

LESZEK DOMAŃSKI ¹
DARIUSZ R. MAŃKOWSKI ²
BOGDAN FLIS ¹
HENRYKA JAKUCZUN ¹
EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA ¹

¹ Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka, Oddział Młochów

² Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB w Radzikowie

Wielocechowa analiza różnorodności fenotypowej mieszańców ziemniaka uzyskanych z krzyżowań tetraploid × diploid

Multivariate analysis of phenotypic diversity in the tetraploid × diploid hybrid progenies of potatoes

Osiemdziesiąt rodów ziemniaka uzyskanych z czterech interploidalnych krzyżowań $4x-2x$ zostało ocenione na 12 cech użytkowych, w tym morfologii bulw, w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów w latach 2008–2009. Celem badań była ocena genotypowej różnorodności wśród rodów ziemniaka i uzyskanie wglądu w strukturę wielocechowej zmienności. Analiza składowych głównych (PCA) wyodrębniła pięć składowych głównych, które wyjaśniały 78,4% łącznej wariancji wśród rodów ziemniaka. Wykazana przez analizę PCA genotypowa różnorodność potomstwa $4x-2x$ daje szansę na wyselekcjonowanie wartościowych tetraploidalnych rodów zarówno na jadalny, jak i przetwórczy kierunek użytkowania. Spośród wyodrębnionych pięciu składowych głównych pierwsze trzy były najważniejsze. Pierwsza składowa (29,9% zmienności) była głównie skorelowana z regularnością kształtu, głębokością oczek i ciemnieniem enzymatycznym. Druga składowa, tłumacząca 16% łącznej zmienności była dodatnio skorelowana z plonem bulw, średnią masą bulwy i spłaszczeniem bulw. Trzecia składowa, wyjaśniająca 13,2% łącznej zmienności była pozytywnie skorelowana z zawartością skrobi i barwą chipsów.

Słowa kluczowe: analiza składowych głównych, zmienność wielocechowa, ziemniak

Eighty potato clones derived from interplod crosses $4x-2x$ were evaluated for 12 tuber morphological and agronomic traits at the Plant Breeding and Acclimatization Institute — National Research Institute, Research Center Młochów during 2008–2009. The objective of the research was to assess the genotypic diversity among potato clones and to gain insight into the structure of multivariable variation. The principal component analysis (PCA) distinguished five principle components which explained 78.4% of the total variance among potato clones. The demonstrated genotypic diversity of $4x-2x$ progenies gives the chance for selecting valuable tetraploid clones for both table and processing use. Out of five PCs, the first three were the most important. The first PC (29.9% of total variance) was mostly correlated with shape regularity, depth of eyes and enzymatic browning. The second PC, that

explained 16.2% of the total variance, was positively correlated with tuber yield, mean tuber weight and tuber flatness. The third PC explaining 13.2% of the total variance was positively correlated with starch content and chip colour.

Key words: multivariable variation, potato, principal component analysis

WSTĘP

Złożone mieszańce międzygatunkowe ziemniaka diploidalnego, otrzymane w efekcie kilkunastoletniej kumulacji alleli genów wielu cech jakościowych i odpornościowych (Jakuczun i Wasilewicz-Flis., 2006; Hayes i Thill, 2002; Zimnoch-Guzowska, 2003; Haynes i Lu, 2005) są obecnie ważnym źródłem form rodzicielskich w pracach hodowlanych nad uzyskaniem nowych materiałów wyjściowych (MW) i odmian ziemniaka. Ta diploidalna germplazma *Solanum* wzbogaca zmienność tetraploidalnych MW w IHAR — PIB, Oddział Młochów w trzech wiodących kierunkach użytkowania ziemniaka: jadalne o wysokich walorach kulinarnych, przydatne do przetwórstwa (chipsy, susze), skrobiowe.

