

ZYGMUNT KACZMAREK**TADEUSZ ADAMSKI****MARIA SURMA**

Instytut Genetyki Roślin, PAN, Poznań

Interakcja genotypowo-środowiskowa dla plonu dwu- i sześciorzędowych linii DH jęczmienia

The genotype-environment interaction for 2-rowed and 6-rowed barley DH lines

Praca przedstawia wyniki analizy statystycznej plonu ziarna dwu- i sześciorzędowych linii podwojonych haploidów (DH) jęczmienia uzyskane na podstawie danych pochodzących z serii doświadczeń prowadzonych na polu doświadczalnym IGR w Cerekwicy w pięciu kolejnych latach, 1996–2000. Dwadzieścia osiem linii DH (trzyście dwurzędowych i pięćście sześciorzędowych) oraz dwie formy rodzicielskie (dwurzędowa Maresi i sześciorzędowa Klimek) było analizowanych ze względu na wysokość plonu oraz ich interakcję z latami. Analizę przeprowadzono za pomocą programu SERGEN (Caliński i in., 1998). Ranking genotypów uwzględniający wysokość plonowania i wrażliwość na różne warunki środowiskowe pozwolił wyróżnić 3 grupy. W grupie genotypów najlepszych znalazły się obie formy rodzicielskie oraz dwie linie dwurzędowe i dwie sześciorzędowe. Wśród nich tylko odmiana Maresi i linia sześciorzędowa S10 okazały się genotypami stabilnymi, a odmiana Klimek odmianą intensywną. Dodatkowe informacje o genotypach zostały uzyskane w wyniku testowania porównań średnich dla linii dwu- i sześciorzędowych z ich formami rodzicielskimi.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, jęczmień, linie DH, serie doświadczeń, program SERGEN

The paper contains the results of statistical analysis of barley doubled haploid (DH) lines. Twenty eight DH lines (thirteen, 2-rowed and fifteen, 6-rowed) and two parental genotypes (2-rowed, Maresi and 6-rowed, Klimek) were studied in a series of field experiments repeated in five successive years, 1996–2000. The analysis was made using the SERGEN program (Caliński *et al.*, 1998). The results of hypotheses testing concerning the mean yield of DH lines and their interaction with years allowed to distinguish three groups of genotypes: the best, average and the worst. In the first group two parental cultivars, two 2-rowed lines and two 6-rowed DH lines were classified, but among them cultivar Maresi and 6-rowed line, S10, were distinguished as stable genotypes, giving a high yield in all years. Among the remaining genotypes of this group only the cultivar Klimek appeared to be "intensive", i.e. yielding better under profitable climatic conditions of the years. Additional information about the genotypes was obtained by testing the contrasts of the means for 2-rowed and 6-rowed DH lines and the parental cultivars.

Key words: barley DH lines, genotype-environment interaction, series of experiments, SERGEN program

WSTĘP

Uzyskiwanie nowych odmian jęczmienia jarego wielorzędowego o zwiększonym plonie ziarna jest możliwe między innymi poprzez krzyżowanie wysokopłennych odmian dwurzędowych z wysokopłennymi odmianami sześciorzędowymi. W ostatnich latach techniki umożliwiające przeprowadzenie haploidyzacji mieszańców, a tym samym umożliwiające otrzymanie linii podwojonych haploidów (DH), są często stosowane w programach hodowli jęczmienia (Kasha i in., 1997, Ullrich i in., 1998). Linie te są w pełni homozygotyczne i jednorodne. Ponieważ badane w pracy linii podwojonych haploidów uzyskane zostały z mieszańców dwurzędowej odmiany browarnej Maresi z sześciorzędową odmianą Klimek, powstaje pytanie czy istnieje różnica między 2- i 6-rzędowymi formami jęczmienia w ich reakcji na zróżnicowane warunki środowiskowe.

Celem pracy jest więc zbadanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej GE (w naszym przypadku interakcji linii DH z latami) plonu ziarna linii podwojonych haploidów jęczmienia i ustalenie rankingu tych linii.

