

JAN KACZMAREK**HENRYK BUJAK****WŁADYSŁAW KADŁUBIEC**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena podobieństwa linii wsobnych żyta ozimego na podstawie analizy wybranych cech

Estimation of similarity of winter rye inbred lines based on analysis of selected traits

Do tworzenia najlepszych mieszańców drogą krzyżowania linii wsobnych konieczny jest dobór partnerów rodzicielskich. Aby ograniczyć rozmiary programów krzyżowań potrzebna jest dobra znajomość linii pod względem pochodzenia, pokrewieństwa, zdolności kombinacyjnych jak również walorów użytkowych i technologicznych.

Materiałem badawczym było 120 linii wsobnych żyta ozimego o różnym pochodzeniu i stopniu wsobności. W celu oceny zróżnicowania linii wsobnych i ich podziału na grupy jednorodne dla badanych cech użytkowych wykonano analizy wariancji a następnie testowano metodą Haufe-Geidel oraz wykonano analizę skupień metodą Warda.

Analiza wariancji i test Haufe-Geidel pozwoliły na rozdzielenie kolekcji 120 linii na kilka rozłącznych jednorodnych grup o różnej wartości hodowlanej. Dla liczby ziaren z kłosa utworzono pięć, wysokości roślin i masy ziaren z kłosa cztery, a dla pozostałych cech po trzy grupy jednorodne. Hierarchiczna klasyfikacja sześciu cech wydzieliła 57 grup, a według indeksów wartości hodowlanej dziewięć grup od najlepszych z 8, 9 i 10 punktami do najgorszych z 14, 15 i 17 punktami. Stosowanie jednego indeksu przy ocenie wielu cech bardziej obiektywizuje decyzje o wyborze linii. Klasyfikacja linii według najdalszego sąsiedztwa wskazuje na silne międzyliniowe zróżnicowanie. Prawie każda linia z kolekcji stanowi odrębną grupę jednorodną.

Słowa kluczowe: linie wsobne, wartość hodowlana, żyto

For obtention of best possible hybrids through crossing of inbred lines a good choice of parent partners is necessary. To limit the extent of crossing procedures, the lines should be well known with respect to origin, affinity, combining abilities as well as the values of usefulness and technological ones.

The research material was composed of 120 winter rye lines of different origin and degree of inbreeding. In order to differentiate the inbred lines and categorize them into homogeneous groups, variation analyses were performed for the quantitative traits studied. Then the traits were tested with the use of the Haufe-Geidel method, and a cluster analysis by the Ward method was carried out.

The variation analysis and the Haufe-Geidel test enabled to divide the collection of 120 lines into several separate homogeneous groups of different breeding value. Five homogeneous groups were created for the number of grains from an ear, four - both for plant height and weight of grain from an ear, and three — for the remaining traits. Hierarchic classification of six traits allowed to distinguish 57 groups, and 9 groups according to the breeding value indices: from the best having 8, 9 and 10 points

to the worst with 14, 15 and 17 points. Application of one index for evaluation of a number of traits makes the choice of line more objective. Cluster analysis of the lines following the Ward method indicates strong interline differentiation. Almost every line from the collection constitutes a distinct homogeneous group.

Key words: breeding value, inbred lines, rye

WSTĘP

Do tworzenia najlepszych mieszańców drogą krzyżowania linii wsobnych konieczny jest dobór partnerów rodzicielskich. Nawet niewielka liczba linii wsobnych stwarza możliwość uzyskania dużej liczby mieszańców. Aby ograniczyć rozmiary programów krzyżowań potrzebna jest dobra znajomość linii pod względem pochodzenia, pokrewieństwa, zdolności kombinacyjnych jak również walorów użytkowych i technologicznych. Badania oceniające zmienność i współzależność cech w kolekcjach żyta ozimego prowadzili Węgrzyn i wsp. (1996), Grochowski i wsp. (1996), Kolasińska (1996). W przypadku linii wsobnych dysponujemy mniej kompleksowymi ocenami kolekcji. Kolekcja we Wrocławiu oceniana była fragmentarycznie w różnych publikacjach (Bujak i in., 1993; Kaczmarek, 1985; Kaczmarek i Tłuścik, 1984; Kadłubiec i in., 1995).

