditelný zdroj genů pro další genetické zlepšování biologického a hospodářského potenciálu nových odrůd (von Bothmer et al., 2003). Významnou součástí genetických zdrojů jsou staré odrůdy, které jsou charakteristické nejen významnými rozdíly mezi odrůdami, ale i značnou vnitroodrůdovou genetickou diverzitou (Psota a Bradová, 2009; Vyhnanek et al., 2003). I když výběr odrůd v populacích či směsích linií vedl postupně ke zvyšující se uniformitě šlechtěných odrůd, u většiny vnitroodrůdová diverzita přetrvávala a lze ji stále využít. Informace o genetické diverzitě odrůd může proto být velmi užitečná při výběru materiálů pro šlechtění a výzkum (Dimova et al., 2010). Genetickou diversitu, původ a příbuznost krajových a starých šlechtěných odrůd pomáhají poznat historické prameny, srovnávací studie hospodářských a biologických znaků a v poslední době zejména exaktní metody založené na analýze DNA a bílkovin (Parzies

1 INTRODUCTION

Since the beginning of the last century, breeding has greatly contributed to the increased crop yield and in the last three decades is has become a decisive factor in many crops. The efficient use of genetic diversity is a prerequisite of successful breeding, as plant genetic resources are carriers of the genetic diversity. Because modern cultivars of some crops are genetically similar, there is a growing need to use new genetic diversity in breeding. Resources can thus be genetically different cultivars, old landraces or relative wild species (Dotlačil et al., 2011).

Genetic resources of spring barley represent unique and irreplaceable sources of genes for further genetic improvement of the biological and economic potential of new varieties (von Bothmer et al., 2003). The important part of the genetic resources include old landraces which are characterized not only by significant differences between varieties but also a considerable intra-varietal genetic diversity (Psota and Bradová, 2009; Vyhnanek et al., 2003). Although selection of the varieties in the populations or mixtures of lines gradually led to an increasing uniformity of the bred varieties, in most varieties, the intra-varietal diversity survived and still can be utilized. Information on the genetic diversity of varieties thus can be very useful when selecting the material for breeding and research (Dimova et al., 2010). Historical sources, comparative studies of economic and biological characteristics, and more recently the exact methods based on the DNA and protein analysis help identify the genetic diversity, origin and affinity

et al., 2000; Fernández et al., 2002; Ovesná et al., 2004; Tomka et al., 2015).

Krajové a staré odrůdy nemohou konkurovat moderním odrůdám ve výnosu, mají však řadu cenných znaků a vlastností, pro které si zaslouží pozornost. Proto přesná znalost jejich identity a homogenity je velmi důležitá pro šlechtění nových moderních odrůd ječmene. Poměrně vysokou úroveň polymorfismu nezbytnou pro charakterizaci a identifikaci genotypů ječmene poskytuje prolaminová frakce zásobních proteinů ječného zrna zvaná hordeiny. Pro separaci hordeinů se nejčastěji používá elektroforetická analýza umožňující velmi efektivně studovat jejich alelickou variabilitu. Je proto vhodná k rozlišení a identifikaci jednotlivých genotypů ječmene (Vyhnánek et al., 2003; Bleidere a Grunte, 2009). Nejrozšířenější biochemické techniky používané pro separaci proteinů resp. ke studiu genetické struktury hordeinů jsou elektroforetické metody v polakrylamidovém gelu (SDS PAGE, A PAGE) (Yin et al., 2003; Baloch et al., 2014) a škrobovém gelu (Šašek et al., 1990; Pomortsev et al., 2001; 2012; Psota a Bradová, 2009; Lyalina et al., 2016).

Cílem práce bylo vyhodnotit genetickou variabilitu hordeinů starých odrůd a odrůd pocházejících z moderního šlechtění v České republice.

2 MATERIÁL, METODY

Předmětem studia byl soubor odrůd jarního ječmene (*Hordeum vulgare* subsp. *distichon* var. *nutans* Alef.). Osivo většiny odrůd bylo získáno z kolekce jarního ječmene Genové banky České republiky. Pouze osivo odrůd Bojos, Radegast, Aksamit, Aktiv, Azit, Advent, Paulis, Signum, Arthur, Laudis 550, Petrus a Francin bylo získáno z Ústředního a kontrolního ústavu zemědělského. Letopočet uváděný v textu za názvem odrůdy je rokem povolení či registrace odrůdy.

Elektroforéza hordeinů byla provedena ve sloupcích 10% škrobového gelu s 3M močoviny v prostředí Al laktátového pufru (pH 3,1). Hordeiny byly extrahovány 65% vodným roztokem ethanolu (v/v) z 10 jednotlivých zrn od každé odrůdy. Varianty alelických bloků kódovaných lokusy *Hrd A*, *Hrd B* a *Hrd F* byly identifikovány dle nomenklatury popsané Šaškem et al. (1990); Pomortsevem et al. (2001) a Bradovou a Sýkorovou (2006). Publikované katalogy bloků hordeinových složek umožňují vyjádřit elektroforetická spektra prolaminů jako genetické vzorce. Tyto vzorce obsahují označení pro hordeiny (*Hrd*), následně označení konkrétního lokusu (*A*, *B* a *F*) a číslo alely příslušného lokusu. V případě heterogenních vzorků jsou pak alelické varianty na určitém lokusu ve vzorci odděleny středníkem.

Genetická variabilita pro jednotlivé hordeinové lokusy a výsledná hordeinová spektra byla stanovena podle Nei (1973) následovně: $H = 1 - \sum p_i^2$, kde „H“ je index genetické variability a „p_i“ je frekvence i-té alely resp. i-tého hordeinového profilu ve studovaném souboru odrůd.

3 VÝSLEDKY A DISKUSE

V tab. 1 jsou uvedeny výsledky elektroforetických analýz hordeinů souboru 70 odrůd jarního ječmene. Hodnocený soubor byl rozdělen na tři skupiny dle období vzniku odrůdy. První skupina (Soubor I) zahrnuje 14 krajových odrůd a výběrů z krajových odrůd vyšlechtěných výběrem do roku 1932. Druhou skupinu (Soubor II) tvoří 13 zejména starých odrůd vyšlechtěných v letech 1933–1956. Třetí skupina (Soubor III) je tvořena novými odrůdami (43), které vznikly po roce 1965. Rok 1965 byl mezníkem pro šlechtění jarního ječmene na území dnešní České republiky, protože byla do listiny povolených odrůd zařazena odrůda Diamant. Odrůda Diamant byla nositelem krátkostébelnosti a změn ve struktuře výnosu ječmene a vynikající sladovnické kvality. Odrůda Diamant byla dále ve šlechtění využívána a je v rodokmenu celé řady polozakrslých odrůd (Mlčochová a Psota, 2008; Psota et al., 2009).