MATERIAŁ I METODY

Materiał doświadczalny stanowiło 28 linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego, otrzymanych z mieszańców pokolenia F_1 dwurzędowej odmiany browarnej Maresi z sześciorzędową odmianą Klimek oraz obie formy wyjściowe. Linie te zostały wyselekcjonowane na podstawie wyników doświadczenia wstępnego przeprowadzonego w roku 1995 z blisko 100 liniami DH. Doświadczenie to, założone w układzie całkowicie losowym, poprzedziło badaną obecnie serię doświadczeń.

Doświadczenia prowadzono na polu doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerekwicy w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach, w pięciu latach (1996–2000). Nasiona wysiewano na poletkach 2 m^2 w rozstawie $10 \times 3\text{ cm}$. Zbiór ziarna przeprowadzono w fazie dojrzałości pełnej. Oceniono plon z poletka oraz szereg cech opisujących wartość browarną badanych linii DH. W niniejszej pracy szczegółowej analizie statystycznej poddany zostanie plon ziarna, obserwowany u linii podwojonych haploidów oraz ich form rodzicielskich w serii pięciu doświadczeń. Metody obliczeń, które umożliwiły przeprowadzenie za pomocą programu SERGEN (Caliński i in., 1998) analizy interakcji genotypowo-środowiskowej wraz z badaniem jej struktury ze względu na środowiska i genotypy oparte były na modelach matematycznych omówionych szczegółowo w pracach Kaczmarka (1986) oraz Calińskiego i wsp. (1987, 1997). Model dla dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej, przedstawiony także w pracy Mądrego (2002) i nazywany modelem ScheffŹgo-Calińskiego, jest modelem mieszanym, w którym efekty genotypów traktowane są jako stałe, natomiast efekty środowisk jako losowe. Zakłada się w nim, że obserwacje dotyczące poszczególnych genotypów w danym roku mają rozkłady normalne ze średnimi genotypów i pewną macierzą kowariancji, co oznacza, że obserwacje dla różnych genotypów w tym samym środowisku danego roku mogą być zależne, natomiast obserwacje dla różnych lat — niezależne. Przyjmuje się ponadto możliwość niejednakowych wariancji genotypów w poszczególnych latach, co sprawia, że dopuszcza

się występowanie różnej reakcji genotypów na warunki glebowo-klimatyczne występujące w latach doświadczeń. Interakcja genotypów z latami wyjaśniana jest za pomocą regresji efektów interakcyjnych tych genotypów względem lat, zgodnie z modelem regresji łącznej wywodzącej się z modelu Scheffego-Calińskiego i przedstawionym w pracach Kaczmarka (1986) i Calińskiego i wsp. (1997).

WYNIKI

W tabeli 1 podane są wartości średnie plonu dla sześciorzędowych linii DH (oznaczonych symbolami S1-S15), dwurzędowych linii DH (oznaczonych symbolami D1-D13) oraz dla odmian wyjściowych Maresi i Klimek.

Tabela 1

Wartości średnie plonu dla linii DH i form rodzicielskich w poszczególnych latach
Mean yields for DH lines and their parents in particular years