Programy hodowlano-badawcze ukierunkowane na wytworzenie MW dla hodowli ziemniaka jadalnego, jak również na cele przetwórstwa spożywczego, zakładają równoległe doskonalenie szeregu cech (Zimnoch-Guzowska i Flis, 2006) uwzględniających zarówno aspekty produktywności, jakości, jak i odporności na agrofagi. Materiały hodowlane w ramach tych kierunków hodowli oceniane są więc pod względem wielu cech, już w początkowej fazie selekcji (I–III rozmnożenie wegetatywne).

Zgromadzone obserwacje dla tych cech (obserwacje wielowymiarowe) umożliwiają zastosowanie statystycznych metod wielowymiarowych do wykonania wielocechowej analizy zmienności cech. Analizy tego typu, znajdują obecnie zastosowanie przy charakterystyce kolekcji zasobów genowych roślin uprawnych (Mohmmadi i Prasanna, 2003; Sieczko i in., 2004; Martinez-Calvo i in., 2007; Mądry, 2007; Mańkowski i in. 2009; Studnicki i in., 2009; Ukalski i in., 2007).

Celem pracy była ocena fenotypowej różnorodności wśród 80 mieszańców ziemniaka, uzyskanych z próbnych krzyżowań typu tetraploid \times diploid i uzyskanie wglądu w strukturę wielocechowej zmienności potomstwa z krzyżowań $4x-2x$.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy

Trzy diploidalne formy rodzicielskie wyselekcjonowane pod kątem zdolności do tworzenia $2n$ gamet i wysokiej jakości kulinarnej (DG.03-131, DG.03-170) lub wysokiej jakości przetwórczej na chipsy (DG.03-277), zostały wykorzystane jako formy ojcowskie w krzyżowaniach z wartościowymi tetraploidalnymi rodami. Ogółem 80 klonów, pochodzących z czterech krzyżówek typu $4x-2x$, zostało wysadzonych w 2008–2009, na polu hodowlanym IHAR Młochów. Dwadzieścia klonów, pobranych losowo z każdej rodziny, ich rodzice i trzy odmiany wzorcowe zostały wysadzone na 3-krzakowych poletkach w dwóch powtórzeniach, w układzie losowanych bloków. Zastosowano typowy

dla plantacji ziemniaka jadalnego program nawożenia i ochrony, natomiast nie stosowano deszczowania.

Na każdym z poletek oceniono 12 cech: plon bulw (PB), zawartość skrobi (SKR), średni ciężar bulwy (SCB), ciemnienie enzymatyczne (CE), barwę chipsów (BCH), wydłużenie bulw (TK), regularność kształtu bulw (RKB), głębokość oczek (GO), wygląd skórki (WSK), spłaszczenie bulw (SPB), frekwencję bulw spiczastych (FBSP), frekwencję bulw z objawami wtórnego wzrostu (FBWW). Cechy: CE, BCH, TK, RKB, GO, WSK, SPB oceniano w skali 1–9, gdzie: 1 — ocena najniższa, 9 — ocena najwyższa. Dalsze metodyczne szczegóły, dotyczące opisów morfologicznych i testów smażenia, zawarte są w pracy Domańskiego i in. (2010).

Przebieg analizy statystycznej wyników

Obserwacje cech FBSP i FBWW zawierające dane procentowe, przed rozpoczęciem analiz wielowymiarowych, przybliżano do rozkładu normalnego przy zastosowaniu transformacji Blissa. Wielowymiarowe dane doświadczalne poddano analizie składowych głównych (PCA) za pomocą procedury PRINCOMP pakietu statystycznego SAS 9.2 (SAS Institute Inc., 2009). Analizę PCA z uwagi na fakt, że zmienne były wyrażane w różnych jednostkach, przeprowadzono w oparciu o macierz korelacji.

