

ROBERT WITKOWICZ, ELŻBIETA PISULEWSKA, AGNIESZKA KIDACKA,  
BARBARA MICKOWSKA

## SKŁAD AMINOKWASOWY ORAZ JAKOŚĆ BIAŁKA ZIARNA ŻÓLTO- I BRĄZOWOPLEWKOWYCH FORM OWSA SIEWNEGO (*AVENA SATIVA*)

### Streszczenie

Materiał doświadczalny stanowiło ziarno sześciu genotypów owsa siewnego (*Avena sativa*). Trzy z nich ('Gniady', 'CHD 2875', 'CHD 2833') to formy o brązowej plewce, a trzy pozostałe – o żółtej ('Bohun', 'Deresz', 'Cwał'). Oceniono wpływ genotypu, sezonu wegetacyjnego, ich interakcji oraz kontrastu ortogonalnego (forma brązowoplewkowa : forma żółtoplewkowa) na zawartość aminokwasów i jakość białka w obłuszczonej ziarnie owsa.

Wykazano istotne ( $p = 0,05$ ) różnicowanie zawartości poszczególnych aminokwasów w obłuszczonej ziarnie owsa w zależności od genotypu, sezonu wegetacyjnego, interakcji tych czynników oraz koloru plewki (brązowa, żółta). Bez względu na wzorzec białka MH (dorosłego człowieka) czy WE (jaja kurzego) aminokwasem limitującym jakość białka ziarna owsa była lizyna. Wartość wskaźnika aminokwasu ograniczającego (CS) w przypadku lizyny podlegała statystycznej zmianie przez wszystkie testowane czynniki, jak i wyznaczony kontrast. Wartości wskaźnika aminokwasu ograniczającego oraz wyniki zawartości poszczególnych aminokwasów wskazują na formę żółtoplewkową jako cenniejszą pod względem jakości białka. W analizie profilowej, wykorzystującej współczynnik podobieństwa Cohena, dowiedziono wysokiego podobieństwa większości profili aminokwasowych oznaczanych prób. Pewną odrębnością cechował się profil aminokwasowy ziarna rodu 'CHD 2875', dzięki czemu ta forma owsa może zainteresować hodowców, a w perspektywie producentów ziarna o dobrej jakości białka.

**Słowa kluczowe:** owies żółtoplewkowy, owies brązowoplewkowy, aminokwasy, jakość białka

---

*Dr hab. inż. R. Witkowicz, prof. dr hab. inż. E. Pisulewska, Zakład Szczegółowej Uprawy Roślin, Instytut Produkcji Roślinnej, Wydz. Rolniczo-Ekonomiczny, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków, dr inż. A. Kidacka, Małopolska Hodowla Roślin Sp. z o.o., Oddział w Krakowie, Zakład Hodowla-Produkcyjny Polanowice, 32-090 Słomniki, dr B. Mickowska, Katedra Technologii Gastronomicznej i Konsumpcji, Wydz. Technologii Żywności, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, ul. Balicka 122, 30-149 Kraków. Kontakt: rrwitkow@cyf-kr.edu.pl*

## Wprowadzenie

Jakość surowców roślinnych to efekt złożonego współdziałania właściwości siedliska oraz wartości somatycznej i genetycznej roślin. O ile możliwości czynnego kształtowania środowiska, szczególnie opadów i temperatury powietrza, są mocno ograniczone, o tyle wpływ pozostałych elementów można znacząco modyfikować poprzez dobór genotypu wykorzystywanego do produkcji surowca. Interakcja genotypowo - siedliskowa powinna być stale badana, bowiem obserwowana zmiana klimatu na terytorium Polski, objawiająca się wzrostem temperatury powietrza bez wyraźnie ukierunkowanych zmian opadowych, może skutkować zmianą jakości surowca [24, 27]. Zmienność składu może wynikać m.in. z zaburzeń w gromadzeniu w danych warunkach składników odżywczych, takich jak skrobia i białko. Genetycznie uwarunkowane cechy ziarna owsa to nie tylko obecność lub brak plewki, ale również jej barwa. W ostatnich latach pojawiły się formy o brązowej plewce, charakteryzujące się korzystnym udziałem składników odżywczych. Ciołek i wsp. [8] porównali zawartość skrobi, włókna, pentozanów,  $\beta$ -glukanów i fitynianów w ziarnie pięciu genotypów owsa (w tym trzech brązowoplewkowych) i wykazali pewne zróżnicowanie pomiędzy formami. Natomiast Biel i wsp. [6], oprócz podstawowego składu chemicznego i zawartości frakcji włókna, wykonali także analizy zawartości aminokwasów białkowych. Potwierdzili statystycznie istotne zróżnicowanie podstawowego składu chemicznego przy porównywalnej zawartości poszczególnych aminokwasów w białku ziarna obydwu form. Zmienność zawartości aminokwasów białkowych w ziarnie pszenicy w zależności od roku uprawy wykazali natomiast Kowieska i wsp. [16]. Skład aminokwasowy różnych form owsa jest stały i stabilny, ale istnieje potrzeba dalszej wnikliwej analizy tego składu po uwzględnieniu wpływu różnych czynników lub ich wzajemnych interakcji. Potrzeba takich badań jest wzmocniana twierdzeniami, że wśród zbóż owies jest gatunkiem wykazującym największą zmienność składu powodowaną zmiennymi warunkami siedliskowymi [1, 21].

Celem pracy było porównanie składu aminokwasowego białka ziarna genotypów żółto- i brązowoplewkowych owsa siewnego pochodzącego z różnych sezonów wegetacyjnych przy hipotezie badawczej zakładającej możliwość wpływu tych źródeł zmienności na profil aminokwasowy surowca.

## Material i metody badań

Material doświadczalny stanowiło ziarno sześciu genotypów owsa siewnego, wśród których znajdowały się cztery odmiany ('Bohun', 'Cwał', 'Deresz', 'Gniady') oraz dwa rody ('CHD 2875' i 'CHD 2833'). Odmiana 'Gniady' oraz obydwie rody są formami brązowoplewkowymi, a pozostałe odmiany są formami żółtoplewkowymi. Doświadczenie polowe prowadzono w Stacji Małopolskiej Hodowli Roślin w Polano-

wicach w latach 2008 - 2010. Materiał doświadczalny pochodził więc z trzyletniego, dwuczynnikowego eksperymentu polowego, w którym źródłami zmienności były genotyp i gęstość siewu.

