

VARIJABILNOST AGRONOMSKIH OSOBINA I KVALITETA ZRNA OZIMOG GOLOZRNOG JEČMA IZ EVROPSKE KOLEKCIJE

Ljiljana Brbaklić^{1*}, Vesna Župunski¹, Radivoje Jevtić¹, Nada Grahovac¹, Sanja Mikić¹, Predrag Matić², Jasna Savić², Andreas Boerner³, Matthias Herrmann⁴

Izvod

Golozrni ječam (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) predstavlja manje gajeni varijetet sa velikim potencijalom za ishranu ljudi zahvaljujući visokoj hranljivoj vrednosti i povoljnom uticaju na zdravlje. Ovaj potencijal bio je osnova za istraživanje u okviru projekta CROPDIVA programa Horizont Evropa. Ispitane su ključne agronomске, morfološke i osobine kvaliteta zrna, genotipova ozimog golozrnog ječma radi procene njihove vrednosti za poljoprivredu i prehrambenu industriju. Korišćena su 72 genotipa poreklom iz banke gena IPK Gatersleben (Nemačka) i dve kontrolne sorte. Ogled je postavljen 2023/24 i 2024/25 na lokalitetu Rimski šančevi, u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu, primenom proširenog blok dizajna. Ispitivane su biomasa, masa hiljadu zrna, žetveni indeks, boja zrna, udeo golih zrna, hektolitarska masa i sadržaj proteina. Višeredi tip klasa imalo je 67 genotipova, dok je sedam bilo dvoredih. Dvoredi genotipovi ostvarili su statistički značajno veću biomasu (2.445 g m^{-2}) i masu hiljadu zrna (49,1 g) nego šestoredi (1.614 g m^{-2} ; 30,0 g). Nasuprot tome, prosečna hektolitarska masa ($84,6 \text{ kg hL}^{-1}$) i sadržaj proteina (12,3%) kod šestoredih formi bile su veće u odnosu na dvorede ($79,2 \text{ kg hL}^{-1}$; 10,3%). Korelacionom analizom je utvrđena pozitivna korelacija između biomase i mase hiljadu zrna (0,56). Između mase hiljadu zrna i hektolitarske mase utvrđena je umereno negativna korelacija (-0,47). Većina genotipova imala je beli aleuronski sloj, dok je oko 30% bilo drugih boja (svetloplave, tamnoplave, ljubičaste, crne), ukazujući na varijabilnost ove osobine. Razlike u žetvenom indeksu između dvoredih i višeredih tipova nisu bile statistički značajne. Samo sedam genotipova imalo je niži udeo golih zrna (60–79%), potvrđujući adekvatan izbor materijala. Analiza glavnih komponenti objasnila je 63,3% ukupne fenotipske varijabilnosti i utvrdila slabu zavisnost između sadržaja proteina i ostalih komponenti prinosa. Ovi rezultati potvrđuju da evropska kolekcija golozrnog ječma predstavlja vredan genetički resurs za oplemenjivanje i razvoj novih sorti namenjenih ishrani ljudi.

Ključne reči: *Hordeum vulgare* L. var. *nudum*, morfološke osobine, sadržaj proteina, CROPDIVA, varijabilnost, genetički resursi

Brbaklić Lj (0000-0001-9570-266X), Župunski V (0000-0002-8732-5670), Jevtić R (0000-0001-8069-0862), Grahovac N (0000-0002-6635-3568), Mikić S (0000-0002-4215-453X), Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad, Maksima Gorkog 30, 21000 Novi Sad, Srbija

²Savić J (0000-0002-1752-7234), Matić P, Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu, Nemanjina 6, 11080, Beograd - Zemun, Srbija

³Börner A (0000-0003-3301-9026), Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 06466 Seeland, OT Gatersleben, Germany

⁴Herrmann M (0000-0003-1760-6167), Julius Kühn-Institut, Erwin-Baur-Str. 27 06484 Quedlinburg, Germany

*e-mail: ljiljana.brbaklic@ifvcns.ns.ac.rs;

Uvod

Ječam (*Hordeum vulgare* L.) se po proizvodnji žitarica u svetu nalazi na četvrtom mestu (FAO, 2023) odmah iza pšenice, kukuruza i pirinča. Iako je istorijski imao značajnu ulogu u ishrani ljudi, tokom poslednja dva veka njegova upotreba bila je uglavnom usmerena ka stočnoj ishrani i industriji slada (Baik and Ulrich, 2008). Međutim, u poslednjim decenijama, u savremenim uslovima proizvodnje, interesovanje za ječam kao prehrambene namirnice ponovo raste zahvaljujući visokom sadržaju proteina, β -glukana i drugih bioaktivnih jedinjenja (Meints et al., 2016; Dickin et al., 2023). Za ljudsku ishranu posebno je značajan golozrni ječam (*Hordeum vulgare* var. *nudum*), kod koga se plevica lako odvaja od zrna, čime se smanjuje potreba za dodatnim tehnološkim procesima. Golozrni ječam se pojavio pre više od 8.000 godina kao rezultat jedne mutacije na *nud* lokusu dugog kraka hromozoma 7H (Swanston et al., 2011; Lister and Jones, 2012). Lako odvajanje plevice od zrna (kariopsisa) čini golozrni ječam perspektivnom i jednostavnijom sirovinom za ljudsku upotrebu u odnosu na plevičaste forme i predstavlja ključni selekcionni kriterijum u oplemenjivačkim programima (Meints and Hayes, 2019). Takođe, pored svojstva golozrnosti, prisustvo antioksidanasa i manji glikemijski indeks smanjuje rizik od razvoja brojnih hroničnih bolesti (Baik, 2014; Kumar et al., 2018). Uprkos brojnim prednostima, golozrni ječam je slabo zastupljen u proizvodnji, sa manje od 2% od ukupnih površina pod ječmom u Evropi (Dickin et al., 2023). U Srbiji se golozrni ječam gaji na znatno manjim površinama, što ovu kulturu svrstava u manje gajene vrste žitarica (Brbaklić i sar., 2024). Iako golozrni ječam pokazuje brojne