3.1 Frekvence hordeinových alel

Je známo, že elektroforetický detekované složky se dědí ve skupinách (blocích) a jsou řízeny sedmi vázanými lokusy *Hrd A* (= *Hor 1*), *Hrd B* (= *Hor 2*), *Hrd C*, *Hrd D*, *Hrd E*, *Hrd F* (= *Hor 5*) a *Hrd G* (= *Hor 4*), které jsou u ječmene lokalizovány do krátkého ramene chromozomu 5 (Pomortsev a Lyalina, 2007). Lokusy *Hrd A*, *Hrd B* a *Hrd F* tvoří alelické série resp. hordeinové alelické bloky. Lokusy *Hrd C*, *Hrd D*, *Hrd E* a *Hrd G* jsou charakterizovány pouze recesivní či dominantní alelou, která je zodpovědná za výskyt minoritních hor-

of landraces and old bred varieties (Parzies et al., 2000; Fernández et al., 2002; Ovesná et al., 2004; Tomka et al., 2015).

Landraces and old varieties cannot cope with the modern varieties in terms of yield but they have a number of valuable traits and properties that deserve our attention. Therefore, exact knowledge of their identity and homogeneity is very important for breeding new modern barley varieties. A relatively high level of polymorphism necessary for the characterization and identification of barley genotypes is provided by the prolamin fraction of storage proteins of barley grain, so called hordeins. Electrophoretic analysis is most commonly applied for hordein separation; it enables to study their allelic variability very effectively. Therefore, it is very suitable for the differentiation and identification of the individual genotypes of barley (Vyhnánek et al., 2003; Bleidere and Grunte, 2009). The biochemical techniques most widely employed for separation of proteins or study of the hordein genetic structure include electrophoretic methods in polyacrylamide gel (SDS PAGE, A PAGE) (Yin et al., 2003; Baloch et al., 2014) and starch gel (Šašek et al., 1990; Pomortsev et al., 2001; 2012; Psota and Bradová, 2009; Lyalina et al., 2016).

The aim of this study was to assess the genetic variability of hordeins of old varieties and varieties formed by modern breeding in the Czech Republic.

2 MATERIAL, METHODS

The set of spring barley varieties (*Hordeum vulgare* subsp. *distichon* var. *nutans* Alef.) was studied. The seed of most varieties was obtained from the collection of spring barley of the Gene Bank of the Czech Republic. Only seeds of the varieties Bojos, Radegast, Aksamit, Aktiv, Advent, Paulis, Signum, Arthur, Laudis 550, Petrus, and Francin were obtained from the Central Institute for Supervision and Testing in Agriculture. The year given in the text after the name of the variety is the year of permission or registration of the variety.

Electrophoresis of hordeins was conducted in columns of 10% starch gel with 3M of urea in an aluminum-lactate buffer, pH 3.1. Hordeins were extracted by 65% (v/v) aqueous ethanol from 10 individual grains from each variety. Variants of the alleles coded by loci *Hrd A*, *Hrd B* and *Hrd F* were identified based on the nomenclature described by Šašek et al. (1990); Pomortsev et al. (2001) and Bradová and Sýkorová (2006). Published catalogues of blocks of hordein components enable to express the electrophoretic pattern of hordeins as a genetic formula. These formulas contain a designation for hordeins (*Hrd*), then designation of a particular locus (*A*, *B*, and *F*) and the number of the allele of the corresponding locus. In the case of heterogeneous samples, the allelic variants at a particular locus in the pattern are then separated by a semicolon.

Genetic variability for the particular hordein loci and resulting hordein patterns were determined according to Nei (1973) as follows: $H = 1 - \sum p_i^2$, where „H“ is index of genetic variability and „p_i“ is frequency of the ith allele or ith hordein profile in the studied set of the varieties.

3 RESULTS AND DISCUSSION

Table 1 gives the results of the electrophoretic analyses of hordeins of the set of 70 spring barley varieties. The assessed set was split to three groups based on the period of the variety formation. The first group (Set I) includes 14 landraces and selections from landraces bred by selection to 1932. The second group (Set II) is formed by 13 old varieties bred in the period from 1933–1956. The third group (Set III) includes new varieties (43) which were formed after 1965. The year 1965 was a milestone for breeding of spring barley in the territory of today's Czech Republic as the variety Diamant was included in the list of the permitted varieties. The variety Diamant was a carrier of a short stem length and changes in the structure of barley yield and excellent malting quality. The variety Diamant was further used in breeding and appears in the pedigrees of a number of semi-dwarf varieties (Mlčochová and Psota, 2008; Psota et al., 2009).

3.1 Frequency of hordein alleles

It is known that hordein components are inherited in groups (blocks) and controlled by seven linked loci, *Hrd A* (= *Hor 1*), *Hrd B* (= *Hor 2*), *Hrd C*, *Hrd D*, *Hrd E*, *Hrd F* (= *Hor 5*,) and *Hrd G* (= *Hor 4*) located in the short arm of chromosome 5 of barley (Pomortsev and Lyalina, 2007). Loci *Hrd A*, *Hrd B*, and *Hrd F* form allelic series i.e. hordein allelic blocks. Loci *Hrd C*, *Hrd D*, *Hrd E*, and *Hrd G* are char-

Tab.1 Hordeinové genetické markery českých odrůd ječmene jarního / Table 1 Hordein genetic markers of Czech spring barley varieties