Genotyp Genotype	Lata Years					Średnia Mean
	1996	1997	1998	1999	2000	
6-rzędowe six-rowed						
S1	1,53	1,68	1,89	1,77	1,53	1,68
S2	1,77	1,97	1,68	2,03	1,58	1,81
S3	1,53	1,80	1,61	1,30	1,49	1,55
S4	2,13	2,00	2,01	1,53	1,82	1,94
S5	1,93	2,07	1,35	1,47	1,60	1,68
S6	1,63	1,87	1,37	1,13	1,67	1,53
S7	1,37	1,93	0,81	1,37	1,25	1,35
S8	1,90	1,97	1,75	1,97	1,60	1,84
S9	1,60	2,20	1,46	1,57	1,67	1,70
S10	2,00	2,33	2,10	2,17	1,89	2,10
S11	2,00	2,07	1,47	1,37	1,47	1,67
S12	2,60	2,20	1,69	2,03	2,00	2,10
S13	2,07	2,03	1,93	2,00	1,80	1,97
S14	1,97	2,13	1,94	1,57	1,67	1,86
S15	2,20	2,00	2,19	1,85	1,94	2,04
2-rzędowe two-rowed						
D1	1,53	2,53	1,81	2,20	1,69	1,95
D2	2,07	2,13	1,54	2,20	2,07	2,00
D3	2,87	2,63	2,31	1,93	1,91	2,33
D4	3,00	2,27	2,18	2,30	1,96	2,34
D5	2,00	2,20	1,81	1,80	2,09	1,98
D6	2,33	2,00	1,70	1,87	1,82	1,94
D7	2,23	2,43	1,60	1,90	1,72	1,98
D8	2,30	2,00	1,51	2,00	1,42	1,85
D9	2,20	2,00	2,15	1,87	1,60	1,95
D10	1,70	1,40	1,16	2,07	1,29	1,52
D11	2,20	1,89	1,87	1,87	1,63	1,89
D12	2,00	1,73	1,87	2,20	1,75	1,91
D13	2,13	2,13	1,56	1,96	1,55	1,87
Maresi	2,33	2,37	1,88	2,43	1,82	2,17
Klimek	2,67	2,93	2,18	1,80	1,69	2,26
Średnia	2,06	2,10	1,75	1,85	1,70	1,89

Mean

Zastosowana w pierwszym etapie analiza wariancji dla serii doświadczeń pozwoliła stwierdzić wysoce istotne zróżnicowanie lat ($F_{obl.} = 51,22$ wobec $F_{0,01} = 3,88$) oraz wysoce istotną interakcję linii DH z latami ($F_{obl.} = 2,82$ wobec $F_{0,01} = 1,42$). Przeprowadzona następnie analiza szczegółowa poszczególnych linii DH ze względu na ich wysokość plonowania oraz interakcję z latami umożliwiła przedstawienie rankingu tych linii uwzględniającego oba wymienione parametry. W rankingu (tab. 2) wyróżniono 3 grupy linii DH: linie najlepiej plonujące, przeciętnie plonujące i plonujące najslabiej, przyjmując jako kryterium podziału, ocenę efektu głównego poszczególnych genotypów (dodatnią bądź ujemną) oraz wartość krytyczną $F_{0,10} = 4,54$.

Tabela 2

Ranking linii DH
The ranking of DH lines

Linie najlepiej plonujące High yielding lines			Linie przeciętnie plonujące Average yielding lines			Linie najslabiej plonujące Low yielding lines		
genotyp genotype	$F_{obl.}$ $F_{calc.}$	ocena efektu głównego estimate of main effect	genotyp genotype	$F_{obl.}$ $F_{calc.}$	ocena efektu głównego estimate of main effect	genotyp genotype	$F_{obl.}$ $F_{calc.}$	ocena efektu głównego estimate of main effect
D3	11,58	0,44	S13	2,53	0,07	D10	5,36	-0,37
D4	11,33	0,45	S15	2,28	0,14	S11	7,23	-0,22
Maresi	10,87	0,28	D7	1,18	0,09	S5	7,67	-0,21
S10	7,99	0,21	D5	1,17	0,09	S6	10,11	-0,36
Klimek	4,60	0,36	D5	1,01	0,11	S3	17,55	-0,35
S12	4,58	0,21	D6	0,64	0,05	S7	18,32	-0,55
			D9	0,32	0,06			
			S4	0,25	0,05			
			D1	0,14	0,06			
			D12	0,03	0,02			
			D11	0,00	0,002			
			D13	0,15	-0,02			
			D8	0,19	-0,05			
			S14	0,21	-0,04			
			S8	1,14	-0,06			
			S2	1,21	-0,09			
			S1	3,11	-0,21			
			S9	3,75	-0,19			

Wartości krytyczne; Critical values: $F_{0,10} = 4,54$; $F_{0,05} = 7,71$; $F_{0,01} = 21,20$