prednosti i ima veliki neiskorišćen potencijal za ljudsku ishranu, trenutno je na tržištu Evrope, kao i u Srbiji, registrovan mali broj sorti. Ograničena zastupljenost golozrnog ječma dovodi do suženja njegovog genetičkog diverziteta u poljoprivrednoj proizvodnji, a samim tim do stvaranja genetskog uskog grla, što smanjuje mogućnost za dalji napredak u selekciji ovog tipa ječma (Pasam et al., 2014). Stvaranje genotipova kod kojih se plevica u potpunosti odvaja od zrna je ključno za postizanje komercijalne vrednosti ove žitarice i predstavlja dodatni izazov za njegovo šire uvođenje u proizvodnju. Banke gena širom sveta čuvaju brojne uzorke ječma, koje predstavljaju nedovoljno iskorišćen, vredan izvor genetičke varijabilnosti za savremene oplemenjivačke programe. Jedna od najbogatijih evropskih banaka gena je IPK Gatersleben u Nemačkoj (Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung) (<https://bridge.ipk-gatersleben.de/#start>), koja sadrži više od 22.000 uzoraka ječma. Iskorišćavanje genetičkih resursa iz kolekcija banaka gena predstavlja dobru osnovu za obnavljanje i proširenje genetičke osnove oplemenjivačkog materijala (Muhe and Assefa, 2011). S obzirom na to da varijabilnost agronomskih i tehnoloških osobina ovih genotipova u agroekološkim uslovima Srbije do sada nije sistematski ispitivana, cilj ovog rada bio je da se ispita njihova varijabilnost kako bi se identifikovali roditelji za ukrštanje u programima oplemenjivanja i omogućio razvoj novih sorti radi povećanja upotrebe golozrnog ječma u ljudskoj ishrani kao važnog izvora korisnih nutrijenata.

Materijal i metode

U istraživanju je korišćeno 72 genotipa ozimog golozrnog ječma poreklom iz IPK banke gena iz Gaterslebena u Nemačkoj i dve kontrolne komercijalne sorte poreklom iz evropskih oplemenjivačkih centara. Ogled je postavljen primenom proširenog blok dizajna (engl.

augmented design) sa 10 blokova, pri čemu su se u svakom bloku nalazile dve sorte standardi. Ogled se sastojao od ukupno 92 parcelice površine 1 m². Ovaj dizajn omogućava ispitivanje većeg broja genotipova uz utrošak manje količine semena, a sorte standardi (kontrolne

sorte) služe za korekciju varijabilnosti između blokova. Setva je obavljena 2. novembra 2023. i 25. oktobra 2024., na lokalitetu Rimski šančevi (N 45°19', E 19°50') Instituta za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. Setvena norma iznosila je 300 klijavih zrna po m². Od ukupnog broja genotipova, 67 pripadaju višeredom tipu klasa, dok 7 genotipova ima dvoredi tip klasa.

Tokom vegetacione sezone primenjene su standardne agrotehničke mere. U proleće usev je prihranjen sa 30-40 kg N po ha. Zaštita useva od žitne pijavice (*Oulema melanopus*) rađena je gama-cihalotrinom (60 g/l) koji predstavlja piretroid sa kontaktnim delovanjem. Primena fungicida obavljena je u fazi lista zastavičara (T2) kombinacijom dve aktivne materije ben-zovindiflupira i protiokonazola. Uklanjanje korova vršeno je ručno. Žetva je obavljena ručno, sukcesivno od 28. maja 2024. godine i od 7. juna 2025. godine u zavisnosti od vremena sazrevanja svakog pojedinačnog genotipa. Meren je

prinos ukupne biomase (BM) svake parcelice. Nakon žetve uzorak sa svake parcelice korišćen je za merenje sledećih osobina: hektolitarska masa (HM), žetveni indeks (ŽI), masa hiljadu zrna (MHZ), boja aleuronskog sloja zrna (BZ), udeo golozrnih zrna (GZ) i sadržaj proteina (PR). Sadržaj proteina u semenu određen je metodom sagorevanja prema DUMAS postupku (AOAC 992.23, 1998). Udeo golozrnih zrna (GZ) je ocenjen vizuelno korišćenjem skale od 0 do 4 (Sl. 1), prema protokolu Lengzdina and Mezaka (2008). Boja aleuronskog sloja zrna utvrđena je prema UPOV deskriptorima (UPOV, 2018). Deskriptivna statistička analiza, Pirsonova korelaciona analiza i PCA analiza ispitivanih osobina je urađena u programu R Core Team, 2025 (verzija 4.5.2). Podaci su analizirani korišćenjem BLUEs vrednosti (Best Linear Unbiased Estimators) u cilju korekcije uticaja blokova u kojima su se nalazili stand-