Identifikátor* Accession number	Odrůda Variety	Hordeinové markery na lokusech Hordein markers at loci			Zjištěné hordeinové profily v odrůdě (n) Detected hordein profiles in the variety (n)	Počátek registrace Start of the registration	Rodokmen Pedigree
		Hrd A	Hrd B	Hrd F			
Soubor I Krajové odrůdy a výběry z krajových odrůd				Set I Landraces and selections from the landraces			
03C0600087	Krajová z Orlové	1 ; 2 ; 12	1 ; 17	3	3	**	LV- Orlova
03C0600026	Pisárecký	2 ; 12	1 ; 8	2 ; 3	2	**	S- LV Kurovice
03C0600093	Krajová St. Hrozenkov	12	1	3	1	1900	LV- Stary Hrozenkov
03C0600029	Nolč-Dregerův veleraný	1 ; 2	1 ; 19	1 ; 3	3	1903	S- old Bohemian Landvarieties Typ A
03C0600031	Hanácký Staroveský	2 ; 12	1 ; 19	1 ; 3	2	1906	S- Hana VIII
03C0600043	Jarohněvický	1 ; 2 ; 12	1 ; 8 ; 17 ; 19 ; 53	1 ; 2 ; 3	5	1908	S- Jarohnevicky IV,V
03C0600015	Proskovcův hanácký	2 ; 12 ; 29	1 ; 8 ; 17 ; 19	1 ; 2 ; 3	6	1919	LV- Holesov/3/Hana/Kargyn// Schwarzenberger
03C0600049	Šumavský	2 ; 12	1 ; 19 ; 53	1 ; 3	3	1920	LV- Sumava
03C0600017	Ratbořský	1 ; 2 ; 12	1 ; 19 ; 32	1 ; 3	3	1925	S- Kvasický
03C0600033	Selecta Hanak 1	2	19 ; 53	1	2	1926	S- LV Hana
03C0600010	Stupický hanácký	2 ; 12	1 ; 53	1 ; 3	2	1926	S- LV Hanacky (oblast Pyšely)
03C0600036	Hořický	1 ; 2	19 ; 53	1	3	1929	S- LV Horice
03C0600025	Tepelský 421	2 ; 12	1 ; 53	1 ; 3	2	1930	S- LV Tepelske Vrchy
03C0600132	Kaštický	10	8	2	1	1932	S- LV Podborany
Soubor II Staré odrůdy				Set II Old varieties			
03C0600004	Novodvorský hanácký	1 ; 2 ; 12	1 ; 19	1 ; 3	5	1933	Starnovsky Kneifl/Hanacky III
03C0600131	Janovický	2	17 ; 53	1 ; 3	2	1933	Ratborsky Han./Heils Frankengerste
03C0600028	Hanácký Moravan	2 ; 4 ; 12	1 ; 3 ; 19	1 ; 2 ; 3	4	1936	S- Starnovsky Kneifel
03C0600029	Hodonínský Kvas	2 ; 23	17 ; 19 ; 29	1 ; 2 ; 3	3	1937	Hodoninsky I/Opavsky Kneifl
03C0600030	Jindřichovický K 64	2 ; 4 ; 12	1 ; 19 ; 20	1 ; 3	4	1937	Opavsky Kneifl/Dewersdorfsky
03C0600019	Valtický	2	17 ; 19	1 ; 3	2	1938	Valticky B/Starnovsky Kneifel
03C0600011	Triumf	1 ; 12	1	3	2	1938	Proskovcuv Hana Pedigree// Tschermakuv Hanna/Kargyn
03C0600002	Hanácký jubilejní	2	19	1	1	1938	Opavsky Kneifl/Selekty Hanak VIII
03C0600005	Opavský Kneifl	2	17 ; 19	1 ; 3	2	1939	S- LV Hanacky (oblast Ostravska)
03C0600044	Olešenský	2 ; 12	1 ; 19 ; 21	1 ; 3	3	1939	S- LV Starocesky
03C0600037	Židlochovický Gloria	2	17 ; 19 ; 21 ; 53	1	4	1940	Pamers Vollkorn/Vacenovice XII
03C0600689	Hanna	5 ; 12	1 ; 21	1 ; 3	2	1950	LV- Kvasice na Morave
03C0600057	Čelechovický hanácký	1 ; 2	19	1	2	1956	Haisa//Starnovsky Kneifl/Nolcuv A
Soubor III Nové odrůdy				Set III New varieties			
03C0600089	Korál	32	21	0	1	1978	Hana/4/Carlsberg II/F.Union//Alsa/3/ Celech.hanacky/J25
03C0600104	Krystal	32	21	0	1	1981	Koral/Rapid
03C0600059	Rubín	4	45	3	1	1982	Valticky//Algerian/Valticky/3/Firlbecks Union/4/Diamant/H.St.13703-64
03C0600058	Mars	2	7	2	1	1983	St 13259/Hor 2957//Abed Lofa
03C0600061	Bonus	2	25	1	1	1984	R 964-71/He 858//R 964-71/Nadja
03C0600060	Kredit	18	52	1	1	1984	Nadja/Km 1192
03C0600066	Jaspis	21	25	1	1	1986	St 6984/Opal
03C0600068	Jarek	2	19	1	1	1987	Km 1192/Sladar//Opal
03C0600069	Perun	2	47	1	1	1987	HE 1728/Karat
03C0600073	Profit	2	25	1	1	1988	Koral/3/H 357//Juliana/Jantar
03C0600077	Malvaz	2	17	3	1	1989	ZS-75/Y293-77//P1447-77
03C0602184	Heran	2	47	1	1	1990	HE 3380/Salome
03C0602181	Terno	2 ; 21	17	2	2	1991	S 170-74/Opal
03C0602182	Akcent	12	21	1	1	1992	Salome/EP 79
03C0602487	Ladik	23	21	1	1	1992	KM 499-293-80/HVS 1461
03C0602369	Forum	N1	8	2	1	1993	H 387-75/Horpatsi Ketscoros//044-78