Ziarno owsa ręcznie pozbawiano plewki, a następnie rozdrabniano w młynku laboratoryjnym Knifetek 1095 (TECATOR, Szwecja). W tak przygotowanym materiale oznaczano zawartość białka, zgodnie z procedurą AOAC, metodą nr 950.36 i jego skład aminokwasowy [3]. Próbki zmielonego materiału poddawano hydrolizie w fazie ciekłej (6 M HCl + 0,5 % fenol w temp. 110 °C przez 24 h), a następnie oznaczano udział poszczególnych aminokwasów metodą chromatografii jonowymiennej w analizatorze typu AAA 400, Ingos s.r.o. (Praga, Czechy). Podczas kwaśnej hydrolizy następuje konwersja asparaginy do kwasu asparaginowego oraz glutaminy do kwasu glutaminowego, stąd zawartość Asp = Asp + Asn, a Glu = Glu + Gln. Z powodów technicznych nie oznaczano zawartości aminokwasów siarkowych oraz tryptofanu, co można uznać za istotny brak w ocenie jakości, ale z danych literaturowych wynika, że żaden z tych aminokwasów nie limituje jakości białek roślin zbożowych [5, 20, 24]. Całkowitą zawartość aminokwasów egzogennych (EAA) podano w  $\text{g} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$  jako sumę oznaczonych zawartości poszczególnych aminokwasów. Na podstawie zawartości poszczególnych aminokwasów w białku wyznaczano wskaźnik aminokwasu ograniczającego (CS – *Chemical Score*) według dwóch standardów białka: dla człowieka dorosłego (MH – *mature human*) [11, 12] oraz jaja kurzego (WE – *whole egg*) [22]. Aminokwasem ograniczającym według obydwu wyżej wymienionych standardów okazała się lizyna, dlatego w tab. 2. zamieszczono tylko wartości  $\text{CS}_{(\text{Lys})}$ . Obliczenia wykonywano z równania:  $\text{CS} = \text{ab}/\text{as} \cdot 100$ , gdzie ab – zawartość aminokwasu egzogenego w badanym białku, as – zawartość tego samego aminokwasu w białku standardowym.

Wyniki opracowano statystycznie z wykorzystaniem procedury analizy wariancji w postaci syntezy układu losowanych bloków. Nie dysponowano powtórzeniami polowymi, ale był to eksperyment dwuczynnikowy, w którym jeden z czynników (gęstość siewu) nie różnicował statystycznie składu aminokwasowego. Brak statystycznego wpływu jednego z czynników pozwolił na określenie błędu eksperymentalnego na podstawie zmienności tego czynnika oraz jego wybranych interakcji [26]. Do oceny istotności różnic (najmniejszej istotnej różnicy) pomiędzy wartościami średnimi zastosowano test Tukeya.

Do porównania profili aminokwasowych poszczególnych genotypów zastosowano współczynnik podobieństwa  $r_c$ -Cohena (analiza interprofilowa). Przed przystąpieniem do analizy dokonano unitaryzacji danych wszystkich cech do wspólnej skali dziewięciostopniowej [7, 14].

## Wyniki i dyskusja

Wśród składników odżywczych białka są odpowiedzialne za wiele procesów w organizmie, a ich właściwości wynikają m.in. z budowy łańcuchów bocznych reszt aminokwasowych wchodzących w ich skład. Żywieniowa kwalifikacja aminokwasów pozwala przybliżyć jakość białka poprzez odrębną ocenę zawartości dwóch podstawowych grup aminokwasów: endo- i egzogennych. Wyniki przedstawione w tab. 1. i 2. wskazują na statystycznie istotne ( $p = 0,05$ ) zróżnicowanie jakości surowca ze względu na genotyp, jak i okres wegetacyjny. Zdecydowanie największą zawartością aminokwasów zarówno endo-, jak i egzogennych cechował się surowiec pochodzący z pierwszego sezonu (roku) prowadzenia doświadczenia. W roku tym otrzymano największy średni plon ziarna ( $7,28 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) i plon białka (w ziarnie obłuszczonej –  $706 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), ale zarazem o mniejszej zawartości białka w ziarnie (tab. 1). Trzeci rok badań charakteryzował się pośrednimi wartościami plonu ziarna i plonu białka w ziarnie obłuszczonej odpowiednio:  $6,18 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$  i  $656 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . W ocenie zawartości białka w ziarnie badanych genotypów wydzielono trzy grupy jednorodne. Pierwszą grupę, o najmniejszej zawartości białka, stanowiły odmiany żółtoplewkowe ('Bohun', 'Deresz', 'Cwał'), drugą, o nieznacznie większej zawartości białka – ród brązowoplewkowy 'CHD 2833' i odmiana 'Gniady'. Zdecydowanie największą zawartość białka oznaczono w ziarnie rodu 'CHD 2875' (14,7 %). W grupie ocenianych genotypów największe różnice pod względem zawartości aminokwasów endogennych wystąpiły między odmianami 'Bohun' i 'Gniady' (tab. 1). Kryterium dobrze opisującym zawartość aminokwasów endogennych w ziarnie ocenianych genotypów była barwa plewki. Uzyskano statystyczne potwierdzenie, poprzez kontrast ortogonalny (forma brązowoplewkowa : forma żółtoplewkowa), mniejszych zawartości aminokwasów endogennych w ziarnie form brązowoplewkowych (tab. 1).

Wyniki przedstawione w tab. 1. wskazują na znaczący wpływ środowiska i genotypu na zawartość białka i aminokwasów endogennych w ziarnie. Jedynym aminokwasem endogennym, którego zawartość w ziarnie owsa odmiany 'Gniady' (tab. 1) była nieznacznie większa niż w badaniach Biel i wsp. [6] była prolina ( $0,13 \text{ g}\cdot(16 \text{ g N})^{-1}$ ). Zawartość wszystkich pozostałych aminokwasów endogennych w badaniach własnych była mniejsza niż w badaniach wymienionych autorów. Największą bezwzględną różnicę stwierdzono w przypadku glutaminy. Wynosiła ona  $7,01 \text{ g}\cdot(16 \text{ g N})^{-1}$ . Druga co do wielkości różnica –  $3,11 \text{ g}\cdot(16 \text{ g N})^{-1}$  dotyczyła asparaginy. Ziarno rodu 'CHD 2875' zawierało także mniej aminokwasów endogennych niż ziarno tego samego rodu przebadane przez Biel i wsp. [6]. Porównanie odmian tradycyjnych ('Bohun' i 'Deresz') z wynikami Biel i wsp. [6] potwierdziło mniejszą zawartość wszystkich aminokwasów endogennych w ziarnie odmiany 'Deresz', pochodzącym z badań własnych, a w przypadku odmiany 'Bohun' – z wyłączeniem glicyny i proliny.

Tabela 1. Płon ziarna i białka oraz zawartość białka i aminokwasów endogennych w obłuszczonej ziarnie żółto- i brązowopłewkowych form owsa pochodzących z różnych sezonów wegetacyjnych

Table 1. Yield of grain and protein, and content of protein and non-essential amino acids in decorticated grains with yellow and brown glume, derived from different vegetation seasons