Slika 1. Varijabilnost u udelu golih zrna kod ječma ocenjivan prema skali od 0 do 4. Ocena 0 – prisustvo 0-19% golih zrna; 1 – 20-39% golih zrna; 2 – 40-59% golih zrna; 3 – 60-79 % golih zrna; 4 – 80-100% golih zrna

Picture 1. Variability in the share of hulless grains in barley according to a scale from 0 to 4

Rezultati i diskusija

Deskriptivnom statističkom analizom utvrđena je značajna fenotipska varijabilnost ispitivanih osobina golozrnog ječma (Tabela 1). Najveći koeficijenti varijacije (CV) zabeleženi su za biomasu (27,8%) i masu hiljadu zrna (27,5%) što ukazuje na visok stepen fenotip-

skog diverziteta ispitivanih genotipova. Nasuprot tome, hektolitarska masa pokazala je znatno manju varijabilnost (4,2%) potvrđujući stabilnost ove osobine u datim uslovima sredine.

Tabela 1. Deskriptivna statistika za ispitivane fenotipske osobine tokom dve ispitivane godine

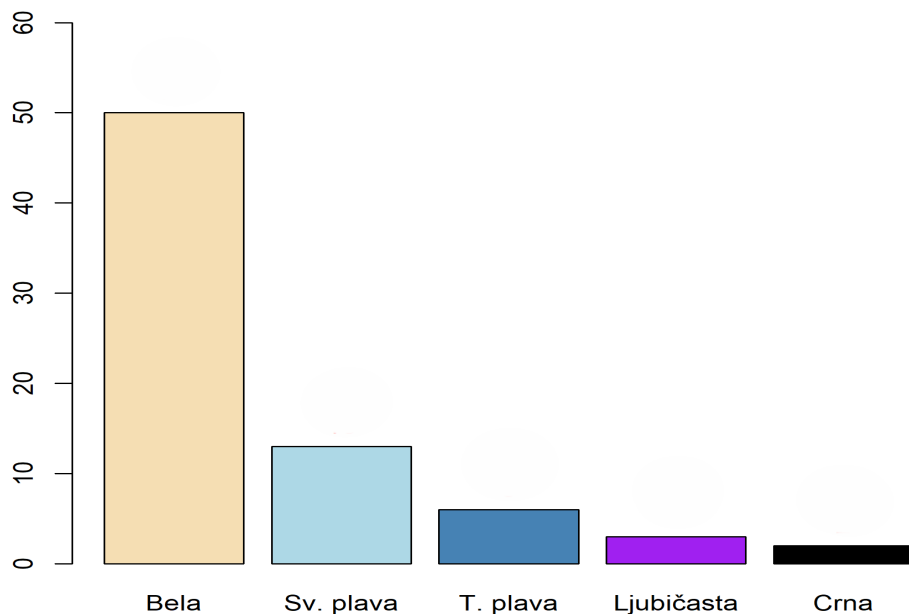
Table 1. Descriptive statistics for analyzed phenotypic traits during two growing seasons

Osobina	Min	Max	Prosek	SD	CV
BM	770	3.175,0	1.848,9	513,9	27,8
MHZ	22,6	56,1	35,4	9,7	27,5
ŽI	0,3	0,6	0,4	0,8	17,7
HM	75,4	88,6	83,1	3,5	4,2
PR	7,6	16,1	11,7	1,9	16,1

BM – biomasa (g m^{-2}); MHZ – masa hiljadu zrna (g); ŽI – žetveni indeks; HM – hektolitarska masa (kg hL^{-1}); PR – sadržaj proteina (%)

Najveći broj ispitivanih genotipova je imao belu boju aleuronskog sloja (50 genotipova), dok su svetloplava (11 genotipova), tamnoplava (6 genotipova), ljubičasta (3 genotipova) i crna boja (2 genotipova) bile zastupljene kod preostalih 30% ispitivanih genotipova, ukazujući na postojanje raznovrsnosti i u pogledu ove kvalitativne osobine (Grafikon 1). Kod ječma, fenolna jedinjenja, pre svega antocijanini i flavonoidi, koji predstavljaju sekundarne metabolite se sintetišu i akumuliraju u plevici zrna i drugim tkivima, što dovodi do pojave

različitih boja u zavisnosti od prisustva dominantnog pigmenta. Plava boja je determinisana od strane spektra pigmenata antocijana koji se sintetišu u aleuronskim ćelijama i nalaze se pod kontrolom 5 komplementarnih *Blx* (*Blue aleurone xenia*) lokusa. Prisustvo pigmenata u aleuronskom sloju zrna, naročito antocijana zbog njihovih antioksidativnih svojstava, može značajno povećati upotrebnu vrednost goloznog ječma u ljudskoj ishrani posebno u razvoju funkcionalne hrane (Kaur et al., 2023).