WYNIKI I DYSKUSJA

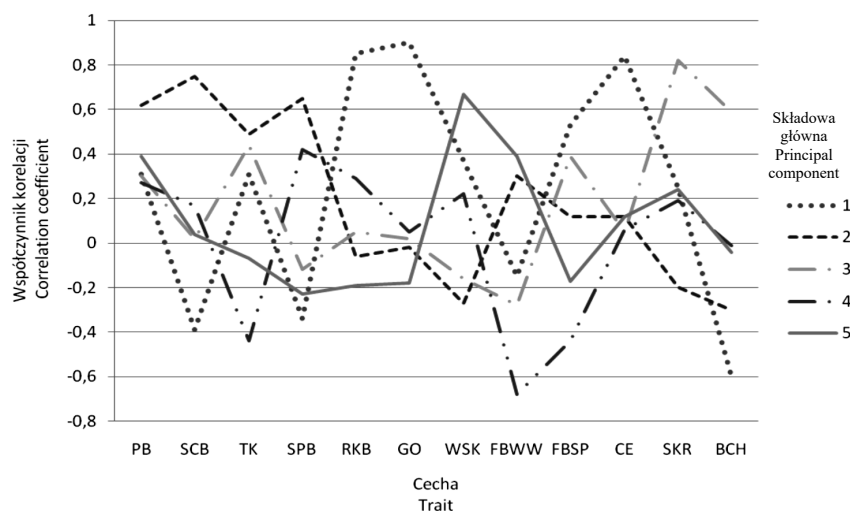
Wyniki analizy składowych głównych dla danych uśrednionych, dla rodów w latach badań, przedstawiono w tabeli 1. Uwzględniając kryterium wartości własnej i test osypiska (Timm, 2002), do dalszej analizy wybrano pierwsze pięć składowych głównych z wartościami własnymi co najmniej równymi 1 lub też większymi.

Pięć wyodrębnionych składowych głównych wyjaśniało 78,37% łącznej zmienności średnich genotypowych rozważanych cech. Rysunek 1 ilustruje profile zmienności rozpatrywanych cech w pierwszych pięciu składowych głównych. Pierwsza składowa wyjaśniała 29,92% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i była dość silnie skorelowana z cechami: głębokości oczek, regularności kształtu bulw i ciemnienia enzymatycznego, zaś mniej ściśle z frekwencją bulw spiczastych. Tak więc, klony odznaczające się płytkim osadzeniem oczek i regularnym kształtem bulw charakteryzowały się także mniejszą skłonnością do ciemnienia enzymatycznego miąższu bulw. Druga składowa tłumaczyła 16,23% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i pochodziła głównie ze zróżnicowania takich cech jak: plon bulw, średni ciężar bulwy i spłaszczenie bulw. Trzecia składowa główna, przenosząca 13,21% łącznej zmienności klonów była dość silnie skorelowana z zawartością skrobi i barwą chipsów. Czwarta składowa główna wyjaśniała 10,84% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i pochodziła głównie ze zróżnicowania klonów pod względem występowania w nich bulw z objawami wtórnego wzrostu. Piąta składowa główna wyjaśniała 8,17% i była skorelowana głównie z wyglądem skórki.

Tabela 1

Wartości i wektory własne dotyczące pięciu pierwszych składowych głównych (PC) dla 12 cech 80 rodów ziemniaka
Eigen values and eigenvectors concerning the first five principal components (PC) for 12 traits of 80 potato clones

Cecha Trait	Wektory własne — Eigenvectors				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
PB — plon bulw — tuber yield (kg/3-hills plot)	0,16	0,45	0,24	0,24	0,39
SCB — średnia waga bulwy — mean tuber weight (g)	-0,21	0,54	0,02	0,15	0,04
TK — wydłużanie się bulwy — tuber elongation (sc. 1-9, 9 = long)	0,17	0,35	0,35	-0,38	-0,08
SPB — tuber flatness — spłaszczenie bulwy (sc. 1-9, 9 = round at transversal section)	-0,18	0,47	-0,10	0,36	-0,23
RKB — regularność kształtu bulwy — regularity of tuber shape (sc. 1-9, 9 = very regular shape)	0,45	-0,05	0,04	0,26	-0,19
GO — głębokość oczka — depth of eyes (sc. 1-9, 9 = very shallow)	0,47	-0,01	0,01	0,04	-0,18
WSK — wygląd skórki — skin appearance (sc. 1-9, 9 = very thin and shine)	0,20	-0,19	-0,13	0,20	0,67
CE — brązowienie enzymatyczne — enzymatic browning (sc. 1-9, 9 = no browning)	0,44	0,08	0,04	0,06	0,12
FBWW — frekwencja bulw z objawami wtórnego wzrostu; frequency of tubers with secondary growth pointed ends (%)	-0,08	0,21	-0,22	-0,59	0,40
FBSP — frekwencja bulw spiczastych frequency of tubers with pointed ends (%)	0,28	0,08	0,31	-0,38	-0,17
SKR — zawartość skrobi — starch content (%)	-0,13	-0,14	0,65	0,17	0,25
BCH — kolor frytek — chip colour (sc. 1-9, 9 = light)	-0,32	-0,21	0,47	-0,01	-0,04
Wartość własna — Eigenvalue	3,59	1,95	1,58	1,30	0,98
Wyjaśniony % ogólnej zmienności cech The explained % of the multivariate variance	29,92	16,23	13,21	10,84	8,17
Sumaryczny % wyjaśnionej zmienności The cumulative % of the explained variance	29,92	46,15	59,36	70,20	78,37