Czynnik Factor	Płon / Yield		Zawartość białka Content of protein [%]	Zawartość aminokwasów / Content of amino acids [g·(16 g N) <sup>-1</sup> ]						
	Ziarno Grain [Mg·ha <sup>-1</sup> ]	Białko Protein [kg·ha <sup>-1</sup> ]		Arg	Ala	Gly	Pro	Glu	Ser	Asp
	Rok / Year <sup>1</sup>									
2008	7,28 <sup>a</sup> ± 0,07	706 <sup>a</sup> ± 7,90	12,6 <sup>b</sup> ± 0,15	8,25 <sup>a</sup> ± 0,11	4,61 <sup>a</sup> ± 0,05	4,86 <sup>a</sup> ± 0,05	5,50 <sup>a</sup> ± 0,07	19,07 <sup>a</sup> ± 0,24	4,45 <sup>a</sup> ± 0,05	7,79 <sup>a</sup> ± 0,09
2009	5,58 <sup>c</sup> ± 0,11	580 <sup>c</sup> ± 40,49	13,4 <sup>a</sup> ± 0,17	6,44 <sup>b</sup> ± 0,10	3,78 <sup>b</sup> ± 0,05	3,96 <sup>b</sup> ± 0,06	4,31 <sup>b</sup> ± 0,06	15,06 <sup>b</sup> ± 0,20	3,57 <sup>b</sup> ± 0,06	6,41 <sup>b</sup> ± 0,11
2010	6,18 <sup>b</sup> ± 0,09	656 <sup>b</sup> ± 26,43	13,5 <sup>a</sup> ± 0,16	4,79 <sup>c</sup> ± 0,07	2,91 <sup>c</sup> ± 0,04	3,08 <sup>c</sup> ± 0,04	3,04 <sup>c</sup> ± 0,07	10,90 <sup>c</sup> ± 0,15	2,76 <sup>c</sup> ± 0,04	4,74 <sup>c</sup> ± 0,07
Genotyp / Genotype <sup>2</sup>										
'Gniady'	6,01 <sup>b</sup> ± 0,19	573 <sup>b</sup> ± 39,98	13,7 <sup>b</sup> ± 0,07	6,02 <sup>c</sup> ± 0,30	3,55 <sup>b</sup> ± 0,15	3,70 <sup>b</sup> ± 0,16	4,09 <sup>c</sup> ± 0,24	13,99 <sup>d</sup> ± 0,75	3,37 <sup>c</sup> ± 0,16	5,90 <sup>c</sup> ± 0,27
'CHD 2875'	5,88 <sup>b</sup> ± 0,13	636 <sup>a</sup> ± 47,55	14,7 <sup>a</sup> ± 0,09	6,35 <sup>b</sup> ± 0,39	3,60 <sup>b</sup> ± 0,19	3,79 <sup>b</sup> ± 0,20	4,07 <sup>c</sup> ± 0,27	14,76 <sup>bc</sup> ± 0,89	3,49 <sup>c</sup> ± 0,19	6,20 <sup>cd</sup> ± 0,35
'CHD 2833'	6,86 <sup>a</sup> ± 0,14	697 <sup>a</sup> ± 14,52	13,6 <sup>b</sup> ± 0,22	6,12 <sup>bc</sup> ± 0,40	3,66 <sup>b</sup> ± 0,20	3,79 <sup>b</sup> ± 0,21	4,15 <sup>bc</sup> ± 0,30	14,42 <sup>cd</sup> ± 0,95	3,41 <sup>c</sup> ± 0,21	5,92 <sup>de</sup> ± 0,36
'Bohun'	6,60 <sup>a</sup> ± 0,18	615 <sup>a</sup> ± 63,33	12,7 <sup>c</sup> ± 0,05	6,91 <sup>a</sup> ± 0,27	3,97 <sup>a</sup> ± 0,13	4,24 <sup>a</sup> ± 0,14	4,48 <sup>a</sup> ± 0,17	15,74 <sup>a</sup> ± 0,64	3,84 <sup>a</sup> ± 0,13	6,82 <sup>a</sup> ± 0,26
'Deresz'	6,32 <sup>a</sup> ± 0,17	597 <sup>b</sup> ± 30,48	12,1 <sup>c</sup> ± 0,12	6,72 <sup>a</sup> ± 0,43	3,87 <sup>a</sup> ± 0,21	4,10 <sup>a</sup> ± 0,22	4,36 <sup>ab</sup> ± 0,31	15,54 <sup>a</sup> ± 1,01	3,69 <sup>b</sup> ± 0,21	6,45 <sup>bc</sup> ± 0,38
'Cwał'	5,99 <sup>b</sup> ± 0,16	573 <sup>b</sup> ± 63,54	12,5 <sup>c</sup> ± 0,02	6,83 <sup>a</sup> ± 0,33	3,96 <sup>a</sup> ± 0,16	4,17 <sup>a</sup> ± 0,16	4,55 <sup>a</sup> ± 0,23	15,64 <sup>a</sup> ± 0,78	3,76 <sup>ab</sup> ± 0,15	6,57 <sup>ab</sup> ± 0,29

cd. Tab. 1.

		Kontrast / Contrast <sup>3</sup>									
Bp	6,25 <sup>a</sup> ± 0,11	635 <sup>a</sup> ± 26,95	14,0 <sup>a</sup> ± 0,11	6,17 <sup>b</sup> ± 0,21	3,60 <sup>b</sup> ± 0,11	3,76 <sup>b</sup> ± 0,11	4,10 <sup>b</sup> ± 0,15	14,39 <sup>b</sup> ± 0,49	3,42 <sup>b</sup> ± 0,10	6,01 <sup>b</sup> ± 0,19	
Zp	6,45 <sup>a</sup> ± 0,14	595 <sup>b</sup> ± 28,38	12,4 <sup>b</sup> ± 0,06	6,82 <sup>a</sup> ± 0,20	3,93 <sup>a</sup> ± 0,10	4,17 <sup>a</sup> ± 0,10	4,47 <sup>a</sup> ± 0,14	15,64 <sup>a</sup> ± 0,46	3,76 <sup>a</sup> ± 0,10	6,62 <sup>a</sup> ± 0,18	

Objaśnienia / Explanatory notes:

Bp – brązowa plewka / brown glume; Zp – żółta plewka / yellow glume;

W tabeli przedstawiono wartości średnie ± błąd standardowy średnich / Table shows mean values ± standard error of mean;

<sup>1</sup> – wartości średnie dla sezonów wegetacyjnych oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie na poziomie  $p = 0,05$  / mean values ref. to individual vegetation season and denoted by different letters differ statistically significantly at  $p = 0,05$ .

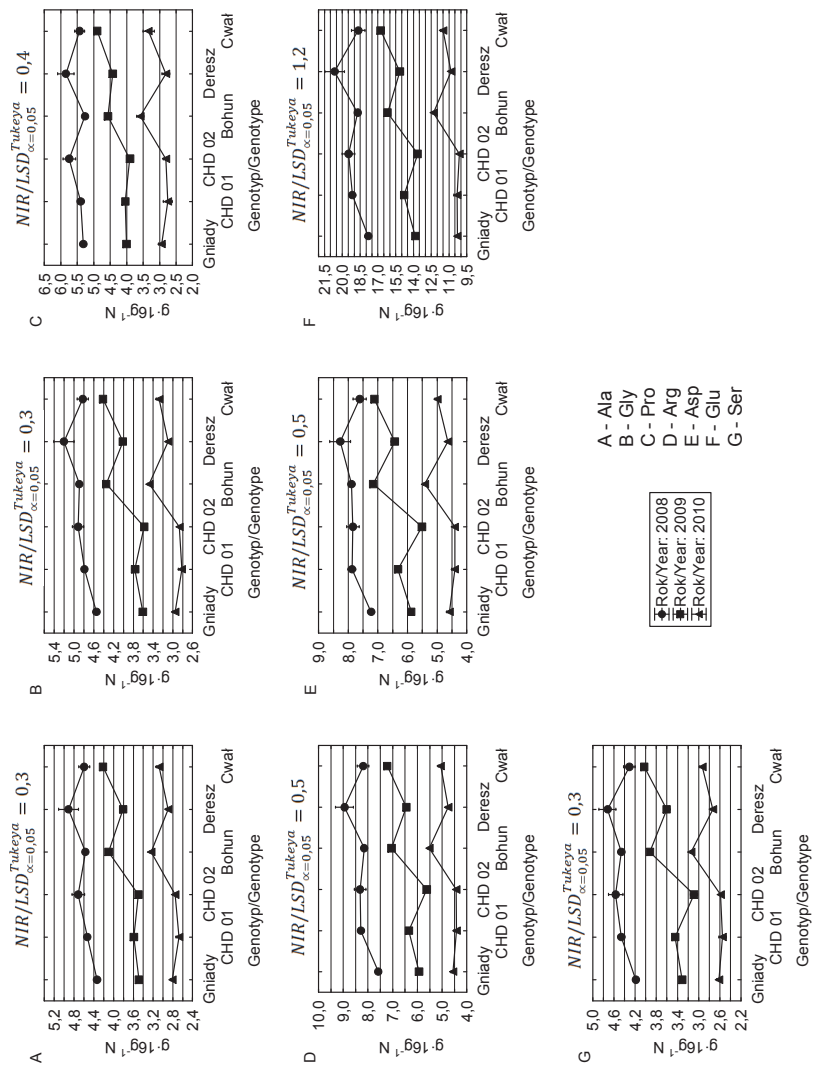
<sup>2</sup> – wartości średnie dla genotypów oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie na poziomie  $p = 0,05$  / mean values ref. to genotypes and denoted by different letters differ statistically significantly at  $p = 0,05$ ;