Tab.1 pokračování / continuation

03C0602248	Viktor	2	17	3	1	1994	KM-341//Yenit/Kym
03C0602342	Amulet	12	47	1	1	1995	HE 2591/Salome
03C0602340	Lumar	5	17	3	1	1995	Km 341/BR 2174
03C0602424	Primus	2 ; 21	25	1	2	1995	Jaspis/E 1197-85
03C0602343	Atribut	21	25	1	1	1996	KM V 3-83/BR 2174
03C0602484	Famin	12	21	1	1	1996	Akcent/CE 597
03C0602420	Olbram	4 ; 5	17 ; 21	1 ; 2	2	1996	HVS 1703-82/BR 2174 Dercado/BR 2174
03C0602459	Pejas	2	47	1	1	1996	Perun/Jaspis
03C0602486	Tolar	2	19	1	1	1997	HE 4710/HWS 78267-83
03C0602572	Heris	2	47	1	1	1998	HE 4431/CE 431
03C0602573	Maridol	N3	N1	1	1	1999	B 358/KM 743,Ladik
03C0602743	Ebson	2	19	1	1	2002	Alexis/Krona
03C0602668	Malz	N1	8	2	1	2002	Famin/Scarlet
03C0602781	Pedant	2	17	3	1	2003	CE-431/HE-6621
03C0602695	Respekt	2	5	1	1	2003	Atribut/Scarlett
03C0602742	Bojos	23	29	3	1	2005	Madonna/Nordus
03C0602744	Radegast	2	47	1	1	2005	Nordus/Heris
03C0602782	Aksamit	23	17	2	1	2007	NSL 94-1384B/3/Perun/Tu33//Atribut
03C0602843	Aktiv	2 ; 23	17 ; 29	3	4	2008	HE 8270/Madonna
03C0602844	Azit	2	3 ; 19	1 ; 2	2	2008	Tolar/Pasadena
03C0602896	Advent	12 ; 23	21 ; 29	1 ; 3	4	2009	HE 7792/Madonna
03C0602937	Paulis	2 ; 23	3 ; 29	2 ; 3	3	2010	Madonna/Faustina
03C0603026	Signum	23	17	2	1	2012	HE 8621C/Sebastian
03C0603051	Arthur	2 ; 23	29	3	2	2013	Madonna/ST 4397-10
03C0603050	Laudis 550	23	29	3	1	2013	Bojos/Sebastian
03C0603053	Petrus	23	8	2	1	2013	NFC 402-22/Kuburas
03C0603105	Francin	23	29	3	1	2014	ST 3578-04/Sebastian

* GRIN Czech – Evidence genetických zdrojů rostlin v České republice

** rok registrace není známý

; symbol pro vyjádření heterogenních odrůd

S- výběr

LV, krajový kultivar

S- LV výběr z krajové odrůdy

* GRIN Czech – Documentation of Plant Genetic Resources in the Czech Republic

** unknown year of registration

; symbol for marking heterogeneous varieties

S- selection

LV local variety

S- LV selection from landraces

dejinových složek projevujících se jedním elektroforetickým pruhem (Šašek et al., 1990).

Během let může docházet ke ztrátě či změnám rozmanitosti hordeinového složení odrůd ječmene (Tomka et al., 2015), což potvrzují i naše výsledky, které jsou shrnuty v tab. 2 a 3. V celém souboru hodnocených odrůd (70) bylo zjištěno celkem 34 hordeinových alelických bloků resp. alel, které jsou řízeny hordeinovými lokusy *Hrd A*, *Hrd B* a *Hrd F*. Nejvyšší hordeinová variabilita byla zjištěna pro lokusy *Hrd B* (počet alel $n=17$; $H=0,880$) a *Hrd A* (počet alel $n=13$; $H=0,716$). Nejnižší variabilita byla zaznamenána pro lokus *Hrd F* (4 alely; $H=0,628$), což je v souladu s již publikovanými výsledky (Pomortsev a Lyalina, 2007; Lyalina et al., 2016).

Jak je vidět z tab. 2, distribuce a frekvence alel třech hodnocených hordeinových lokusů je rozdílná pro jednotlivé skupiny odrůd ječmene. Na hordeinovém lokusu *Hrd A*, bylo zjištěno 5 alel ve skupině krajových odrůd (Soubor I), 6 alel ve skupině starých šlechtěných odrůd (Soubor II). V odrůdách z moderního šlechtění (Soubor III.) bylo na tomto lokusu detekováno 10 alel, mezi nimiž se nevyskytly alely *Hrd A1*, *Hrd A10* a *Hrd A29* známé z předchozích let. Hordeinové alely *A2* a *A12* se vyskytly současně ve všech třech souborech, kdy alela *A2* se vyznačovala celkově nejvyšší frekvencí (41,07 – 52,78 %). Poměrně vysoce zastoupenou alelou v Souboru III byla alela *A23* (25,0 %) nevyskytující se však v krajových odrůdách. Ve starých šlechtěných odrůdách je přítomna jen ve velmi nízkém zastoupení (5,56 %). Naopak pro tyto soubory (Soubor I a II) byla charakteristická relativně vysoká frekvence alely *A1* (15,79 – 8,33 %) na rozdíl od moderních odrůd, kde tato alela nebyla zaznamenána.

Pokud se týká hordeinového lokusu *Hrd B*, nejvyšší počet alel byl opět detekován v souboru moderních odrůd ječmene (13), osm alel bylo zjištěno ve starých šlechtěných odrůdách a 6 v krajových odrůdách. Hordeinové alely *B15* a *B19* byly s různou frekvencí zjištěny ve všech třech souborech (7,14 – 38,89 %). V moderních odrůdách

acterized only by a recessive or dominant allele which is responsible for the occurrence of the minority hordein components manifesting itself with a single electrophoretic band (Šašek et al., 1990).

During years, losses or changes of variability in the hordein variability in spring barley can occur (Tomka et al., 2015); this is also confirmed by our results which are summarized in Tables 2 and 3. In the whole set of the varieties assessed (70), a totally 34 hordein allelic blocks i.e. alleles controlled by hordein loci *Hrd A*, *Hrd B*, and *Hrd F* were detected. The highest hordein variability was found for the loci *Hrd B* (number of the alleles $n=17$; $H=0.880$) and *Hrd A* (number of the alleles $n=13$; $H=0.716$). The lowest variability was recorded for the loci *Hrd F* (4 alleles; $H=0.628$), this is in compliance with the results published previously (Pomortsev and Lyalina, 2007; Lyalina et al., 2016).

As evident from Table 2, the distribution and frequency of the alleles of the three assessed hordein loci is different for the individual groups of the barley varieties. At the hordein locus *Hrd A*, 5 alleles were detected in the group of the landraces (Set I), 6 alleles in the group of the old bred varieties (Set II). In the varieties from modern breeding (Set III), 10 alleles were detected at this locus, the alleles *Hrd A1*, *Hrd A10*, and *Hrd A29* known from previous years were not present. Hordein alleles *A2* and *A12* occurred simultaneously in all three sets and the allele *A2* was typically most frequent (41.07 – 52.78 %). The allele *A23* was a relatively highly represented in Set III (25.0 %), however, it did not occur in the landraces. In the old bred varieties, its representation was only very low (5.56%). Conversely, a relatively high frequency of the *A1* allele (15.79 – 8.33%) was characteristic for these groups (Set I and II) unlike the modern varieties where this variety was not detected.