Przed podjęciem decyzji o wyborze najlepszych pojedynków wykonuje się na dużej liczbie roślin pomiary biometryczne wielu cech. Hodowca dla każdej kontrolowanej właściwości ustala kryteria wyboru. Najczęściej akceptowana jest wartość cechy, która odchyła się w korzystnym kierunku od średniej arytmetycznej badanej populacji. Przy ocenie większej liczby cech powstaje problem, które rośliny wybrać, jeżeli część z nich odchyła się w negatywnym kierunku. Przy braku powtórzeń (jeden wynik dla każdej rośliny) nie ma możliwości statystycznego podzielenia populacji roślin na więcej niż dwie grupy.

Przy badaniu wartości hodowlanej linii wsobnych lub czystych mamy możliwość wielokrotnego powtórzenia pomiarów w obrębie linii i tym samym wykonania analizy wariancji, a następnie rozdzielenia jej na grupy jednorodne. Jeśli ocenia się dużą liczbę obiektów, wtedy najczęściej wyznaczamy wiele grup jednorodnych silnie zachodzących na siebie. Hodowca w dalszym ciągu nie ma możliwości jednoznacznego podziału linii na grupy najwartościowsze, pośrednie i najgorsze. Wprowadzony test Haufe-Geidel (1984) pozwala na wydzielenie rozłącznych grup i tym samym przypisanie każdej grupie nie statystycznego, lecz hodowlanego indeksu (a_1 , a_2 , a_3 itd.) przydatności.

Przy hierarchicznej klasyfikacji wielu cech otrzymujemy podział kolekcji linii na wiele grup o różnej wartości hodowlanej. Każdej z cech można nadać różne wagi przy indeksach w trakcie selekcji. W prezentowanej pracy przypisano cechom wagi jednakowe. Indeks zwiększa się o jeden dla każdej kolejnej grupy jednorodnej.

Wydzielenie jednorodnych grup obiektów metodą najdalszego sąsiedztwa Warda umożliwia określenie podobieństwa międzyliniowego, ale brak nadania cechom określonej wartości hodowlanej utrudnia wybór najwartościowszych obiektów.

Celem badań była ocena zróżnicowania i określenie wartości hodowlanej linii wsobnych żyta ozimego pod względem sześciu cech użytkowych oraz ich pogrupowanie

na genetycznie podobne za pomocą testu Haufe-Geidel i analizy wielocechowej skupień metodą Warda.

MATERIAŁ I METODY

Badano 120 linii wsobnych żyta ozimego znajdujących się w kolekcji Katedry Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Rolniczej we Wrocławiu. Linie wsobne charakteryzowały się różnym pochodzeniem i stopniem wsobności od S_6 do S_{31} . W 2000 roku w doświadczeniu polowym badano u linii wysokość roślin, długość dokłosa, długość kłosa, masę ziaren z kłosa, liczbę ziaren z kłosa i masę tysiąca ziaren. Do pomiarów biometrycznych wybrano losowo z każdego poletka 40 roślin. Do oceny zróżnicowania linii wsobnych i ich podziału na grupy jednorodne wykonano analizy wariancji oraz testowano metodą Haufe-Geidel oraz metodą skupień Warda.

Wydzielenie jednorodnych grup linii dla każdej cechy rozpoczęto od testu Haufe-Geidel, a następnie hierarchicznej klasyfikacji wartości hodowlanej linii. Przy porównaniu średnich każdej z każdą tworzymy grupy jednorodne, których końce zachodzą na siebie. Test Haufe-Geidel (1984) daje możliwość tworzenia grup jednorodnych rozdzielnych, nie zachodzących na siebie. Powstaje on poprzez zastosowanie modyfikacji korygującej wielkość najmniejszej istotnej różnicy, dla której wzór ogólny przedstawia się następująco:

$$GD = S_{\bar{x}} * T(\alpha; p, k, FG)$$

gdzie:

$S_{\bar{x}}$ — błąd standardowy średniej arytmetycznej,

α — poziom istotności,

p — liczba porównywanych obiektów,

k — liczba badanych obiektów porównywanych w grupie,

FG — liczba stopni swobody błędu z analizy wariancji,

T — wartość tablicowa testu.