<sup>3</sup> – średnie dla kontrastu oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie na poziomie  $p = 0,05$  / mean values ref. to contrasts and denoted by different letters differ statistically significantly at  $p = 0,05$ .

W oznaczonych całkowitych zawartościach poszczególnych aminokwasów białkowych pewna ich część to frakcja niezwiązana z białkami. Mustafa i wsp. [18] wykazali znaczne różnice ich zawartości nie tylko w zależności od gatunku zboża, ale przede wszystkim – frakcji młynarskich. Wahaniom zmian zawartości wolnych aminokwasów często towarzyszą zmiany w udziale aminokwasów białkowych, np. lizyny. Szacuje się, że wolne aminokwasy stanowią ok. 5 % lub mniej całkowitej zawartości azotu w ziarnie zbóż [17]. Kamara i wsp. [15] oznaczyli zawartość wolnych aminokwasów w mące z włośnicy ber (rośliny należącej, podobnie jak owies, do wiechlinowatych) i wykazali, że było ich 4,02 g w 100 g białka w mące, a zawartość wolnej asparaginy i kwasu asparaginowego wynosiła 0,9 g w 100 g białka. Wśród aminokwasów endogennych asparagina, obok glutaminy, najłatwiej wchodzi w reakcję z cukrami redukującymi, rozpoczynając cykl przemian kończący się powstaniem melanoidów, a wśród nich akrylamidu [2, 9, 13]. Wydaje się więc, że ograniczenie zawartości wolnej asparaginy jest najefektywniejszym sposobem ograniczenia ryzyka syntezy akrylamidu podczas hydrotermicznych procesów przetwórczych [19]. Poszukiwanie ziarna zbóż o małej zawartości asparaginy i glutaminy jest zatem ważne z uwagi na bezpieczeństwo żywności. W związku z tym, że zawartość wolnych aminokwasów jest w dużym stopniu warunkowana czynnikami genetycznymi, środowiskowymi, jak i ich wzajemną interakcją [4, 9, 10, 17] ryzyko powstawania akrylamidu podczas hydrotermicznej obróbki ziarna owsa można ograniczyć, korzystając z osiągnięć hodowli oraz wpływając na proces alokacji tego aminokwasu działaniami agrotechnicznymi, ograniczającymi stresy biotyczne, jak i abiotyczne. W badaniach własnych zawartość asparaginy w ziarnie owsa wahała się w okresach wegetacyjnych od 4,74 w roku 2010 do 7,79 g·(16 g N)<sup>-1</sup> w roku 2008. Stwierdzono także statystyczne zróżnicowanie zawartości tego aminokwasu w ziarnie badanych genotypów, a wynik testowanego kontrastu pozwala stwierdzić, że ilość asparaginy gromadzona w ziarnie form żółtoplewkowych jest statystycznie istotnie ( $p = 0,05$ ) większa niż w brązowoplewkowych. Powyższe spostrzeżenie dotyczy także glutaminy (tab. 1).

Wykazano statystycznie istotny ( $p = 0,05$ ) wpływ interakcji badanych czynników (genotypu i sezonu wegetacyjnego) na indywidualną zawartość aminokwasów endogennych w ziarnie (rys. 1). Stwierdzono, że układ wartości średnich wszystkich aminokwasów był bardzo podobny oraz że statystyczna istotność wpływu tego źródła zmienności wynikała z zawartości aminokwasów w ziarnie odmian ‘Bohun’ i ‘Cwał’, a szczególnie zawartości aminokwasów endogennych zgromadzonych w ziarnie w pierwszym roku prowadzenia eksperymentu.





Rys. 1. Wpływ interakcji genotypu i sezonu wegetacyjnego na zawartość aminokwasów endogennych [ $g \cdot (16 g N)^{-1}$ ] w obłuszczonej ziarnie owsa  
 Fig. 1. Impact of interactions between genotype and vegetation season on content of non-essential amino acids [ $g \cdot (16 g N)^{-1}$ ] in decorticated oat grains



Oceny wartości odżywczej białek zgromadzonych w surowcach roślinnych dokonuje się głównie na podstawie zawartości aminokwasów egzogennych. Podobnie jak w przypadku analizowanych wcześniej aminokwasów endogennych, największą zawartością aminokwasów egzogennych charakteryzował się surowiec pochodzący z pierwszego sezonu wegetacyjnego (tab. 2). W kolejnych sezonach zawartość wszystkich aminokwasów egzogennych sukcesywnie zmniejszała się. Ze względu na genotyp największą zawartość tej grupy aminokwasów wykazano w ziarnie odmian 'Bohun' i 'Cwał' (tab. 2). Znacznie mniej aminokwasów egzogennych było w ziarnie odmiany 'Gniady'. Stwierdzona w badaniach własnych zawartość aminokwasów egzogennych, takich jak: lizyna, izoleucyna, walina, histydyna i tyrozyna w ziarnie odmian 'Bohun' i 'Deresz' była większa (tab. 2) w porównaniu z wartościami uzyskanymi przez Biel i wsp. [6]. W przypadku treoniny, leucyny i fenyloalaniny – była natomiast mniejsza. Oznacza to, że skład aminokwasowy białka ziarna owsa podlega zróżnicowaniu w wyniku działań agrotechnicznych, pomimo uznawania go za stabilny.