Much more variability was recorded at *1B* hordein locus in modern varieties (13 different alleles) whereas only 6 and 8 different alleles could be identified in landraces and old varieties respectively. The

Tab. 2 Frekvence alel na lokusech *Hrd A*, *Hrd B*, a *Hrd F* zjištěná v souborech starých a moderních odrůdách ječmene jarního / Table 2 Allele frequency at loci *Hrd A*, *Hrd B*, and *Hrd F* detected in the sets of old and modern spring barley varieties

Frekvence alel na lokusu <i>Hrd A</i> (%)					Allele frequency at locus <i>Hrd A</i> (%)				
Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem	Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem
Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total	Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total
1	15.79	8.33	0.00	6.92	21.00	0.00	0.00	7.14	3.08
2	52.63	52.78	41.07	47.69	23.00	0.00	5.56	25.00	12.30
4	0.00	8.33	3.57	3.85	29.00	2.63	0.00	0.00	0.77
5	0.00	2.78	3.57	2.31	32.00	0.00	0.00	3.57	1.54
10	2.63	0.00	0.00	0.77	N1	0.00	0.00	3.57	1.54
12	26.32	22.22	8.93	17.69	N3	0.00	0.00	1.79	0.77
18	0.00	0.00	1.79	0.77					
Frekvence alel na lokusu <i>Hrd B</i> (%)					Allele frequency at locus <i>Hrd B</i> (%)				
Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem	Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem
Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total	Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total
1	36.84	25.00	0.00	17.69	25	0.00	0.00	10.71	4.62
3	0.00	2.78	5.36	3.85	29	0.00	2.78	17.85	8.46
5	0.00	0.00	1.79	0.77	32	2.63	0.00	0.00	0.77
7	0.00	0.00	1.79	0.77	45	0.00	0.00	1.79	0.77
8	13.16	0.00	5.36	6.15	47	0.00	0.00	10.71	4.62
17	7.90	13.88	19.63	14.61	52	0.00	0.00	1.79	0.77
19	23.68	38.89	7.14	20.00	53	15.79	5.56	0.00	6.15
20	0.00	2.78	0.00	0.77	N1	0.00	0.00	1.79	0.77
21	0.00	8.33	14.29	8.46					
Frekvence alel na lokusu <i>Hrd F</i> (%)					Allele frequency at locus <i>Hrd F</i> (%)				
Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem	Alela	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Moderní odrůdy	Celkem
Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total	Allele	Landraces	Old varieties	Modern varieties	Total
0	0.00	0.00	3.57	1.54	2.00	13.16	5.56	21.43	14.61
1	44.73	58.33	44.64	48.46	3.00	42.11	36.11	30.36	35.39

Tab. 3 Porovnání alelické variability hordeinů krajových odrůd, starých a moderních odrůd ječmene jarního / Table 3 Comparison of allelic variability of hordeins in landraces, old and modern spring barley varieties

Soubor	Krajové odrůdy	Staré odrůdy	Nové odrůdy	Celý soubor
Set	Landraces	Old varieties	New varieties	Total set
Počet odrůd (n) Number of varieties (n)	14	13	43	70
Počet identifikovaných hordeinových linií (n) Number of the identified hordein lines (n)	38	36	56	130
Průměrný počet linií na odrůdu Average number of lines per a variety	2.7	2.8	1.3	1.9
Počet zjištěných elektroforetických profilů (n) Number of the identified electrophoretic profiles (n)	12	16	28	43
Index genetické variability hordeinů (H) Index of genetic variability of hordeins (H)	0.86	0.88	0.95	0.94

nebyly detekovány *Hrd*- alely *B1* a *B53* typické pro krajové odrůdy (36,84 %; 15,79 %) a staré odrůdy (25,00 %; 5,56 %). Dále v moderních odrůdách nebyla zjištěna alela *B20* vyskytující se pouze u odrůdy Jindřichovický (1937) a alela *B32*, která byla identifikována u odrůdy Ratbořský (1925) (tab. 1).

Mezi alelami lokusu *Hrd F*, alela *F1* převládala v Souboru I (44,73 %) i v Souboru II (58,33 %) a Souboru III (44,64 %). Alely *F2* a *F3* se rovněž vyskytly ve všech sledovaných souborech, ale úroveň jejich výskytu se pohybovala od 5,56 % do 42,11 %. Alela *F0* byla zjištěna pouze u dvou nejstarších odrůd ze skupiny moderních odrůd: Korál (1978) a Krystal (1981) (tab. 1). Naše výsledky potvrdily, že vlivem ústupu tradičního zemědělství a jeho náhradou intenzivním způsobem hospodaření dochází ke ztrátě řady hordeinových alel, které lze nalézt u starších krajových odrůd a které mohou mít vztah ke kvalitě odrůd ječmene (Tomka et al., 2015; Černý et al., 1999). Naopak v souboru moderních odrůd bylo detekováno 13

hordein alleles *B15* and *B19* were detected with various frequencies in all three sets (7.14 – 38.89%). *Hrd*-alleles *B1* and *B53* were identified exclusively in landraces (36.84%; 15.79%, respectively) and old varieties (25.00%; 5.56% respectively). Further, the allele *B20* recorded only in the variety Jindřichovický (1937) and the allele *B32* founded only in the variety Ratbořský (1925), did not also occur in modern varieties (Table 1).

Among the alleles of the locus *Hrd F*, the allele *F1* prevailed in the Set I (44.73%) as well as in the Set II (58.33%) and Set III (44.64%). The alleles *F2* and *F3* also occurred in all the studied sets but the level of their occurrence varied from 5.56 % to 42.11%. The allele *F0* was detected only in the two oldest varieties from the group of the modern varieties: Korál (1978) and Krystal (1981) (Table 1). Our results confirm that due to the decline of traditional agriculture and its replacement by intensive farming, hordein alleles, which can be found in older landraces and which may be related to the quality of

alel, které se nevyskytovaly v krajových ani ve starých šlechtěných odrůdách. To může být způsobeno introdukcí nových alel ze zahraničních genotypů, které jsou používány jako výchozí rodičovské materiály do šlechtitelských programů (tab. 1).