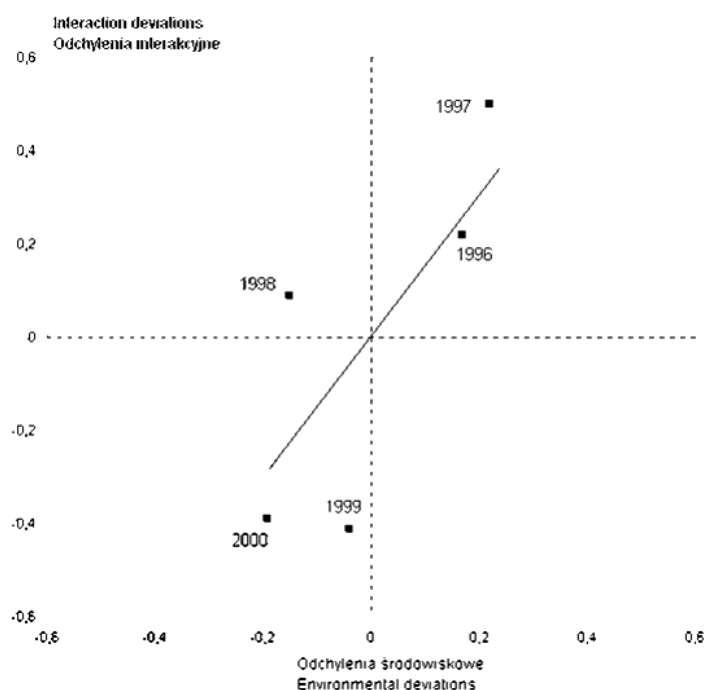
W każdej z grup podano oceny efektów głównych poszczególnych linii oraz wartości statystyki F dla tego efektu uwzględniające również wielkość interakcji danej linii z latami. Wśród genotypów najlepszych wyróżniają się dwie linie dwurzędowe D3 i D4, obie formy wyjściowe Maresi i Klimek oraz dwie formy sześciorzędowe S10 i S12. Grupy linii najgorszych tworzy jedna linia dwurzędowa i 5 linii sześciorzędowych. Pozostałe linie znalazły się w grupie linii przeciętnych. Aby uzyskać dodatkowe informacje dotyczące reakcji badanych genotypów grupy pierwszej na różne warunki klimatyczne lat dokonano, za pomocą regresji liniowej, podziału genotypów na linie stabilne i niestabilne, przy czym wśród tych ostatnich wyróżniono linie intensywne i ekstensywne (tab. 3).

Tabela 3

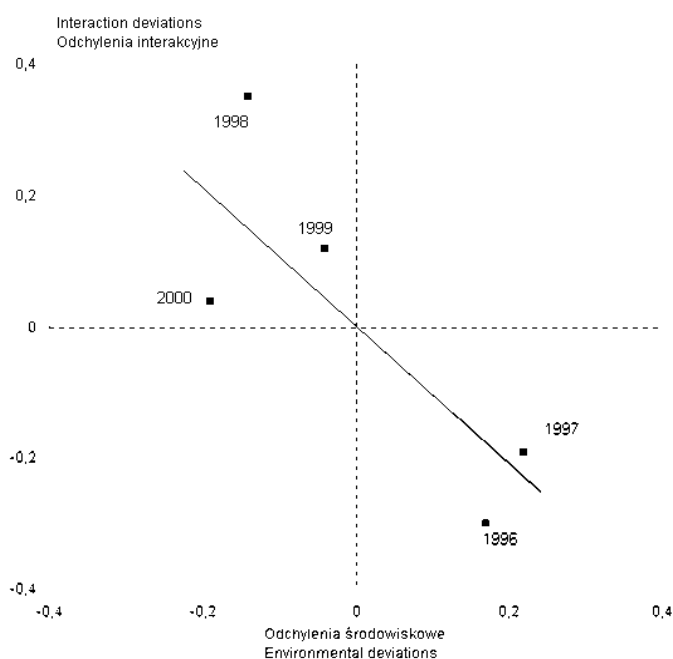
Klasyfikacja linii DH ($\alpha = 0,10$)
Classification of the DH lines

Plon Yield	Genotypy Genotypes			
	stabilne stable	niestabilne unstable		
		intensywne intensive	ekstensywne extensive	nieokreślone undefined
Wysoki High	M, S10	K		D3, D4, S12
Przeciętny Average	S13, D7, D5, D6, D11 D13, S14, S8, S2	D8	S15, D12, S1	D2, D9, S4, D1 S9
Niski Low	S11, S5, S3			D10, S6, S7