Mosse i Huet [cyt. za 24] postrzegają owies jako jeden z gatunków zbóż gromadzących w białkach ziarna szczególnie dużo lizyny. Ponadto owies, co jest szczególnie istotne, nie reaguje zmniejszeniem zawartości tego cennego aminokwasu w efekcie wzrostu zawartości azotu w ziarnie. Jak wskazują badania własne, zmiany genetyczne skutkujące zmianą barwy plewki z żółtej na brązową wpłynęły statystycznie istotnie ( $p = 0,05$ ) na zmniejszenie zawartości lizyny w ziarnie owsa (tab. 2). Forma żółtoplewkowa zgromadziła  $3,38 \text{ g lizyny} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$ , a brązowoplewkowa –  $3,06 \text{ g} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$ . Mniejsza ilość tego aminokwasu w ziarnie form brązowoplewkowych może być skutkiem pogorszenia składu frakcyjnego białka, jak i wzrostu zawartości wolnej lizyny. Biel i wsp. [5] określili średnią zawartość lizyny w ziarnie form nagoziarnistych na  $2,76 \text{ g} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$ , a w ziarnie form tradycyjnych (z plewką) – na  $2,73 \text{ g} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$ . Wśród genotypów tradycyjnych badanych przez wymienionych autorów znajdował się również ród 'STH 729' o dużej zawartości lizyny ( $3,19 \text{ g} \cdot (16 \text{ g N})^{-1}$ ). W innych badaniach dotyczących zawartości aminokwasów Biel i wsp. [6] nie wykazali statystycznie istotnego zróżnicowania w zależności od formy owsa. Natomiast w badaniach własnych formy żółto- i brązowoplewkowa różniły się statystycznie istotnie ( $p = 0,05$ ) zawartością wszystkich analizowanych aminokwasów, jednak na korzyść formy żółtoplewkowej (tab. 1 i 2).

Pedo i wsp. [20] wskazują na lizynę jako aminokwas limitujący jakość białek czterech brazylijskich form owsa. Zawartość lizyny w ziarnie tych genotypów stanowiła  $60,7 \div 70,7 \%$  zawartości w białku wzorcowym. Ocena zawartości lizyny jako aminokwasu ograniczającego jest jednoznaczna, ale należy także zwrócić uwagę na zmiany składu aminokwasowego ziarna form tzw. wysokolizynowych. W ziarnie takich mieszańców zmniejsza się zawartość frakcji białkowych ubogich w lizynę (np. prolamin), a następuje wzrost zawartości innych frakcji oraz szczególnie duży wzrost za-

wartości wolnych aminokwasów (z kilku do kilkunastu procent) [17]. Oznacza to większą zawartość aminokwasów tworzących związki szkodliwe z cukrami redukującymi. Lea i wsp. [17] dowiedli, że wysokolizynowe mieszańce jęczmienia zawierały trzykrotnie więcej wolnych aminokwasów i dwukrotnie więcej azotu niebiałkowego niż formy tradycyjne.

Podobnie jak w przypadku aminokwasów endogennych stwierdzono, że na zawartość aminokwasów egzogennych w obłuszczonej ziarnie owsa statystycznie istotny ( $p = 0,05$ ) wpływ miała interakcja badanych czynników (genotyp  $\times$  sezon wegetacyjny). Zróżnicowanie to przedstawiono na rys. 2. Na podkreślenie zasługują dwie zaobserwowane prawidłowości dotyczące interakcji wszystkich aminokwasów egzogennych. W drugim roku trwania eksperymentu obserwowano największe różnice zawartości poszczególnych aminokwasów pomiędzy odmianami, a najmniejsze – w trzecim roku. Ponadto w pierwszym roku badań stwierdzono odmienny, wzajemny układ zawartości aminokwasów egzogennych w ziarnie odmian ‘Bohun’ i ‘Cwał’. W drugim i trzecim sezonie uprawy zawartość poszczególnych aminokwasów w ziarnie tych odmian była większa niż w pozostałych genotypach, a mniejsza niż ich zawartość w ziarnie pozostałych genotypów w pierwszym roku badań.

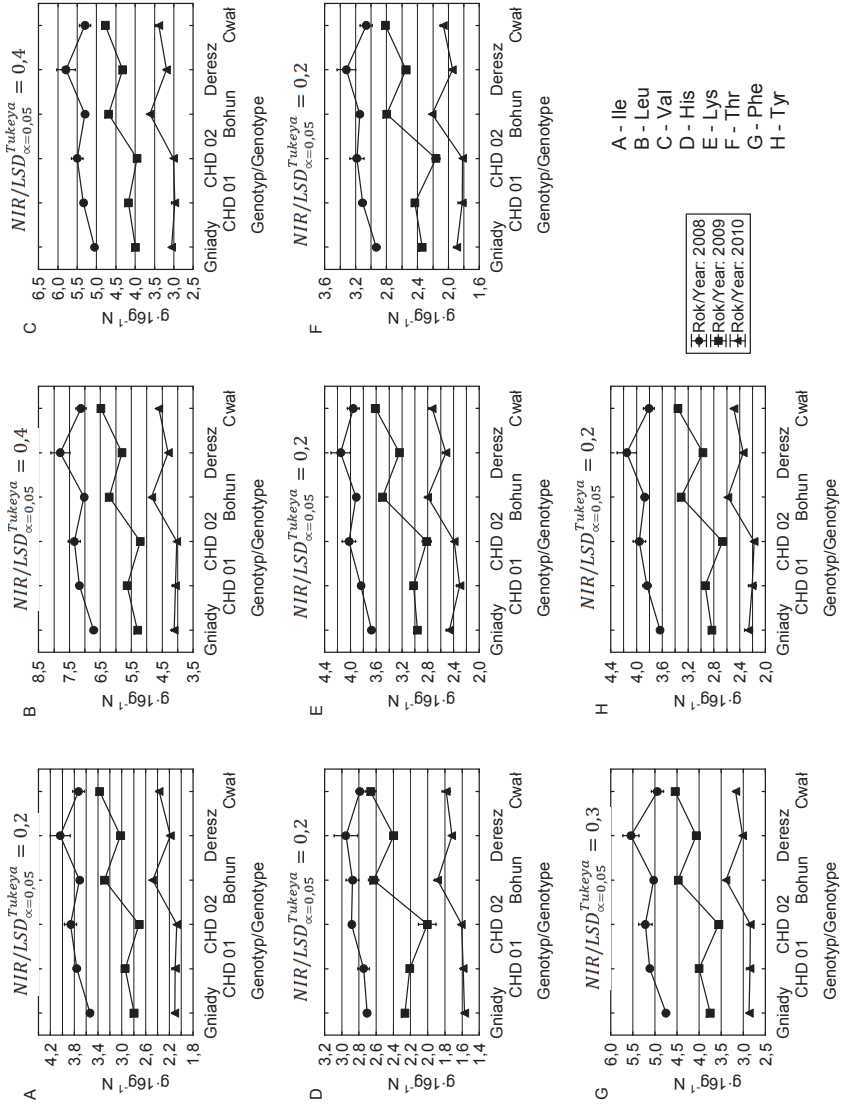
Zróżnicowanie zawartości aminokwasów egzogennych powodowane badanymi czynnikami wywołało także zróżnicowanie wskaźnika aminokwasu ograniczającego (CS) (tab. 2). Aminokwasem ograniczającym jakość białka była lizyna, bez względu na przyjęty wzorzec białka: dorosłego człowieka (MH) czy też jaja kurzego (WE), a wartości CS znacząco różnicował sezon wegetacyjny. Największe wartości wskaźnika w odniesieniu do obydwu wzorców obserwowano w pierwszym roku, a najmniejsze – w trzecim roku badań. Najmniejszą wartością  $CS_{Lys}$  cechowała się brązowoplewkowa odmiana ‘Gniady’ (43,32 – WE i 55,14 – MH), a największą – odmiana ‘Cwał’ (49,06 – WE i 62,44 – MH). Biel i wsp. [5] badali formy nagoziarniste owsa i również wykazali, że aminokwasem najczęściej limitującym jakość białka form nagoziarnistych jest lizyna, z wyjątkiem odmiany ‘Polar’, w ziarnie której takim aminokwasem była izoleucyna. Wartość  $CS_{WE(LYS)}$  w zależności od genotypu wahała się od 34,35 (‘STH 7256’) do 41,90 (‘STH 7146’) i były to wartości znacząco niższe niż określone w badaniach własnych (od 43,32 – ‘Bohun’ do 49,06 – ‘Cwał’) (tab. 2). Odmienność wyników własnych i przedstawionych przez Biel i wsp. [5] wykazano także w odniesieniu do  $CS_{MH(LYS)}$ . W badaniach własnych stwierdzono statystycznie istotne ( $p = 0,05$ ) zróżnicowanie wielkości CS (bez względu na wzorzec) pomiędzy formami (żółto- i brązowoplewkowymi) na korzyść form o plewce żółtej (tab. 2).