3.2 Vnitroodrůdový polymorfismus

Elektroforetická analýza hordeinů umožňuje charakterizovat genetickou strukturu odrůd ječmene, tj. určit, zda se jedná o odrůdy homogenní (jednoliniové), či odrůdy heterogenní. Heterogenní odrůdy jsou charakterizované vyšším počtem hordeinových linií (biotypů), (Dimova et al., 2010). Řada autorů popisuje vnitroodrůdový polymorfismus, který je důležitý pro charakterizaci odrůd ječmene (Radovic a Vapa, 1996; Echart-Almeida a Cavalli-Molina, 2000; Vyhnanek et al., 2003). Jeho znalost umožňuje stanovit genetickou strukturu heterogenních odrůd, která je dána počtem hordeinových linií, případně jejich procentním zastoupením v odrůdě (Bradová et al., 2001; Psota a Bradová, 2009).

V tab. 1 je prezentován vnitroodrůdový polymorfismus hordeinů u jednotlivých odrůd a v tab. 3 pak rozdíly mezi hodnocenými skupinami odrůd. Výsledky získané v této studii ukázaly značný vnitroodrůdový polymorfismus u krajových odrůd a starých odrůd, což představuje v průměru 2,75 linií na odrůdu. Mezi krajovými odrůdami se vyskytly pouze 2 odrůdy (14 %), charakterizované jednou hordeinovou linií, a to odrůdy Krajová St. Hrozenkov (1900) a Kaštický (1932). Ve skupině starých odrůd byla zjištěna pouze odrůda Hanácký jubilejní (1938), jako hordeinově uniformní genotyp. Všechny ostatní odrůdy Souboru I a II se vyznačovaly vnitroodrůdovým polymorfismem, byly hordeinově heterogenní s výskytem dvou až šesti hordeinových linií (hordeinových profilů) v odrůdě. Nejvyšším počtem šesti hordeinových linií se vyznačovala odrůda Proskovcův hanácký (1919). Vysoký vnitroodrůdový hordeinový polymorfismus je rovněž charakteristický pro odrůdy Jarohněvický (1908) a Novodvorský hanácký (1933). Obě odrůdy se skládají z pěti hordeinových linií (tab. 1).

Průměrný počet linií na odrůdu ve skupině nových šlechtěných odrůd (Soubor III) je výrazně nižší než v obou dříve zmiňovaných skupinách, a to 1,3 linií na odrůdu. Soubor obsahoval 81 % hordeinově homogenních odrůd, což představuje celkem 35 odrůd. Osm odrůd bylo hordeinově heterogenních. Nejvyšším počtem 4 hordeinových linií se vyznačovaly pouze odrůdy Aktiv (2008) a Advent (2009).

Z našich výsledků jednoznačně vyplývá, že odrůdy z moderního šlechtění v porovnání se starými odrůdami se vyznačují výrazně nižším stupněm vnitroodrůdového polymorfismu hordeinů. Tato skutečnost je opět důsledkem intenzivního šlechtění nových výkonných odrůd jarního ječmene, které se v posledních letech zaměřuje dle požadavků pěstitelů a zpracovatelů na šlechtění homogenních odrůd pro specifické koncové využití (Echart-Almeida a Cavalli-Molina, 2000).

3.3 Meziodrůdový polymorfismus

Výsledky meziodrůdového polymorfismu na základě hordeinových elektroforetických spekter jsou shrnuty v tab. 1 a 3. V celém souboru 70 hodnocených odrůd ječmene jarního tvořily detekované hordeinové alely v různých kombinacích celkem 43 elektroforetických profilů s indexem genetické variability $H=0,941$. Mezi těmi hodnocenými soubory nejvyšší stupeň hordeinové variability vyjádřený indexem genetické variability $H=0,946$ byl zjištěn u souboru 43 odrůd ječmene z moderního šlechtění. V tomto souboru bylo zjištěno 56 hordeinových spekter a identifikované alely vytvořily v různých kombinacích celkem 28 hordeinových profilů. Nejčetnější alelickou sestavou byla kombinace alel *Hrd-A23*; *Hrd-B29*; *Hrd-F3*, která se vyskytovala u 8 odrůd (18,6 %). Tato sestava byla identifikována v souboru starých šlechtěných odrůd pouze v případě odrůdy Hodonínský Kvas (1937). V souboru krajových odrůd tento profil detekován nebyl. Hordeinová diversita krajových a starých šlechtěných odrůd ječmene oproti moderním odrůdám je prokazatelně nižší. Jejich vzájemný rozdíl je však srovnatelný (Soubor I – $H=0,859$; Soubor II – $H=0,880$). Nejfrekventovanějším hordeinovým profilem v krajových odrůdách (Soubor I) byla sestava alel *Hrd-A12*; *Hrd-B1*; *Hrd-F3*, vyskytující se u 10 odrůd (71,4 %). Tato sestava se nevyskytuje v moderních odrůdách, je však poměrně frekventovaná ve starých šlechtěných odrůdách (Soubor II), přičemž nefrekventovanější sestavou v tomto souboru je hordeinový profil *Hrd-A2*; *Hrd-B19*; *Hrd-F1* (76,9 %).

Vzhledem k tomu, že v počátcích českého šlechtění vznikaly nové odrůdy v rámci určitých regionů často výběrem z místních populací, podoběji pak vzájemným křížením těchto odrůd, tak lze očekávat i častou existenci geneticky podobných odrůd. Z tab. 1 je vidět, že v Souboru I má specifický hordeinový profil *Hrd-A10*; *Hrd-B8*; *Hrd-F2* pouze odrůda Kaštický (1932) a lze ji od ostatních odrůd spolehlivě odlišit. V souboru moderních odrůd vykazují jedinečná specifická hordeino-

barley varieties, have been lost (Tomka et al., 2015; Černý et al., 1999). Conversely, in the set of the modern varieties, 13 alleles were detected which did not occur neither in the landraces nor in old bred varieties. This may be caused by the introduction of new alleles for foreign genotypes which are used as the initial parental materials for the breeding programs (Table 1).