Po przyjęciu jako różnicę graniczną

$$GD_1 = \sqrt{\frac{S^2}{n}} * \sqrt{2} * t_{FG, \alpha}$$

przy $\alpha = 0,05$ i FG — liczba stopni swobody, wtedy do porównań więcej niż jednego obiektu wartość krytyczna GD_1 jest zbyt wysoka i wówczas błąd standardowy różnicy można zmniejszyć według następującego wzoru:

$$s_d = \sqrt{\frac{S^2}{n} + \frac{S^2}{kn}}$$

Wykorzystując korektę uzyskuje się następującą modyfikację:

$$GD_k = \sqrt{\frac{S^2}{n}} * \sqrt{\frac{k+1}{k}} * t_{FG,\alpha}$$

Po wyliczeniu GD_1 jako wartości najmniejszej istotnej różnicy (NIR) wówczas stosując współczynnik korygujący $\sqrt{\frac{k+1}{2k}}$ otrzymujemy następujący wzór dla wartości krytycznej:

$$GD_k = GD_1 * \sqrt{\frac{k+1}{2k}}$$

Przykładowe korygujące współczynniki dla kolejnych porównań są następujące:

k Liczba kolejnych porównań	Współczynniki korygujące $\sqrt{\frac{k+1}{2k}}$
1	1
2	0,8660
3	0,8165
4	0,7906
5	0,7746
.	.
.	.
.	.
10	0,7416
.	.
.	.
15	0,7303
.	.
.	.
20	0,7246
.	.
.	.
.	.

Dalsze założenia metody :

- metoda ta znajduje granice grup, które są określone poprzez podział średnich obiektowych i wielkości krytycznej różnicy,
- liczba grup nie jest pierwotnie ustalona, lecz zostaje ustalona poprzez wielkość krytycznej różnicy i podział obiektów.

Średnie obiektowe należy uporządkować w sposób rosnący lub malejący. Pierwszy obiekt otrzymuje wartość literową $KW_1 = 1$. Tworzymy różnicę „D” między drugim i pierwszym obiektem i porównujemy ją z wartością GD_1 . Jeśli $D > GD_1$, wtedy obiekt drugi zaliczamy do wyższej grupy. Jeśli $D < GD_1$, wtedy obiekt drugi należy do grupy pierwszej. Kolejno tworzymy różnicę „D” między obiektem trzecim a średnią obiektów poprzedniej grupy, w tym przypadku $D = x_3 - 0,5 (x_1 + x_2)$. Ta różnica jest dalej porównywana z

wartością GD. W zależności od wyniku sposób postępowania jest w analogicznie kontynuowany z następną wartością.

Przy drugiej metodzie Warda wykonano dendrogram metodą najdalszego sąsiedztwa i określono podobieństwa międzyobiektywne linii za pomocą statystyki F_α .

$$F_\alpha = \frac{\alpha}{\left(\frac{n}{2}\right)}, p, n - a - p + 2$$

gdzie:

α — poziom istotności,

p — liczba badanych cech,

a — liczba obiektów,

n — liczba obserwacji.

Dendrogram przecięto linią prostą na poziomie F_α , otrzymując skupienia linii zawieszone na odpowiednich gałęziach. Skupienia te stanowią grupy jednorodne pod względem badanych cech.

WYNIKI BADAŃ

Analiza wariancji przeprowadzona według modelu kompletnej randomizacji wykazała istotne zróżnicowanie badanych linii wsobnych dla wszystkich analizowanych cech użytkowych (tab. 1). W tabeli 2 przedstawiono grupy jednorodne z indeksami, i zakresy średnich dla wysokości roślin, długości dokłosa i długości kłosa. Dla wysokości roślin ustalono cztery, a dla długości dokłosa i długości kłosa po trzy grupy jednorodne.