Spośród genotypów najlepszych stabilnymi okazały się linia sześciorzędowa S10 oraz dwurzędowa odmiana Maresi. Do genotypów intensywnych, tj. genotypów plonujących lepiej w latach ogólnie dobrych, można zaliczyć drugą z form wyjściowych, a mianowicie sześciorzędową odmianę Klimek (rys. 1). Jako linię ekstensywną, która plonuje lepiej w latach ogólnie niezbyt sprzyjających, możemy uznać linię sześciorzędową S1 zaliczoną do grupy genotypów o przeciętnym plonie (rys. 2).



Rys. 1. Regresja efektów interakcyjnych odmiany Klimek względem środowiska ($b = 1,63$)
Fig. 1. Regression of interaction effects of the cultivar Klimek on environment



Rys. 2. Regresja efektów interakcyjnych genotypu S1 względem środowiska ($b = -11,25$)
Fig. 2. Regression of interaction effects of the genotype S1 on environment

Tabela 4

Analiza porównań średnich linii dwu- i sześciorzędowych między sobą i z odmianami wyjściowymi
The analysis of the contrasts between means of 2-rowed and 6-rowed DH lines and the parental cultivars

Porównanie Contrast	Ocena kontrastu Estimate of the contrast	$F_{obl.}$ dla oceny kontrastu $F_{calc.}$ for estimate of the contrast	$F_{obl.}$ dla interakcji kontrastu z latami $F_{calc.}$ for the contrast by years interaction
$K - M$	0,088	0,17	5,75***
$K - \bar{D}$	0,292	2,48	8,17***
$K - \bar{S}$	0,468	7,30*	7,21***
$M - \bar{D}$	0,204	10,34**	0,96
$M - \bar{S}$	0,380	12,39**	2,80**
$\bar{D} - \bar{S}$	0,176	8,56**	6,46***

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,10$; Significant at the level $\alpha = 0.10$

** Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at the level $\alpha = 0.05$

*** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at the level $\alpha = 0.01$

K — Klimek; M — Maresi

$\bar{D}$ — Średnia plonu linii dwurzędowych; Mean yield of 2-rowed DH lines

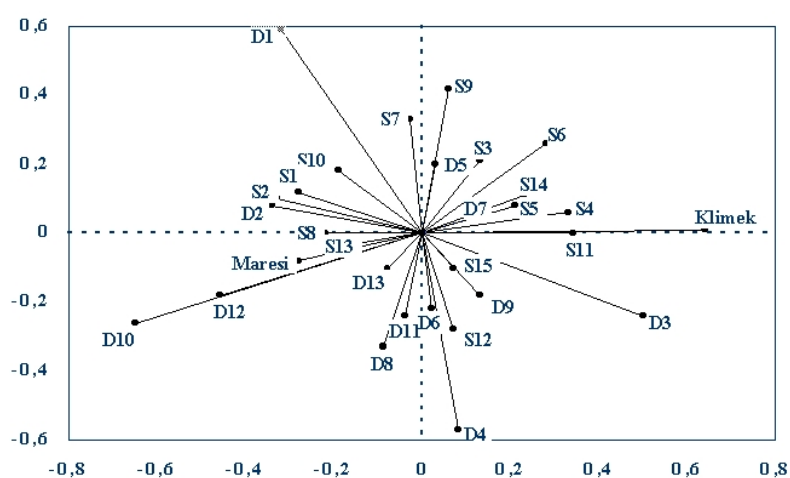
$\bar{S}$ — Średnia plonu linii sześciorzędowych; Mean yield of 6-rowed DH lines