Cechy patrz tabela 1 — Traits see table 1

Rys. 1. Profile zmienności cech w pierwszych pięciu składowych głównych
Fig. 1. Pattern profiles of the first five principal components

Wykresy konfiguracji punktów reprezentujących klony ziemniaka w układach dwuwymiarowych przestrzeni z udziałem składowych głównych: PC1 i PC2, PC1 i PC3, PC2 i PC3 nie prezentowane w tej pracy, ze względu na słabą czytelność zagęszczonych punktów, posłużyły do wydzielenia wartościowych klonów, umiejscowionych w I-szych ćwiartkach układu współrzędnych (tab. 2). Wśród grupy genotypów zlokalizowanych w I ćwiartce z dodatnimi wartościami współrzędnych PC1 i PC2 przeważały formy o typie użytkowym jadalnym. Pozostałe dwie grupy zawierały głównie genotypy przydatne do przetwórstwa skrobiowego lub też przetwórstwa spożywczego. Wynik takiego grupowania dobrze korespondował z wynikami wstępnej selekcji, przeprowadzonej metodą niezależnych poziomów brakowania, na tym samym materiale hodowlanym (Domański i in., 2010).

Tabela 2

Grupy rodów ziemniaka z dodatnimi wartościami współrzędnych w dwuwymiarowych płaszczyznach składowych głównych (I- ćwiartki)
Groups of potato clones with a positive values of coordinates in the two-dimensional spaces of principal components (I- quadrants)

Składowe główne Principal components	Liczebność Count	Selekcjonowane genotypy Genotypes selected
PC1 and PC2	rody: 19 clones	A-1; A-5; A-8; A-13; A-16; A-17 B-8; B-9; B-11; B-12; B-19; B-20 C-9; C-14; C-15; C-16; C-17; C-18; C-20
	odm. wzorcowe: 2 standard cultivars	Syrena; Tokaj
	rodzice: 1 parents	M-62819
PC1 and PC3	rody: 22 clones	A-1; A-2; A-7; A-8; A-11; A-13; A-14; A-16; A-17; A-18; A-19; B-5; B-7; B-8; B-11; B-20 C-3; C-6; C-12; C-17; C-18; C-19
	rodzice: 1 parents	M-62819
PC2 and PC3	rody: 18 clones	A-1; A-8; A-12; A-13; A-15 B-3; B-8; B-11 C-3; C-12; C-15; C-17; C-18 D-2; D-3; D-14; D-17; D-19
	rodzice: 2 parents	M-61819; M-62840

Pochodzenie — Origin: M-62819 × DG.03-131 (A); M-62819 × DG.03-170 (B); M-62840 × DG.03-170 (C); M-62840 × DG.03-277 (D)

Wykazana za pomocą analizy PCA genotypowa różnorodność w potomstwie $4x-2x$ daje szansę na wyselekcjonowanie wartościowych, tetraploidalnych klonów ziemniaka zarówno na kierunek użytkowania jadalnego (do bezpośredniego spożycia), jak i przetwórstwa spożywczego (chipsy, susze) oraz przetwórstwa na skrobię.