Tabela 2. Zawartość aminokwasów egzogennych w ziarnie obłuszczonego żółto- i brązowopłkawkowych form owsa pochodzących z różnych sezonów wegetacyjnych  
 Table 2. Content of essential amino acids in decorticated oat grains with yellow and brown glume, derived from different vegetation seasons

Czynnik Factor	Zawartość aminokwasów / Content of amino acids [g·(16 g N) <sup>-1</sup> ]											CS <sub>WE(Lys)</sub>	CS <sub>MH(Lys)</sub>
	Lys	His	Phe	Tyr	Leu	Ile	Val	Thr	EAA [g·(16 g N) <sup>-1</sup> ]				
Rok / Year <sup>1</sup>												CS <sub>WE(Lys)</sub>	CS <sub>MH(Lys)</sub>
2008	2,83 <sup>a</sup> ± 0,04	2,83 <sup>a</sup> ± 0,03	5,10 <sup>a</sup> ± 0,06	3,88 <sup>a</sup> ± 0,04	7,20 <sup>a</sup> ± 0,09	3,77 <sup>a</sup> ± 0,05	5,38 <sup>a</sup> ± 0,07	3,13 <sup>a</sup> ± 0,04	31,43 <sup>a</sup> ± 0,36	56,08 <sup>a</sup> ± 0,60	71,38 <sup>a</sup> ± 0,76		
2009	3,19 <sup>b</sup> ± 0,05	2,36 <sup>b</sup> ± 0,05	4,07 <sup>b</sup> ± 0,06	3,01 <sup>b</sup> ± 0,05	5,77 <sup>b</sup> ± 0,08	3,02 <sup>b</sup> ± 0,04	4,32 <sup>b</sup> ± 0,06	2,52 <sup>b</sup> ± 0,04	25,24 <sup>b</sup> ± 0,37	45,61 <sup>b</sup> ± 0,73	58,05 <sup>b</sup> ± 0,94		
2010	2,54 <sup>c</sup> ± 0,04	1,69 <sup>c</sup> ± 0,02	3,03 <sup>c</sup> ± 0,04	2,35 <sup>c</sup> ± 0,03	4,33 <sup>c</sup> ± 0,06	2,22 <sup>c</sup> ± 0,03	3,20 <sup>c</sup> ± 0,05	1,96 <sup>c</sup> ± 0,03	19,10 <sup>c</sup> ± 0,25	36,23 <sup>c</sup> ± 0,50	46,11 <sup>c</sup> ± 0,63		
Genotyp / Genotype <sup>2</sup>												CS <sub>WE(Lys)</sub>	CS <sub>MH(Lys)</sub>
'Gniady'	3,03 <sup>b</sup> ± 0,12	2,18 <sup>b</sup> ± 0,12	3,79 <sup>c</sup> ± 0,19	2,91 <sup>b</sup> ± 0,14	5,38 <sup>b</sup> ± 0,26	2,81 <sup>b</sup> ± 0,14	4,03 <sup>b</sup> ± 0,20	2,39 <sup>c</sup> ± 0,11	23,71 <sup>b</sup> ± 1,13	43,32 <sup>b</sup> ± 1,75	55,14 <sup>b</sup> ± 2,23		
'CHD 2875'	3,05 <sup>b</sup> ± 0,15	2,18 <sup>b</sup> ± 0,12	3,99 <sup>b</sup> ± 0,23	2,99 <sup>b</sup> ± 0,17	5,63 <sup>b</sup> ± 0,31	2,93 <sup>b</sup> ± 0,17	4,16 <sup>b</sup> ± 0,24	2,46 <sup>c</sup> ± 0,13	24,47 <sup>b</sup> ± 1,34	43,64 <sup>b</sup> ± 2,20	55,54 <sup>b</sup> ± 2,80		
'CHD 2833'	3,08 <sup>b</sup> ± 0,17	2,17 <sup>b</sup> ± 0,13	3,87 <sup>b,c</sup> ± 0,25	2,93 <sup>b</sup> ± 0,19	5,53 <sup>b</sup> ± 0,34	2,88 <sup>b</sup> ± 0,18	4,16 <sup>b</sup> ± 0,25	2,39 <sup>c</sup> ± 0,15	24,12 <sup>b</sup> ± 1,47	43,96 <sup>b</sup> ± 2,47	55,94 <sup>b</sup> ± 3,14		
'Bohum'	3,41 <sup>a</sup> ± 0,11	2,46 <sup>a</sup> ± 0,11	4,30 <sup>a</sup> ± 0,17	3,25 <sup>a</sup> ± 0,13	6,03 <sup>a</sup> ± 0,22	3,16 <sup>a</sup> ± 0,13	4,53 <sup>a</sup> ± 0,17	2,72 <sup>a</sup> ± 0,10	26,71 <sup>a</sup> ± 0,99	48,66 <sup>a</sup> ± 1,60	61,92 <sup>a</sup> ± 2,04		
'Deresz'	3,30 <sup>a</sup> ± 0,17	2,36 <sup>a</sup> ± 0,13	4,21 <sup>a</sup> ± 0,26	3,16 <sup>a</sup> ± 0,19	5,97 <sup>a</sup> ± 0,36	3,08 <sup>a</sup> ± 0,19	4,43 <sup>a</sup> ± 0,27	2,60 <sup>b</sup> ± 0,14	26,03 <sup>a</sup> ± 1,52	47,19 <sup>a</sup> ± 2,43	60,06 <sup>a</sup> ± 3,09		
'Cwał'	3,43 <sup>a</sup> ± 0,13	2,42 <sup>a</sup> ± 0,11	4,22 <sup>a</sup> ± 0,19	3,22 <sup>a</sup> ± 0,14	6,07 <sup>a</sup> ± 0,27	3,16 <sup>a</sup> ± 0,14	4,49 <sup>a</sup> ± 0,20	2,65 <sup>a,b</sup> ± 0,11	26,50 <sup>a</sup> ± 1,14	49,06 <sup>a</sup> ± 1,85	62,44 <sup>a</sup> ± 2,36		
Kontrast / Contrast												CS <sub>WE(Lys)</sub>	CS <sub>MH(Lys)</sub>
Bp	3,06 <sup>b</sup> ± 0,09	2,18 <sup>b</sup> ± 0,07	3,88 <sup>b</sup> ± 0,13	2,95 <sup>b</sup> ± 0,10	5,51 <sup>b</sup> ± 0,17	2,88 <sup>b</sup> ± 0,10	4,12 <sup>b</sup> ± 0,13	2,41 <sup>b</sup> ± 0,07	24,10 <sup>b</sup> ± 0,75	43,64 <sup>b</sup> ± 1,22	55,54 <sup>b</sup> ± 1,56		
Zp	3,38 <sup>a</sup> ± 0,08	2,41 <sup>a</sup> ± 0,07	4,24 <sup>a</sup> ± 0,12	3,21 <sup>a</sup> ± 0,09	6,02 <sup>a</sup> ± 0,16	3,13 <sup>a</sup> ± 0,09	4,48 <sup>a</sup> ± 0,12	2,66 <sup>a</sup> ± 0,07	26,41 <sup>a</sup> ± 0,70	48,30 <sup>a</sup> ± 1,13	61,47 <sup>a</sup> ± 1,44		