Z uwagi na to, że wśród badanych linii DH występowały linie sześciorzędowe i dwurzędowe interesujące okazało się przeprowadzenie porównań średnich dla obu grup

między sobą, a także z formami wyjściowymi. W tabeli 4 przedstawione są oceny porównań, wartości statystyki F dla tych porównań i ich interakcji z latami. Łatwo zauważyć, że różnica w plonowaniu odmiany Klimek i Maresi jest nieznaczna (0,088 na korzyść Klimka), chociaż interakcja tego kontrastu z latami okazała się wysoce istotna. Informacje te są potwierdzeniem wcześniejszych rezultatów dotyczących badanych odmian; obie formy znalazły się w grupie genotypów najlepszych, przy czym Maresi była uznana za odmianę stabilną, zaś Klimek za odmianę intensywną. Porównanie plonu odmian wyjściowych ze średnimi linii dwurzędowych ($\bar{D}$) i sześciorzędowych ($\bar{S}$) okazało się w każdej sytuacji korzystne dla odmian, a szczególnie dla Maresi (oceny kontrastów $K-\bar{D}$ i $K-\bar{S}$, chociaż dodatnie, okazały się odpowiednio nieistotne bądź istotne lecz tylko na poziomie $\alpha = 0,10$).

Interakcje poszczególnych porównań z latami okazały się w większości przypadków istotne, co wskazuje na zróżnicowaną reakcję na zmienne warunki środowiska obu odmian rodzicielskich i linii DH występujących w tych porównaniach.

W celu uzyskania obrazu zachowania się genotypów w różnych warunkach środowiskowych (tj. w poszczególnych latach) przeprowadzono dodatkowe badanie struktury interakcji linii DH z latami za pomocą analizy składowych głównych. Pozwoliło ono dokonać rozmieszczenia badanych linii, ze względu na ich interakcję z latami, w układzie dwóch pierwszych składowych głównych (rys. 3). Wielkość interakcji każdej z nich jest określona poprzez miarę odległości punktów reprezentujących poszczególne linie DH od początku układu współrzędnych. Analizując rysunek 3 łatwo zauważyć, że genotypami o najwyższej interakcji z latami okazały się przede wszystkim linie dwurzędowe D1, D3, D4, D10 i D12 oraz odmiana Klimek.



Rys. 3. Wektorowe przedstawienie genotypów w układzie składowych głównych
Fig. 3. Vector representation of the genotypes in the principal components space

WNIOSKI

Zastosowane metody statystyczne analizy interakcji genotypowo-środowiskowej pozwoliły:

- przeprowadzić ranking genotypów najlepiej plonujących, przeciętnie plonujących i najslabiej plonujących; w pierwszej grupie obok odmian wzorcowych znalazły się dwie linie dwurzędowe i dwie sześciorzędowe,
- wyróżnić spośród genotypów o największym plonie dwu form stabilnych: odmiany Maresi i linii sześciorzędowej S10 oraz jednej formy intensywnej (odmiany Klimek),
- wyróżnić spośród linii DH o przeciętnym plonie dziewięciu linii stabilnych, jednej formy o tendencji intensywnej (D8), jednej formy ekstensywnej (S1) oraz linii (S15 i D12) o tendencji ekstensywnej,
- przeprowadzić porównanie przeciętnego plonu linii dwu- i sześciorzędowych, które wypadło zdecydowanie korzystnie dla tych pierwszych.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. Biuletyn Oceny Odmian 17/18: 7 — 34.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype-environment interactions. In: Advances in Biometrical Genetics, P. Krajewski and Z. Kaczmarek (eds). IGR PAN, Poznań: 3 — 14.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Statistical methodology and usage of the program SERGEN (Version 3 for Windows 95) dedicated to analysis of series of plant genetic and breeding experiments. IGR PAN, Poznań.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. Roczniki AR w Poznaniu, Rozprawy Naukowe 155: 1 — 117.
- Kasha K. J., Ziauddin A., Cho U.-H., Simion E., Petroski R., CistuŹ L. 1997. Anther and microspore culture of barley and wheat. J. Appl. Genet. 38: 373 — 380.
- Mądry W. 2002. Model mieszany regresji łącznej z nierównymi wariancjami reszt. Colloquium Biometryczne 32: 141 — 157.
- Ullrich S. E., Kleinhofs A., Hou L., Jones B. L. 1998. Application of *in vitro* culture techniques to barley (*Hordeum vulgare* L.) improvement. J. Appl. Genet. 39: 49 — 58.