Grafikon 1. Frekvencija genotipova različite boje aleuronskog sloja utvrđena prema UPOV deskriptorima

Figure 1. Frequency of genotypes with different colour of the aleurone layer determined according to UPOV descriptors

Tabela 2. Deskriptivna statistika ispitivanih osobina kod dvoredog (2R) i šestoredog (6R) tipa klasa tokom dve ispitivane godine

Table 2. Descriptive statistics of the analyzed traits in two-rowed (2R) and six-rowed (6R) hull-less barley during two growing seasons

Osobine	BM		MHZ		ŽI		HM		PR	
Tip klasa	2R	6R	2R	6R	2R	6R	2R	6R	2R	6R
Min	1,425	770	34,3	22,7	0,2	0,3	75,4	77,1	7,6	9,3
Max	3,175	2,500	56,1	39,5	0,6	0,5	88,6	88,2	16,1	16,0
Prosek	2,445	1,614	49,1	30,0	0,4	0,4	79,2	84,6	10,3	12,3
CV	16,4	20,5	12,8	12,3	25,7	11,1	4,6	2,1	22,1	11,2
Nivo značajnosti	**	**	**	**	ns	ns	**	**	**	**

BM – biomasa (g m⁻²); MHZ – masa hiljadu zrna (g); ŽI – žetveni indeks; HM – hektolitarska masa (kg hL⁻¹); PR – sadržaj proteina (%); 2R – dvoredi; 6R – šestoredi tip klasa; CV – koeficijent varijacije; ** nivo značajnosti od 0,01 utvrđena između različitih tipova klasa; ns – bez statističke značajnosti.

Takođe, dvoredi ječmova formirali su krupnije zrno, sa prosečnom masom hiljadu zrna od 49,1 g, dok je kod šestoredih ječmova ova vrednost iznosila svega 30,0 g. Rezultati u radu Singh et al. (2024) su bili u saglasnosti sa našim rezultatima ukazujući na veću MHZ zabeleženu kod dvoredog tipa ječma sa prosečnom vrednošću od 42,3 g. Ova osobina se ističe kao jedna od važnih determinanti prinosa zrna (Lodhi et al., 2015). Sa druge strane, šestoredi genotipovi su imali značajno veću hektolitarsku masu (84,6 kg hL⁻¹) u poređenju sa dvoredim genotipovima (79,2 kg hL⁻¹). Rezultati u radu Choo et al. (2001) su pokazali veću hektolitarsku masu kod dvoredih formi što je u suprotnosti sa našim rezultatima, a mogao bi da se objasni ispitivanjem manjeg broja dvoredih formi. Takođe, kod šestoredih ječmova uočen je veći sadržaj proteina koji utiče na veću gustinu

endosperma i samim tim na veću hektolitarsku masu u odnosu na krupnija zrna dvoredih genotipova. Koeficijent varijacije za sadržaj proteina je bio veći kod dvoredih (22,1%) u odnosu na šestorede ječmove (11,2%), dok su srednje vrednosti sadržaja proteina bile statistički značajno niže kod dvoredih (10,3%) u odnosu na šestorede ječmove (12,3%). Ovi rezultati bili su u saglasnosti sa rezultatima u radu Dodig i sar. (2007). Razlike u vrednostima žetvenog indeksa između ova dva tipa klasa nisu bile statistički značajne.

Samo sedam genotipova je pokazalo veći stepen zadržavanja plevice nakon žetve i mehaničkog čišćenja, odnosno imali su između 60-79% golih zrna, što potvrđuje dobar odabir golozrnih sorti za ovo istraživanje. Skala od 0 do 4 je izražena preko procentualnog udela golih zrna (Tabela 3).

Tabela 3. Usporedni prikaz skale 0-4 sa procentualnim udjelom prisustva golih zrna i brojem detektovanih genotipova

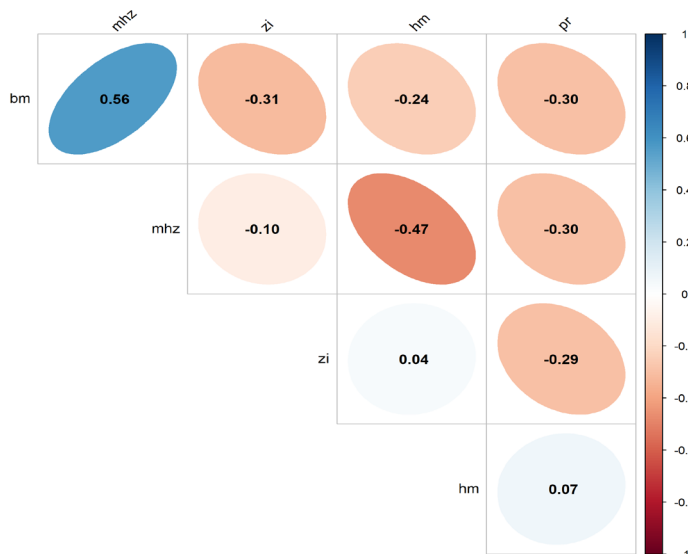
Table 3. Comparative view of the scale 0-4 with the percentage of the presence of hull-less grains and the number of detected genotypes

Skala	Procenat golih zrna	Broj detektovanih genotipova
0	0-19	0
1	20-39	0
2	40-59	0
3	60-79	7
4	80-100	65

Primena vizuelne skale prema Lengzdina and Mezaka (2008) omogućila je brzu i pouzdanu diferencijaciju genotipova, što je od velike važnosti u ranim fazama selekcije u oplemenjivačkim programima golozrnog ječma. Dodig i sar. (2007) navode da dobre sorte golozrnog ječma treba da imaju preko 95% golih zrna u masi, odnosno minimalno prisustvo zrna sa plevicom. Svi ispitivani dvoredi genotipovi predstavljaju jednu od najvažnijih karakteristika za povećanje upotrebe golozrnog ječma kao prehrambene namirnice, čime se sprečava dodatno tehnološko procesuiranje zrna putem

povi imali su udeo od 100% golih zrna (skala 4). Ukupno 65 genotipova imalo je procenat golih zrna između 95 i 100% (skala 4). Sličan visok stepen golozrnosti (90-95%) kod ozimih dvoredih i šestoredih golozrnih ječmova utvrdili su i Dodig i sar. (2007). S obzirom da je ova osobina visoko heritabilna, sama fenotipska ocena i selekcija se može pouzdano koristiti za poboljšanje ove osobine (Rossnagel, 2000). uklanjanja plevica (Massman et al., 2022).