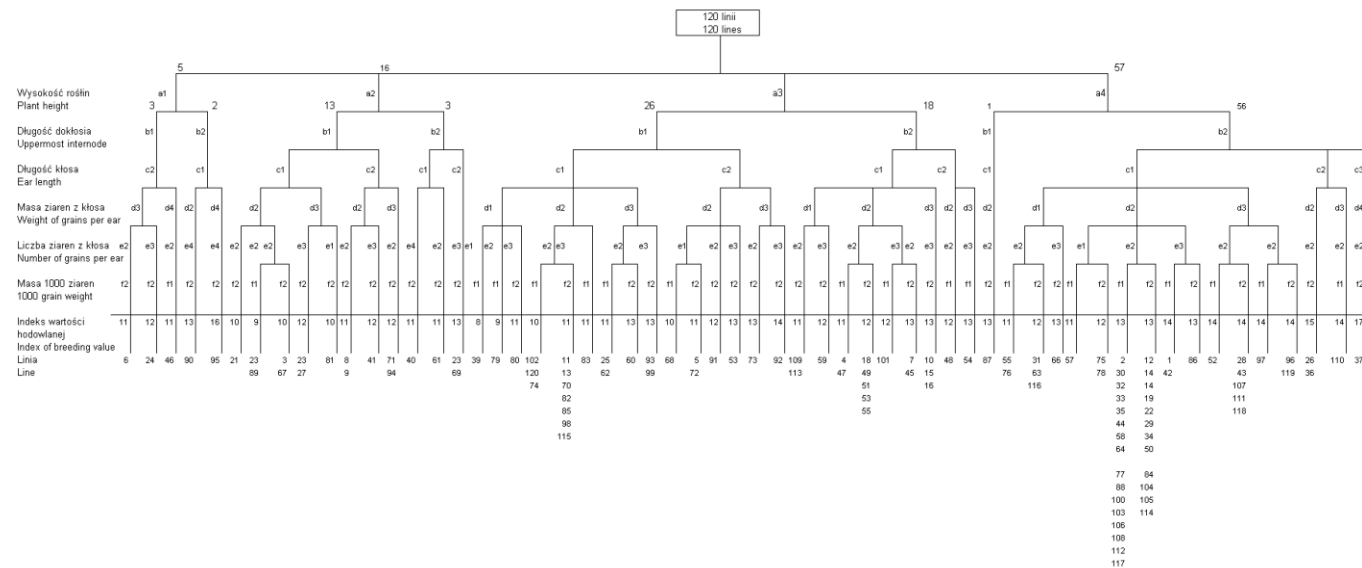
Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności z analizy wariancji dla badanych cech
The mean squares for the analysed traits

Zmienność Variability	Stopnie swobody Degree of freedom	Średnie kwadraty Mean squares					
		Wysokość roślin Plant height	Długość dokłosa Uppermost internode length	Długość kłosa Ear length	Masa ziaren z kłosa Weight of grains per ear	Liczba ziaren z kłosa Number of grains per ear	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight
Genotypy Genotypes	119	1425,49**	133,83**	7,41**	0,84**	438,99**	99,68**
Błąd Error	357	131,88	26,79	2,92	0,14	83,46	18,18

** — Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$

** — Significant at $\alpha = 0,01$



Indeks wartości hodowlanej jest równy sumie indeksów poszczególnych cech (a + b + c + d + e + f)
The index of breeding value is equal to the sum of indices for particular traits (a + b + c + d + e + f)

Rys. 1. Hierarchiczna klasyfikacja wartości hodowlanej linii na podstawie 6 cech użytkowych
Fig. 1. Hierarchic classification of breeding value of lines on the basis of 6 agronomical traits

Tabela 2

Podział linii wsobnych żyta na grupy jednorodne (test Haufe-Geidel) według malejącej wartości selekcyjnej dla wysokości roślin (a), długości dokłosa (b) i długości kłosa (c)
Ranges of means and division of inbred lines of rye into separate homogenous groups (according to the Haufe-Geidel's test) for plant height (a), uppermost internode (b) and ear length (c)

Wysokość roślin Plant height			Długość dokłosa Uppermost internode length			Długość kłosa Ear length		
Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (cm) Range of means	Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (cm) Range of means	Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (cm) Range of means
a ₁	5	66,0 — 73,0	b ₁	43	21,3 — 30,0	c ₁	95	9,3 — 13,3
a ₂	16	78,3 — 97,5	b ₂	75	30,5 — 44,8	c ₂	24	7,3 — 9,0
a ₃	44	100,3 — 119,3	b ₃	2	17,3 — 18,8	c ₃	1	6,8
a ₄	56	120,3 — 158,0						