WNIOSKI

1. Zastosowanie analizy składowych głównych pozwoliło na wyodrębnienie pięciu składowych odpowiedzialnych za 78% łącznej zmienności średnich genotypowych rozważanych cech.
2. Wyróżnienie grup rodów z dodatnimi wartościami współrzędnych w dwuwymiarowych przestrzeniach składowych głównych dotyczących cech morfologicznych bulw, cech plonotwórczych i technologicznych jest narzędziem usprawniającym wstępną selekcję w materiale hodowlanym.
3. Badane potomstwo z próbnych krzyżowań typu tetraploid \times diploid odznaczało się dużą zmiennością fenotypową obiektów dla rozpatrywanych cech morfologii bulw, cech plonotwórczych i technologicznych.

LITERATURA

- Domański L., Flis B., Jakuczun H., Zimnoch-Guzowska E. 2010. Zmienność cech technologicznych i morfologicznych w potomstwie uzyskanym z krzyżowań interploidalnych $4x-2x$. Biul. IHAR 257/258: 57 — 69.
- Hayes R. J., Thill Ch. A. 2002. Co-current introgression of economically important traits in a potato – breeding program. Amer. J. of Potato Res. 79: 173 — 181.
- Haynes K. G., Lu W. 2005. Improvement at the diploid species level. In: Genetic Improvement of *Solanaceous* crops. Volume I: Potato. Razdan M.K., Motto A.K. (Eds): 101 — 114. Science Publishers, Inc. Enfield (NH), USA, Plymouth, UK.
- Jakuczun H., Wasilewicz-Flis I. 2006. Przenoszenie zmienności genetycznej wybranych cech z ziemniaka diploidalnego na poziom tetraploidalny w IHAR w latach 1996–2005. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 511: 131 — 140.
- Mańkowski D. R., Laudański Z., Martyniak D., Flaszka M. 2009. Struktura wielo cechowej zmienności odmianowej wiechliny (*Poa pratensis* L.). Biul. IHAR 254: 189 — 200.
- Martinez-Calvo J., Gisbert A. D., Alamar C. M., Hermnandorena R., Romeo C. 2007. Study of germplasm collection of loquat (*Eriobotrya japonica* Lindl.) by multivariate analysis. Genetic Resources and Crop Evolution 55: 695 — 703.
- Mądry W. 2007. Metody statystyczne do oceny różnorodności fenotypowej dla cech ilościowych w kolekcjach roślinnych zasobów genowych. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 517: 21 — 41.
- Mohammadi S. A., Prasanna B. M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants — salient statistical tools and considerations. Crop Sci. 43: 1235 — 1248.
- SAS Institute Inc. 2009. SAS OnlineDoc® 9.2 Cary NC.
- Sieczko L., Mądry W., Zieliński A., Paderewski J., Urbaś-Szwed K. 2004. Zastosowanie analizy składowych głównych w badaniach nad wielo cechową charakterystyką zmienności genetycznej w kolekcji zasobów genowych pszenicy twardej (*Triticum durum* L.). Coll. Biom. 34: 223 — 239.
- Studnicki W., Mądry W., Śmiałowski T. 2009. Wielo cechowa analiza różnorodności fenotypowej w kolekcji roboczej pszenicy jarej. Biul. IHAR 252: 91 — 104.
- Timm N. A. 2002. Applied multivariate analysis. Springer Verlag Inc., New York, USA
- Ukański K., Kociuba W., Mądry W., Ukalska J. 2007. Wielowymiarowa ocena zmienności fenotypowej w kolekcji zasobów genowych pszenicy jarego. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z. 517: 767 — 774.
- Zimnoch-Guzowska E. 2003. Wykorzystanie form diploidalnych ziemniaka w pracach hodowlanych i genetycznych. Post. Nauk Roln. 1: 47 — 66.
- Zimnoch-Guzowska E., Flis B. 2006. Genetyczne podstawy cech jakościowych ziemniaka. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z. 511: 23 — 36.