3.2 Intra-varietal polymorphism

The electrophoretic analysis of hordeins allows to characterize the genetic structure of varieties, i.e. to determine whether the varieties are homogeneous (one-line) or heterogeneous. The heterogeneous varieties are characterized by a higher number of hordein lines (biotypes), (Dimova et al., 2010). A number of authors described intra-varietal polymorphism which is important for characterization of barley varieties (Radovic and Vapa, 1996; Echart-Almeida and Cavalli-Molina, 2000; Vyhnanek et al., 2003). This knowledge enables to determine the genetic structure of the heterogeneous varieties which is given by the number of hordein lines or by their percentage portion in the variety (Bradová et al., 2001; Psota and Bradová, 2009).

Table 1 shows intra-varietal polymorphism of hordeins in the individual varieties, Table 3 gives the differences between the assessed groups of the varieties. The results obtained in this study indicate a considerable intra-varietal polymorphism in the landraces and old varieties, which represents on average 2.75 lines per a variety. Among the landraces, only two varieties (14%), characterized by one hordein line, occurred: i.e. the variety Krajová St. Hrozenkov (1900) and Kaštický (1932). Only the variety Hanácký jubilejní (1938), as a hordein uniform genotype, was found in the group of the old varieties. All other varieties of Sets I and II were characterized by an intra-varietal polymorphism, they were hordein-heterogeneous with the occurrence of two to six hordein lines (hordein profiles) in a variety. The variety Proskovcův hanácký (1919) had the highest number of six hordein lines. High intra-varietal hordein polymorphism is also typical for the varieties Jarohněvický (1908) and Novodvorský hanácký (1933). Both the varieties consist of five hordein lines (Table 1).

The average number of lines per a variety in the group of the new bred varieties (Set III) is significantly lower than in both the above mentioned groups, i.e. 1.3 lines per a variety. The set contained 81% of hordein-homogeneous varieties, which represents a total of 35 varieties. Eight varieties were hordein-heterogeneous. Only the varieties Aktiv (2008) and Advent (2009) had 4 hordein lines.

It is evident from our results that the varieties from modern breeding compared to the old ones are characterized by a lower level of intra-varietal polymorphism of hordeins. This fact is a result of intensive breeding of new efficient spring barley varieties which based on the requirements of growers and brewers has recently focused on breeding homogeneous varieties for a specific final use (Echart-Almeida and Cavalli-Molina, 2000).

3.3 Inter-varietal polymorphism

The results of the inter-varietal polymorphism based on hordein electrophoretic patterns are summarized in Tables 1 and 3. In the whole set of 70 assessed varieties of spring barley, detected hordein alleles formed in various combinations totally 43 electrophoretic profiles with the genetic variability index $H=0,941$. The highest level of hordein variability expressed by the genetic variability index $H=0,946$ was found in the set of 43 barley varieties from modern breeding. In this set, 56 hordein patterns were detected and the identified alleles formed totally 28 hordein profiles in various combinations. The most frequent allelic arrangement was a following allele combination *Hrd-A23*; *Hrd-B29*; *Hrd-F3*, which occurred in 8 varieties (18.6%). This pattern was identified in the group of the old bred varieties only in the variety Hodonínský Kvas (1937), while this profile was not detected in the group of the landraces. Hordein diversity of the landraces and old bred barley varieties versus the modern varieties is significantly lower. However, their mutual difference is comparable (Set I – $H=0,859$; Set II – $H=0,880$). The most frequent hordein profile in the landraces (Set I) was the arrangement of the alleles *Hrd-A12*; *Hrd-B1*; *Hrd-F3* occurring in 10 varieties (71.4%). This pattern does not occur in the modern varieties, however, it is frequently present in the old bred varieties (Set II.) with the most frequent pattern in this set being hordein profile *Hrd-A2*; *Hrd-B19*; *Hrd-F1* (76.9%).

Considering the fact that at the beginning of Czech breeding, new varieties were formed often by selection from local populations within certain regions, later by mutual crossing of these varieties, a frequent existence of genetically similar varieties can be assumed. Table 1 shows that in Set I, only the variety Kaštický (1932) has the specific

vá spektra odrůdy Rubín (1982), Mars (1983), Kredit (1984), Terno (1991), Amulet (1995), Lumar (1995), Olbram (1996), Maridol (1999), Respekt (2003) a Petrus (2013), což představuje pouze 23,3 %.

4 ZÁVĚR

S využitím bílkovinných markerů (hordeinů) byla prokázána výrazná genetická podobnost mezi krajovými a starými odrůdami jarního ječmene. Hordeinová variabilita moderních odrůd jarního ječmene byla zcela odlišná od variability krajových a starých šlechtěných odrůd. To se ukázalo, jak u frekvence zjištěných hordeinových alel, tak u vnitroodrůdového a meziodrůdového polymorfismu hordeinů. Na základě zjištěných hordeinových linií byly staré odrůdy ječmene charakterizovány větší vnitroodrůdovou variabilitou ve srovnání s novými odrůdami. Staré odrůdy mohou být využity jako genetické zdroje netradičních alel ve šlechtění. Naše studie ukazuje, že hordeiny mohou poskytnout jednoduchý a rychlý nástroj k detekci genetické variability, genetické homogenity či heterogenity využitelný ve šlechtitelských programech i v celé obilné vertikále zabývající se ječmenem.

PODĚKOVÁNÍ

Předložená studie byla financována z institucionální podpory Ministerstva zemědělství ČR (RO 0417) a projektu Národní agentury pro zemědělský výzkum QJ1310091.

LITERATURA / REFERENCES

Baloch, A. W., Ali, M., Baloch, A. M., Mangan, B., Song, W., 2014: Genetic diversity and structure analysis based on hordein protein Polymorphism in barley landrace populations from Jordan. *Pak. J. Bot.*, 46(4): 1397–1402.

Bleiderer, M., Grunte, I., 2009: Hordein Diversity in Spring Barley Genotypes Related to Crude Protein Content. *LLU Raksti*, 22 (317): 89–99.

von Bothmer, R., van Hintum, T., Knüpfner, H., Sato, K., 2003: Diversity in Barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier, Amsterdam. ISBN 9780444505859

Bradová, J., Sýkorová, S., 2006: Optimalisation of methods of protein electrophoresis for barley variety identification (*Hordeum vulgare* L.). Crop Research Institute, Prague (in Czech). ISBN 80-86555-97-6

Bradová, J., Sýkorová, S., Šašek, A., Černý, J., 2001: Identification of common barley varieties by parallel electrophoresis of hordeins and esterases. *Rostl. Výroba*, 47 (4): 167–173.