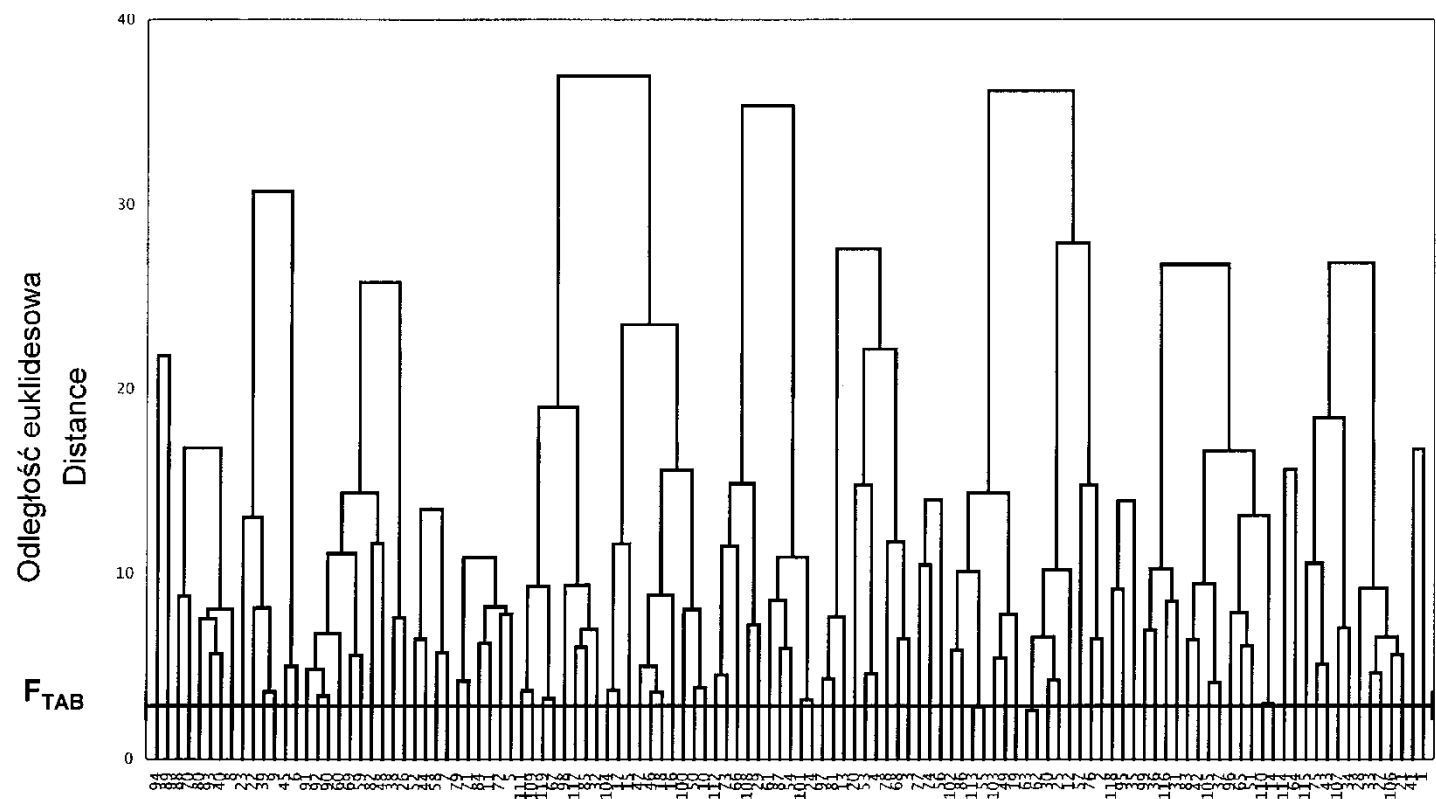
Tabela 3 ilustruje identyczne zasady podziału jak poprzednia dla masy ziaren z kłosa, liczby ziaren z kłosa i masy 1000 ziaren. Liczba ziaren z kłosa różnicowała linie na pięć, masa ziaren z kłosa na cztery, a masa 1000 ziaren na trzy rozłączne grupy jednorodne.

Zgodnie z wydzielonymi uprzednio grupami (tab. 2, 3) na rysunku 1 przedstawiono hierarchiczną klasyfikację wartości hodowlanej linii dla sześciu cech z uwzględnieniem przypisanych indeksów liczbowych. Kolekcję 120 linii rozdzielono na 57 grup.