Objaśnienia / Explanatory notes:

CS – wskaźnik aminokwasu ograniczającego / Chemical Score; EAA – aminokwasy egzogenne / Essential Amino Acids  
 Pozostałe objaśnienia jak pod tab. 1. / Other explanatory notes as in Tab. 1.



Rys. 2. Wpływ interakcji genotypu i sezonu wegetacyjnego na zawartość aminokwasów egzogennych [ $g \cdot (16 g N)^{-1}$ ] w obtuszczonej ziarnie owsa  
 Fig. 2. Impact of interactions between genotype and vegetation season on content of essential amino acids [ $g \cdot (16 g N)^{-1}$ ] in decorticated oat grains

Shewry [24] tłumaczy zmienny udział EAA w ziarnie zbóż odmiennym składem frakcyjnym (bardzo zmienny udział prolamin), ale i dorodnością ziarniaków, bowiem główną frakcją białek bielma są prolaminy, z wyjątkiem owsa i ryżu [25]. Mniej dorodne nasiona zawierają mniej bielma, co na ogół wpływa na zwiększenie wartości biologicznej białka. Zawartość EAA (z pominięciem aminokwasów siarkowych i tryptofanu) wahała się od 23,71 g·(16 g N)<sup>-1</sup> w ziarnie odmiany ‘Gniady’ do 26,71 g·(16 g N)<sup>-1</sup> w ziarnie odmiany ‘Bohun’ (tab. 2). Z powodu pominięcia aminokwasów siarkowych i tryptofanu wartości te są niższe od przedstawionych przez Biel i wsp. [5], ale po uwzględnieniu tego wykluczenia można je uznać za porównywalne. Ralcewicz i Knapkowski [23] ocenili zawartość EAA przy wyłączeniu z tej grupy cystyny, tyrozyny i tryptofanu oraz argininy, która tylko w przypadku ptaków i ryb traktowana jest jako EAA. Ponadto potwierdzili wpływ nawożenia na zawartość niektórych aminokwasów, zarówno egzo-, jak i endogennych. W badaniach własnych zawartość poszczególnych aminokwasów egzogennych, sumaryczna ich zawartość, jak i kontrast były różnicowane przez badane czynniki (sezon, genotyp).

Tabela 3. Współczynniki podobieństwa Cohena ( $r_c$ ) porównywanych profili aminokwasów egzogennych różnych genotypów owsa

Table 3. Cohen's profile similarity coefficients ( $r_c$ ) ref. to compared essential amino acids profiles of different oat genotypes

Genotyp Genotype	‘Gniady’	‘CHD 2875’	‘CHD 2833’	‘Bohun’	‘Deresz’	‘Cwał’	Brązowo- plewkowe With brown- glume
‘CHD 2875’	0,734	x	-	-	-	-	-
‘CHD 2833’	0,857	0,943	X	-	-	-	-
‘Bohun’	-0,998	-0,735	-0,86	x	-	-	-
‘Deresz’	-0,942	-0,494	-0,653	0,936	x	-	-
‘Cwał’	-0,988	-0,712	-0,816	0,981	0,954	x	-
Brązoplewkowe With brown-glume	0,937	0,919	0,978	-0,938	-0,778	-0,913	x
Żółtoplewkowe With yellow-glume	-0,994	-0,68	-0,808	0,991	0,97	0,994	-0,904

Ocenę porównawczą profili aminokwasowych białek zawartych w ziarnie owsa, pochodzących z różnych prób doświadczalnych, wykonano za pomocą wielozmiennej analizy profilowej. Stwierdzono, że profile aminokwasowe poszczególnych prób są do siebie bardzo podobne, gdyż wartości współczynnika podobieństwa Cohena dla większości porównań były bliskie jedności (tab. 3). Odnotowano pewną odrębność profilu

aminokwasowego rodzaju 'CHD 2875' od profilu aminokwasowego form żółtoplewkowych, a zwłaszcza od odmiany 'Deresz' ( $r_c = 0,494$ ).

### Wnioski

1. Wykazano statystycznie istotne ( $p = 0,05$ ) zróżnicowanie zawartości poszczególnych aminokwasów w obłuszczonej ziarnie owsa w zależności od genotypu, sezonu wegetacyjnego, interakcji tych czynników, jak i barwy plewki.
2. Bez względu na wzorzec białka (MH, WE) aminokwasem limitującym jakość białka ziarna owsa była lizyna. Wartość wskaźnika aminokwasu ograniczającego (CS) w przypadku lizyny podlegała statystycznej modyfikacji przez wszystkie testowane czynniki.
3. Wartości CS oraz analiza zawartości poszczególnych aminokwasów wskazały formę żółtoplewkową jako cenniejszą ze względu na jakość białka. W obrębie tej grupy form nie stwierdzono dużej zmienności wyżej wymienionych parametrów, gdyż dotyczyła ona tylko zawartości seryny, asparaginy i treoniny. W obrębie grupy odmian o plewce brązowej korzystną zawartością aminokwasów charakteryzowało się ziarno rodzaju 'CHD 2875' w porównaniu z pozostałymi formami.
4. Na podstawie analizy profilowej, uwzględniającej współczynnik podobieństwa Cohena, dowiedziono wysokiego podobieństwa większości profili aminokwasowych badanych prób. Pewną odrębnością cechował się profil aminokwasowy ziarna rodzaju 'CHD 2875', dzięki czemu ta forma owsa może zyskać uwagę hodowców, a w perspektywie producentów surowca o dobrej jakości białka.