Pirsonovi koeficijenti korelacije između ispitivanih osobina prikazani su putem korelacione toplotne mape (Grafikon 2).



Grafikon 2. Pirsonov koeficijent korelacije između ispitivanih osobina tokom dve ispitivane godine prikazan toplotnom mapom, bm – biomasa, mhz – masa hiljadu zrna, zi – žetveni indeks, hm – hektolitarska masa, pr – sadržaj proteina

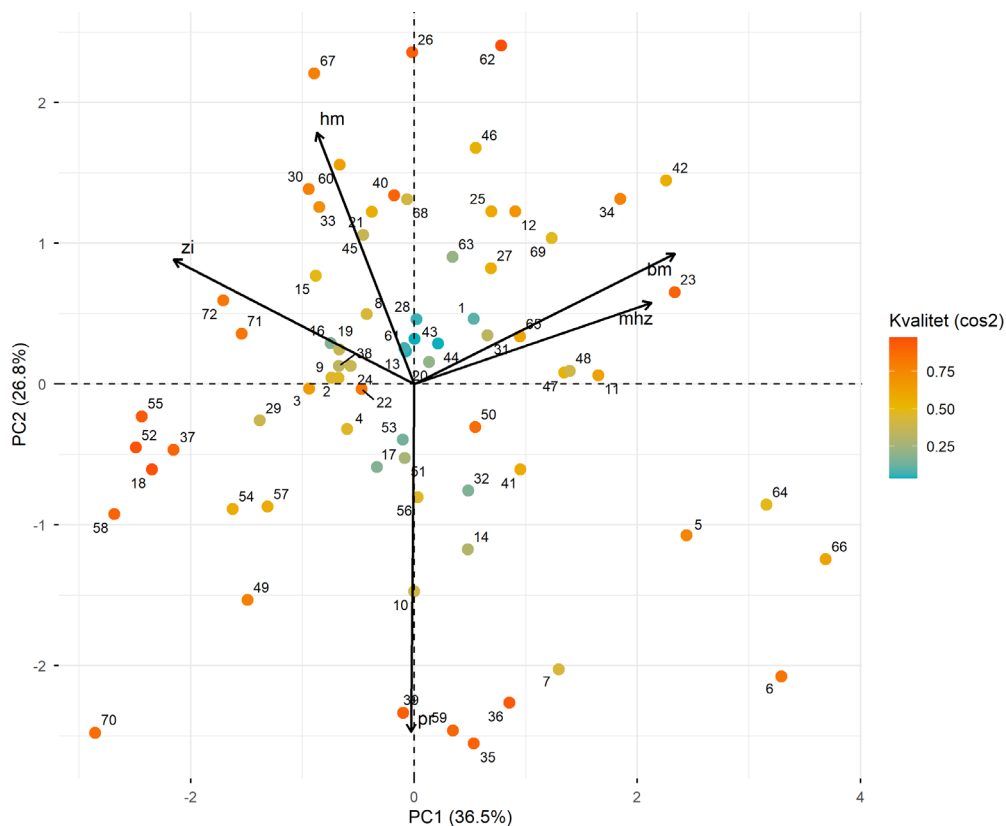
Figure 2. Heatmap of Pearson coefficient of correlation between investigated traits during 2 growing seasons

Najizraženija pozitivna korelacija utvrđena je između biomase (BM) i mase hiljadu zrna (MHZ) (0,56). Sadržaj proteina (PR) bio je u negativnoj korelaciji sa žetvenim indeksom (-0,29), masom hiljadu zrna (-0,30) i biomasom (-0,30), dok je slaba pozitivna veza utvrđena sa hektolitarskom masom (0,07). Negativna korelacija utvrđena je između MHZ i HM (-0,47) što ukazuje na potrebu pažljive selekcije mase zrna sa jedne strane, kao jedne od komponenti prinosa i kriterijuma važnih tokom procesa oplemenjivanja i postizanja zadovoljavajućeg parametra tehnološkog kvaliteta golozrnog ječma.

Analizom glavnih komponenti redukovana je veliki broj međuzavisnih originalnih promenljivih na jasniji dvodimenzionalni prikaz prve dve glavne komponente koje su međusobno nezavisne (ortogonalne). Na ovaj način se omogućava jasnije sagledavanje složenih veza između varijabli i genotipova, zadržavajući pritom najveći deo informacija o ukupnoj varijabilnosti pri čemu je utvrđena međusobna povezanost ispitivanih osobina ječma (Grafikon 3). Prve dve glavne komponente objasnile su 63,3% ukupne fenotipske varijabilnosti ispitivanih genotipova. Prva osa (PC1) u najvećoj meri definisana je sa BM, MHZ i ŽI, pri čemu su BM i MHZ pozitivno korelisane sa prvom osom kao i međusobno. ŽI je u negativnoj korelaciji sa prvom osom kao i sa BM i MHZ. Druga (PC2) osa je definisana sadržajem proteina i hektolitarskom masom, pri čemu su ove dve osobine negativno korelisane. Boja tačaka genotipova na Grafikonu 3 ukazuje na kvalitet prikaza ($\cos^2$) svakog pojedinačnog genotipa u ravni prve dve glavne komponente. Genotipovi označeni većim vrednostima $\cos^2$ (crvene boje) imaju visok stepen reprezentativnosti, odnosno njihova varijabilnost je u velikoj meri objašnjena kroz PC1 i PC2. Nasuprot tome, genotipovi sa nižim vrednostima $\cos^2$ (plave boje) imaju niži kvalitet prikaza, sugerišući da je njihova varijansa samo u maloj meri zastu-