Tabela 3

Podział linii wsobnych żyta na grupy jednorodne (test Haufe-Geidel) według malejącej wartości selekcyjnej dla masy ziaren z kłosa (d), liczby ziaren z kłosa (e) i masy 1000 ziaren (f)
Ranges of means and division of inbred lines of rye into separate homogenous groups (according to the Haufe-Geidel's test) for weight of grains per ear (d), number of grains per ear (e) and 1000 grain weight (f)

Masa ziaren z kłosa Weight of grains per ear			Liczba ziaren z kłosa Number of grains per ear			Masa 1000 ziaren 1000 grain weight		
Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (g) Range of means	Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (g) Range of means	Grupa jednorodna Homogenous group	Liczba linii Number of lines	Zakres średnich (g) Range of means
d ₁	15	2,05 — 2,96	e ₁	3	72 — 81	f ₁	52	31,6 — 47,4
d ₂	73	1,20 — 1,99	e ₂	89	42 — 66	f ₂	60	24,3 — 31,2
d ₃	29	0,81 — 1,18	e ₃	25	31 — 41	f ₃	8	19,0 — 23,5
d ₄	3	0,17 — 0,64	e ₄	2	21 — 27			
			e ₅	1	7			



Rys. 2. Podobieństwo linii pod względem badanych cech
 Fig. 2. Similarity of the lines in regard to the investigated traits

Ponieważ indeks o wartości "1" określa najlepszą grupę, zatem łączny najniższy indeks "T" wskazuje najlepsze linie pod względem hodowlanym. Najlepsze linie mają wartości indeksu "T" od 8 do 10. Po prawej stronie rysunku 1 obiekty otrzymały wyższe indeksy i należy je uznać za gorsze.

Na rysunku 2 przedstawiono dendrogram dla 120 linii wykonany metoda skupień Warda. Dendrogram przecięto linią prostą na poziomie F_{α} , otrzymując skupienia linii zawieszane na odpowiednich gałęziach. Skupienia te stanowią grupy jednorodne pod względem badanych sześciu cech. Jak wynika z rysunku 2 prawie każda linia stanowi odrębną grupę. Możemy z niego tylko wnioskować, że linie bardziej oddalone od siebie są silniej zróżnicowane niż leżące w bliższym sąsiedztwie.

WNIOSKI

1. Analiza wariancji i test Haufe-Geidel pozwoliły na rozdzielenie kolekcji 120 linii na kilka rozłącznych jednorodnych grup o różnej wartości hodowlanej. Dla liczby ziaren z kłosa utworzonopięć, wysokości roślin i masy ziaren z kłosa cztery, a dla pozostałych cech po trzy grupy jednorodne.
2. Hierarchiczna klasyfikacja sześciu cech wydzieliła 57 grup, a według indeksów wartości hodowlanej dziewięć grup od najlepszych z 8, 9 i 10 punktami do najgorszych z 14, 15 i 17 punktami. Stosowanie jednego indeksu przy ocenie wielu cech bardziej obiektywizuje decyzje o wyborze linii.
3. Klasyfikacja linii według najdalszego sąsiedztwa wskazuje na silne międzyliniowe zróżnicowanie. Prawie każda linia z kolekcji stanowi odrębną grupę jednorodną.

LITERATURA

- Bujak H., Kaczmarek J., Kadłubiec W. 1993. Analiza wartości kombinacyjnych linii wsobnych żyta w diallelicznym krzyżowaniu. Zesz. Nauk AR Wroc. 223: 115 — 120.
- Haufe W., Geidel H. 1984. Vorschlag eines Schätzverfahrens zur Klassifizierung von Versuchsergebnissen. Arbeitsgemeinschaft der Saatzüchtleiter. A-8952 Irdning: 257 — 290.
- Kaczmarek J. 1985. Charakterystyka morfologiczna linii wsobnych i klonów żyta (*Secale cereale* L.). Zesz. Nauk AR Wroc. 152: 19 — 29.
- Kaczmarek J., Tuścik F. 1984. Variability of alkylresorcinol content in rye (*Secale cereale* L.) grains. A comparative analysis with several species of the genus *Triticum*. Genet. Pol. 25, 4: 1 — 10.
- Kadłubiec W., Bujak H., Kaczmarek J. 1995. Wielocechowa analiza Kształtowania się masy ziarna z kłosa w liniach wsobnych i pokoleniach F_1 , F_2 , F_3 żyta ozimego. Zesz. Nauk AR Wroc. 278: 103 — 108.
- Kolasińska I. 1996. Analiza depresji wsobnej wybranych cech żyta. Biul. IHAR 200: 109 — 118.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T., Grochowski L. 1996. Zmienność i współzależność cech oraz ocena zjawisk genetycznych w kolekcji roboczej żyta ozimego 1977–1992. Biul. IHAR 200: 69 — 84.