Černý, J., Šašek, A., Langer, I., Bradová, J., Pařízek, P., Vejtl, P., Vopršal, J., 1999: Markering of some barley traits by means of hordein signalgenes. *Sci. Agric. Bohem.*, 30 (3): 185–207.

Dimova, D., Mihova, G., Vulcheva, D., Vulchev, D., Ivanova, I., 2010: Using Polymorphism Of Grain Storage Proteins For Identification Of Feed Barley Varieties. *Bulg. J. Agric. Sci.*, 16 (4): 436–442.

Dotlačil, L., Hermuth, J., Stehno, Z., 2011: Uchování a využívání genetických zdrojů rostlin a agro-biodiversity v kontextu klimatických změn. Vědecká příloha časopisu Úroda: Příspěvky z konference ve dnech 20. - 21. 10. 2011 v Lednici pořádané Českou vědeckou zahradnickou společností a Zahradnickou fakultou Mendelovy univerzity v Brně.

Echart-Almeida, C., Cavalli-Molina, S., 2000: Hordein variation in Brazilian barley varieties (*Hordeum vulgare* L.) and wild barley (*H. euclaston* Steud. and *H. stenostachys* Godr.). *Genet. Mol. Biol.*, 23(2): 425–433.

Fernández, M. E., Figueiras, A. M., Benito, C., 2002: The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. *Theor. Appl. Genet.*, 104 (5): 845–851, DOI 10.1007/s00122-001-0848-2

Lyalina, E. V., Boldyrev, S.V., Pomortsev, A. A., 2016: Current state of the genetic polymorphism in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) from Russia assessed by the alleles of hordein-coding loci. *Russ. J. Genet.*, 52 (6): 565–577. doi:10.1134/S1022795416060077

Mlčochová, L., Psota, V., 2008: Molekulární analýza a sladovnická jakost odrůd jarního ječmene (*Hordeum vulgare* L.) Valtický a Diamant. *Kvasný Prum.*, 54 (1): 6–13.

hordein profile *Hrd-A10; Hrd-B8; Hrd-F2* and can be thus reliably distinguished from the other varieties. In the set of the modern varieties, the unique specific hordein pattern are exhibited by the varieties Rubín (1982), Mars (1983), Kredit (1984), Terno (1991), Amulet (1995), Lumar (1995), Olbram (1996), Maridol (1999), Respekt (2003), and Petrus (2013), which represents only 23.3%.

4 CONCLUSIONS

Using the protein markers (hordeins), strong genetic similarity between the landraces and old varieties of spring barley was confirmed. Hordein variability of the spring barley modern varieties was completely different from that of landraces and old bred varieties. This was confirmed both in the frequency of the detected hordein alleles and intra-varietal and inter-varietal polymorphisms of hordeins. Based on the hordein lines found, the old barley varieties were characterized by a higher intra-varietal variability compared to the new ones. The old varieties can be used as genetic resources of non-traditional alleles in breeding. Our study suggests that hordeins can provide a simple and fast tool for the detection of genetic variability, genetic homogeneity or heterogeneity usable in the breeding programs and entire cereal vertical dealing with barley.

ACKNOWLEDGEMENTS

The submitted study was funded from the institutional support of the Ministry of Agriculture CR (RO 0417) and project of the National Agency for Agricultural Research QJ1310091.

Translated by Vladimíra Nováková

Nei, M., 1973: Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, 70: 3321–3323.

Ovesná, J., Kučera, L., Poláková, K., Vaculová, K., Mílová, J., 2004: Assessment of Diversity of Czech Barley Cultivars as Revealed by PCR Markers, SSR, AFLP and DNA Assays. 9-th International Barley Genetics Symposium, Brno: Agricultural Research Institute Kromeriz, p. 39–48.

Parzies, H. K., Spoor, W., Ennos, R. A., 2000: Genetic diversity of barley landrace accessions (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) conserved for different lengths of time in ex situ gene banks. *Heredity*, 84 (4): 476–486; doi:10.1046/j.1365-2540.2000.00705.x

Pomortsev, A. A., Kalabushkin, B. A., Lyalina, E. V., 2001: Distribution of the Allelic Variants of Three Hordein-Coding Loci of Spring Barley in Russia. *Russ. J. Genet.*, 37 (11): 1279–1285.

Pomortsev A. A., Lyalina E. V., 2007: Polymorphism of the cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) of South Arabia at hordein-coding loci. *Russ. J. Genet.*, 43(5): 660–667.

Pomortsev, A. A., Martynov, S. P., Lyalina, E. V., 2012: Polymorphism of HordeinCoding Loci in Barley (*Hordeum vulgare* L.) Populations from the Countries of Eastern Asia (China, Nepal, Pakistan, India) *Russ. J. Genet.*, 48(8): 792–807.

Psota, V., Bradová, J., 2009: Historical varieties of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) and their use as genetic resources of malting quality. *Agriculture (Polnohospodárstvo)*, 55 (1): 1–13.

Psota, V., Hartmann, J., Sejkorová, Š., Loučková, T., Vejražka, K., 2009: 50 Years of Progress in Quality of Malting Barley Grown in the Czech Republic. *J. Inst. Brew.*, 115 (4): 279–291.

Radovic, D., Vapa, L., 1996: Hordein composition of Yugoslav barley cultivars. *Cereal Res. Commun.*, 24(3): 331–337.

Šašek, A., Černý, J., Necvetajev, V. P., Bradová, J., 1990: A catalogue of electroforetic hordein spectra of Czechoslovak certified spring barley varieties. *Sci. Agric. Bohemoslov.*, 22 (1): 1–10.

Tomka, M., Chňápek, M., Gálová, Z., Urmínská, D., 2015: The differences between the old and new barley varieties on the basis of hordein polymorphism with respect to qualitative parameters. *J. Microbiol. Biotech. Food Sci.*, 4 (special issue 2): 108–110.

Vyhnaněk, T., Bednář, J., Helánová, S., Nedomová, L., Mílová, J., 2003: Use of Prolamin Polymorphism to Describe Genetic Variation in a Collection of Barley Genetic Resources. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 39 (2): 45–50.

Yin, Y. Q., Ma, D. Q., Ding, Y., 2003: Analysis of genetic diversity of hordein in wild close relative of barley from Tibet. *Theor. Appl. Genet.*, 107 (5): 837–842.