pljena u prve dve glavne komponente. Pored toga, genotipovi pozicionirani u smeru vektora određene osobine, naročito oni koji su više udaljeni od koordinatnog početka, karakterišu se visokim vrednostima te osobine, dok genotipovi smešteni u smeru suprotnom od vektora ispoljavaju izrazito niske vrednosti posmatranog parametra. Genotipovi 70, 58, 52, 55 i 18 odlikovali su se visokim vrednostima žetvenog indeksa uz niske vrednosti biomase i mase hiljadu zrna, dok genotipovi označeni sa 66, 6, 64, 23, 34, 42 i 5 su nosioci visoke vrednosti BM i MHZ, a male vrednosti ŽI. Genotipovi u gornjem delu grafikona (62, 26, 67) imaju visok hektolitar, ali mali sadržaj proteina. Pozicija genotipova pod rednim brojevima 35, 59, 36, 39, 70, 6 i 7 svrstava ih u visokoproteinske genotipove sa malim vrednostima hektolitarske mase. Takođe, utvrđeno je da su genotipovi sa većim žetvenim indeksom imali manju biomasu, ali da ovaj negativan odnos nije nužno bio linearan. Od analiziranih genotipova, ističe se genotip 70 koji ima istovremeno visok žetveni indeks i sadržaj proteina, ali niže vrednosti BM i MHZ. Genotip 6, a u nešto manjoj meri genotipovi 66, 64 i 5, odlikuju se sa visokim vrednostima proteina, BM i MHZ uz istovremeno niske vrednosti ŽI i HM.

Ukupna biomasa, odnosno biološki prinos koji obuhvata zbir prinosa zrna i vegetativne mase predstavlja poželjnu karakteristiku kod žitarica. Biološki prinos ukazuje i na povećanu efikasnost fotosinteze biljaka (Akgun et al., 2023). Sličnu efikasnost PCA biplota u vizuelizaciji divergentnosti golozrnog ječma primenili su i Kumar et al. (2025), s tim da su utvrdili manji procenat fenotipske varijabilnosti 52,9% u odnosu na naše rezultate. Identifikovani genotipovi predstavljaju potencijalno vredan izvor alela za unapređenje prinosa i kvaliteta u oplemenjivačkim programima. Ovakva raspodela genotipova potvrđuje mogućnost paralelne selekcije za komponente prinosa i kvalitet zrna u okviru evropske kolekcije golozrnog ječma.



Legenda: bm – biomasa, mhz – masa hiljadu zrna, zi – žetveni indeks, hm – hektolitarska masa, pr – sadržaj proteina. Skala kvaliteta pojedinačnih podataka (cos 2) prikazana je od 0-1. Vrednosti bliže 1 obojene su crvenom bojom ukazujući na značajno veću pouzdanost prikaza na PC1 i PC2 skali.

Grafikon 3 - Analiza glavnih komponenti (PCA analiza) za sve ispitivane osobine tokom dve ispitivane godine
Figure 3 - Principal Component Analysis (PCA analysis) for all investigated traits during two growing seasons

Zaključak

Dobijeni rezultati su na osnovu koeficijenta varijacije potvrdili značajnu fenotipsku varijabilnost u evropskoj kolekciji golozrnog ječma, posebno u pogledu biomase i mase hiljadu zrna. Utvrđene su jasne morfološke razlike genotipova različitog tipa klasa, gde su dvoredi genotipovi pokazali superiornije vrednosti u produkciji biomase i krupnoći zrna, dok su šestoredi genotipovi imali veći sadržaj proteina i hektolitarsku masu. Unapređenje udela golozrnosti, povećanje sadržaja proteina kao i mase hiljadu zrna kod golozrnih varijeteta su važne karakteristike koje bi povećale zastupljenost

i proizvodnju ječma za ishranu ljudi i smanjila troškove za dodatno uklanjanje plevice. Izdvojeno je nekoliko genotipova sa visokim sadržajem proteina (35, 36, 59, 39, 70, 6 i 7), kao i genotipova nosioca visokog potencijala za produkciju biomase i krupnog zrna (66, 6, 64, 23, 34, 42 i 5), što ih čini idealnim roditeljima za dalja ukrštanja i stvaranje novih genotipova adaptiranih na agroekološke uslove Srbije. Dalja višelokacijska ispitivanja i uključivanje prinosa zrna omogućili bi precizniju procenu adaptabilnosti i proizvodnog potencijala izdvojenih genotipova. Ovi rezultati potvrđuju da

evropska kolekcija golozrnog ječma predstavlja vredan genetički resurs pogodan za primenu u oplemenjivačkim programima i unapređenju

sorti golozrnog ječma namenjenih ishrani ljudi.