*Wyniki badań zrealizowane w ramach tematu nr DS-3115/IPR zostały sfinansowane z dotacji na naukę przyznanej przez MNiSW.*

### Literatura

- [1] Aman P.: The variation in chemical composition of Swedish oats. *Acta Agric. Scand.*, 1987, **37**, 347-352.
- [2] Anonim.: The CIAA Acrylamide „Toolbox”, 2009. [online]. Dostęp w Internecie [30.03.2014]: [http://www.fooddrinkeurope.eu/documents/brochures/ac\\_toolbox\\_20090216.pdf](http://www.fooddrinkeurope.eu/documents/brochures/ac_toolbox_20090216.pdf)
- [3] AOAC. Official methods of analysis, 18<sup>th</sup> ed. Gaithersburg Association of Official Analytical Chemists International, 2006.
- [4] Baker J.M., Howkins N.D., Ward J.L., Lovegrove A., Napier J.A., Shevry P.R., Beale M.H.: A metabolic study of substantial equivalence of field-grown genetically modified wheat. *Plant Biotech. J.*, 2006, **4**, 381-392.
- [5] Biel W., Bobko K., Maciorowski R.: Chemical composition and nutritive value of husked and naked oats grain. *J. Cereal Sci.*, 2009, **49**, 413-418.
- [6] Biel W., Szolowska A., Bobko K., Jaskowska I.: Skład chemiczny i jakość białka ziarna owsa brązowo- i żółtoplewkowego. *Folia Pomer. Univ. Technol. Stetin, Agric., Aliment., Pisc., Zootech.*, 2010, **278 (14)**, 39-48.

- [7] Brzeziński J.: Analiza interprofilowa. W: Metodologia badań psychologicznych. Wyd. Nauk. PWN, Warszawa 2002, ss. 559-574.
- [8] Ciołek A., Makarska E., Makarski B.: Zawartość wybranych składników żywieniowych w ziarnie owsa czarnego i żółtoplewkowego. Żywność. Nauka. Technologia. Jakość, 2008, **3 (58)**, 80-88.
- [9] Curtis T.Y., Muttucumaru N., Shevry P.R., Parry M.A., Powers S.J., Elmore J.S. Mottram D.S., Hook S., Halford N.G.: Evidence for genotype and environment on free amino acid levels in wheat grain: Implication for acrylamide formation during processing. J. Agric. Food Chem., 2009, **57**, 1013-1021.
- [10] Emebiri L.C.: Genetic variation and possible SNP markers for breeding wheat with low-grain asparagine, the major precursor for acrylamide formation in heat-processed products. J. Sci. Food Agric., 2014, **94**, 1422-1429.
- [11] FAO/WHO: Protein quality evaluation. Report of a joint FAO-WHO expert consultation. Rome, FAO, Food Nutr. 1991, 51.
- [12] FAO/WHO/UNU: Energy and protein requirements. Report of joint FAO-WHO nutritional meeting. Geneva, Tech. Rep., 1985, Series 273.
- [13] Halford N.G., Curtis T.Y., Muttucumaru N., Postles J., Mottram D.S.: Sugar in crop plants. Ann. Appl. Biol., 2010, **158**, 1-25.
- [14] Jędrzejczak E.: Wpływ warunków pogodowych w drugim roku uprawy bezwysadkowej na kwitnienie i plony nasion cykorii korzeniowej w świetle wielozmiennej analizy interprofilowej. An. UMC-S, 2003, **XIII sec. EEE**, 235-241.
- [15] Kamara M.T., Amadou I., Tarawalie F., Huiming Z.: Effect of enzymatic hydrolysis on the functional properties of foxtail millet (*Setaria italic* L.) proteins. Intern. J. Food Sci. Technol., 2010, **45**, 1175-1183.
- [16] Kowieska A., Jaskowska I., Lipiński P.: Zawartość frakcji węglowodanowych i aminokwasów w ziarnie pszenicy wyprodukowanym w dwóch następujących po sobie latach. Acta Sci. Pol., Zoo-techn., 2010, **9 (4)**, 135-146.
- [17] Lea P.J., Sodek L., Parry M.A.J., Shevry P.R., Halford N.G.: Asparagine in plants. Ann. Appl. Biol., 2006, **150**, 1-26.
- [18] Mustafa A., Aman P., Andersson R., Kamal-Eldin A.: Analysis of free amino acids in cereal product. Food Chem., 2006, **105**, 317-324.
- [19] Muttucumaru N., Halford N.G., Elmore J.S., Dodson A.T., Parry M.A.J., Shevry P.R. Mottram D.S.: The formation of high levels of acrylamide during the processing of flour derived from sulfate-deprived wheat. J. Agric. Food Chem., 2006, **54 (23)**, 8951-8955.
- [20] Pedo I., Sgarbieri V.C., Gutkowski L.C.: Protein evaluation of four oat (*Avena sativa* L.) cultivars adapted for cultivation in the south of Brazil. Plant Foods Hum. Nutr., 1999, **53**, 297-304.
- [21] Petterson A., Lindberg J.E., Thomke S., Eggum B.O.: Nutrient digestibility and protein quality of oats differing in chemical composition evaluated in rats and by an in vitro technique. Animal Feed Sci. Technol., 1996, **62**, 203-213.
- [22] Rakowska M., Szkiłłądziowa W., Kunachowicz H.: Biologiczna wartość białka żywności. WNT, Warszawa 1978.
- [23] Ralcewicz M., Knapkowski T.: Ocena oddziaływania wybranych czynników agrotechnicznych na wielkość plonu ziarna i skład aminokwasowy białka owsa. Biuletyn IHAR, 2006, **239**, 193-204.
- [24] Shevry P.R.: Improving the protein content and composition of cereal grain. J. Cereal Sci., 2007, **46**, 239-250.
- [25] Shevry P.R., Halford N.G.: Cereal seed storage proteins: structure, properties and role in grain utilization. J. Exp. Bot., 2002, **53 (370)**, 947-958.
- [26] Trętowski J., Wójcik A.R.: Metodyka doświadczeń rolniczych. WSRP, Siedlce 1991.
- [27] Żmudzka E.: O zmienności opadów atmosferycznych na obszarze Polski nizinnej w drugiej połowie XX wieku. Wiad. IMGW, 2002, **25 (4)**, 23-38.



COMPOSITION OF AMINO ACIDS AND QUALITY OF PROTEINS IN GRAINS OF OATS  
WITH YELLOW AND BROWN GLUME (*AVENA SATIVA*)

S u m m a r y

The research material consisted of grains of six genotypes of oats (*Avena sativa*). The grains of three of them had a brown glume ('Gniady', 'CHD 2875', 'CHD 2833') and the grains of other three genotypes had a yellow one ('Bohun', 'Deresz', 'Cwał'). The impact was assessed of their genotype, interactions, orthogonal contrast (oat with yellow glume : oat with brown glume), and vegetation season on the content of amino acids and the quality of proteins in decorticated oat grains.

It was proven that the contents of individual amino acids in the decorticated oat grains varied significantly depending on the genotype, vegetation season, interactions between those factors, and colour of the glume. Irrespective of the (Mature Human) or WE (Whole Egg) protein standards, the lysine was an amino acid to limit the quality of the protein in the oat grain. As for the lysine, the value of this limiting amino acid index (CS) was statistically modified by all the factors tested as well as by the orthogonal contrast selected. Values of the CS index of the limited amino acid and the resulting contents of individual amino acids confirmed that the grains with yellow glume were more valuable in terms of the quality of their protein than the grains with brown glume. Based on the profile analysis performed using  $r_c$ , a Cohen's profile similarity coefficient, it was proven that the majority of amino acid profiles of the samples under analyses were highly similar. The amino acid profile of the grain of 'CHD 2875' line was characterized by some specific differences; therefore, the oat of this line can be recommended for cultivation as a material containing grains with good quality proteins.

**Key words:** oat with yellow glume, oat with brown, amino acids, quality of protein ☒