Zahvalnica

Istraživanje je podržano od projekta CROP-DIVA - Climate resilient orphan crops for increased diversity in agriculture, the project funded from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement N°101000847, kao i od strane Ministarstva nauke, tehnološkog razvoja i inovacija Republike Srbije, evidencio-

ni broj Ugovora: 451-03-33/2026-03/200032. Ovo istraživanje doprinosi ostvarivanju Ciljeva održivog razvoja Ujedinjenih nacija: 2 (Svet bez gladi), 3 (Dobro zdravlje), 12 (Odgovorna upotreba resursa), 13 (Klimatska akcija), 15 (Život na zemlji) i 17 (Partnerstvo za održivi razvoj).

Doprinos autora

Konceptualizacija, Lj.B.; Metodologija, J.S., Lj.B.; Softver, Lj.B.; Priređivanje podataka, P.M.; Formalna analiza, N.G., P.M.; Istraživanje, P.M.; Resursi, A.B., M.H.; Upravljanje projektom, V.Ž., R.J.; Nadzor, Lj.B.;

Vizualizacija, S.M.; Validacija, J.S., R.J. i V.Ž.; Obezbeđivanje finansiranja, A.B., M.H., R.J.; Pisanje — originalna priprema nacрта rada, Lj.B.; Pisanje — pregled i uređivanje, S.M, J.S.

Literatura

- Akgun I, Gumus T, Sener A (2023): Determination of yield and some quality traits in hulled (*Hordeum vulgare* L.) and hull-less two-row barley (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook f.) genotypes. *Turk. J. Field Crops*, Vol 28 (2): 254-261. <https://doi.org/10.17557/tjfc.1242435>
- Association of Official Analytical Chemists (1998): Crude protein in cereal grains and oilseeds. Generic combustion method. AOAC Method 992.23-1992 (1998), AOAC International, Gaithersburg, Maryland, USA.
- Baik BK (2014): Processing of barley grain for food and feed barley. In Shewry PR, Ullrich SE (eds), *Barley: Chemistry and Technology*, 2nd Ed. Elsevier, Amsterdam, 233-268. <https://doi.org/10.1016/B978-1-891127-79-3.50010-X>
- Baik BK, Ullrich SE (2008): Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. *Journal of Cereal Science*, Vol 48 (2): 233-242. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2008.02.002>
- Brbaklić Lj, Dickin E, Börner A, Hermann M, Mikić S, Matić P, Jevtić R, Župunski V. (2024): Assessment of hullless winter barley in the Serbian climate. In: Book of abstracts, 7th Congress of the Serbian Genetic Society. 2–5 October, Zlatibor, Serbia, 195.
- Choo TM, Ho KM, Martin RA (2001): Genetic analysis of a hullless x covered cross of barley using doubled-haploid lines. *Crop Sci.* 41:1021-1026.
- Dickin E, Roberts A, Brbaklić Lj, Jevtić R, Vogelgsang S, Carmenati F, Hermann M, Boerner A (2023): Evaluation of naked (hullless) barley accessions for future breeding of healthy food barley for Europe. 1st CROPDIVA International Symposium "Agrobiodiversity along the value chain", 4 - 6 December 2023, Ghent, Belgium, 50.
- Dodig D, Stanković S, Jović M, Dimitrijević B, Branković G (2007): Agronomске osobine golozrnog ječma u poređenju sa pleličastim. *J. Sci. Agric. Research/Arh. Poljopr. Nauke* 68, 244 (2007/4): 21-29.
- FAO (2023) FAOSTAT: Crops and livestock

- products. Available in <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL> [Accessed on 18 March 2026].
- Kaur S, Tiwari V, Kumari A, Chaudhary E, Sharma A, Ali U, Garg M (2023): Protective and defensive role of anthocyanins under plant abiotic and biotic stresses: An emerging application in sustainable agriculture. *J. Biotechnol.* 361: 12-29. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2022.11.009>
- Kumar D, Narwal S, Kharub AS, Singh GP (2018): Scope of food barley research and development in India. *Wheat and Barley Research*, Vol 10 (8): 166-172. <https://doi.org/10.25174/2249-4065/2018/84878>
- Kumar Y, Chaurasia H, Kaushik D (2025): Genetic analysis of hulless barley genotypes for various quantitative traits. *International Journal of Plant & Soil Science*, Vol 37 (9): 269-283. <https://doi.org/10.9734/ijpss/2025/v37i95705>
- Legzdina L and Mezaka I (2008): Progress of the hulless barley breeding program. In: *Proc. 10th International Barley Genetics Symposium*, ICARDA. 5-10 April 2008, Alexandria, Egypt, 61-67.
- Lister DL and Jones MK (2012): Is naked barley an eastern or a western crop? The combined evidence of archaeobotany and genetics. *Vegetation History and Archaeobotany*, Vol 22 (5): 439-446. <https://doi.org/10.1007/s00334-012-0376-9>
- Lodhi R, Prasad LC, Madakemohekar AH, Bornare SS, Prasad R (2015): Study of genetic parameters for yield and yield contributing traits of elite genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Indian Research Journal of Genetics and Biotechnology*, Vol 7 (1): 17-21.
- Massman C, Meints B, Hernandez J, Kunze K, Smith KP, Sorrells ME, Hayes PM, Gutierrez L. (2022): Genomic prediction of threshability in naked barley. *Crop Science*, 63: 674-689. <https://doi.org/10.1002/csc2.20907>
- Meints B and Hayes PM (2019): Breeding naked barley for food, feed, and malt. *Plant Breeding Reviews*, 43: 95-119. <https://doi.org/10.1002/9781119616801.ch4>
- Meints B, Cuesta-Marcos A, Fisk S, Ross A, Hayes P (2016): Food barley quality improvement and germplasm utilization. *Exploration, Identification and Utilization of Barley Germplasm*, 41-73. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-802922-0.00003-0>
- Muhe K and Assefa A (2011): Diversity and agronomic potential of barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in variable production system, Ethiopia. *World Journal of Agricultural Sciences*, Vol 7 (5): 599-603.
- Pasam RK, Sharma R, Walther A, Ozkan H, Graner A, Kilian B (2014): Genetic diversity and population structure in a legacy collection of spring barley landraces adapted to a wide range of climates. *PLoS ONE* Vol 9 (12): e116164. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116164>
- R Core Team (2025): R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Rossnagel BG (2000): Hulless barley-western Canada's corn. In: *Proc. 8th International Barley Genetics Symposium*. 22-27 October, Adelaide, South Australia, 135-142.
- Singh J, Kumar S, Gangwar OP, Kumar D, Kumar L, Lal C, Verma A, Malik R, Kharub AS, Verma RPS, Singh GP (2024): Genetic evaluation of hulless barley (*Hordeum vulgare*) genotypes for morpho-physiological traits and stripe rust resistance. *The Indian Journal of Agricultural Sciences*, Vol 94 (2): 129-134. <https://doi.org/10.56093/ijas.v94i2.111208>
- Swanston JS, Middlefell-Williams JE, Forster BP, Thomas WTB (2011): Effects of grain and malt β -glucan on distilling quality in a population of hull-less barley. *Journal of the Institute of Brewing*, Vol 117 (3): 389-393. <https://doi.org/10.1002/j.2050-0416.2011.tb00484.x>
- UPOV (2018): Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability: Barley (*Hordeum vulgare* L.). Document TG/19/11. International Union for the Protection of New Varieties of Plants, Geneva, Switzerland.

VARIABILITY OF AGRONOMIC AND QUALITY TRAITS OF WINTER HULL-LESS BARLEY FROM THE EUROPEAN COLLECTION

Ljiljana Brbaklić, Vesna Župunski, Radivoje Jevtić, Nada Grahovac, Sanja Mikić, Predrag Matić, Jasna Savić, Andreas Boerner, Matthias Herrmann

Summary

Hull-less barley (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) is an underutilized form of barley that shows significant potential for broader use in human nutrition due to its exceptional nutritional value and beneficial health effects. This potential was the basis for research within the CROPDIVA project, funded by the Horizon Europe program. Despite its historical importance as a staple food, it currently occupies less than 2% of the total barley production area in Europe. The important agronomic, morphological and grain quality traits were investigated in order to determine their value for agriculture and the food industry. The study included 72 genotypes of winter hull-less barley obtained from the IPK genebank in Gatersleben (Germany), along with two control cultivars sown in 10 replications. The experiments were established during the 2023/24 and 2024/25 at the Rimski šančevi experimental station of the Institute of Field and Vegetable Crops in Novi Sad using an augmented block design. This research focused on assessing phenotypic variation of following characteristics: biomass, thousand grain weight, harvest index, grain color, threshability, test weight and grain protein content. Among the tested genotypes, 67 belong to the six-rowed (6R) type, and 7 genotypes are two-rowed (2R) types. After harvest, the protein content of the seeds was determined by the combustion method according to the DUMAS procedure (AOAC 992.23, 1998). Data analysis employed BLUEs (Best Linear Unbiased Estimators) to correct for spatial variation across the 10 blocks. Descriptive statistics revealed substantial phenotypic variability with the highest coefficients of variation (CV) observed for biomass (27.8%) and thousand-grain weight (27.5%). Conversely, hectoliter mass remained highly stable (CV = 4.2%). Two-rowed genotypes achieved a statistically significantly higher biomass (2,445 g m⁻²) and thousand grain weight (49.1 g) compared to six-rowed barley, where the biomass was 1,614 g m⁻², and thousand grain weight was 30.0 g. In contrast, the average values of hectoliter mass in six-rowed forms (84.6 kg hL⁻¹) and protein content (12.3%) were higher compared to two-rowed forms (79.2 kg hL⁻¹; 10.3%). Only seven genotypes showed a lower degree of threshability, with some seeds retaining hulls after mechanical dehulling. Aleurone layer analysis identified a predominance of white color, while light blue, dark blue, purple, and black pigments were less frequent. Correlation analysis showed that the most pronounced positive correlation was found between biomass and thousand grain weight (0.56). A moderate correlation was detected between TGW and hectoliter weight (-0.47). Principal component analysis (PCA) confirmed a high degree of phenotypic variability explaining 63.3% of the total phenotypic variability indicating mutual independence of traits related to protein content and yield components. These results confirm that the European collection of hull-less barley represents a valuable genetic resource suitable for use in breeding programs and improvement of cultivars intended for human consumption.

Key words: *Hordeum vulgare* L. var. *nudum*, protein content, CROPDIVA, morphological traits, human consumption

Primljen: 20.03.2026.
Prihvaćen: 15.05.2026.