



Pszenżyto w Małyszynie (HR Strzelce Sp. z o.o.)

Fot. G. Wodzyńska-Łapińska

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 250/2008



Pszenżyto w Małyszynie (HR Strzelce Sp. z o.o.). Fot. G. Wodzyńska-Łapińska

RADZIKÓW 2008
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN — RADZIKÓW
05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Dyrektor: Prof. dr hab. Edward Arseniuk

Komitet Redakcyjny:
Editorial Committee:

HENRYK J. CZEMBOR (Przewodniczący — Editor-in Chief),
DANUTA BOROS, WIESŁAW MĄDRY, WOJCIECH NOWACKI,
STANISŁAWA ROZTROPOWICZ-SZKUBEL, BARBARA ZAGDAŃSKA,
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA (Sekretarz Redakcji — Editorial Secretary)

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Redaktor techniczny i skład komputerowy
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o



SZKLARSKA PORĘBA 16 — 19. 06. 2008

KOMITET NAUKOWY SYMPOZJUM

Prof. dr hab. EDWARD ARSENIUK
Prof. dr hab. HENRYK J. CZEMBOR
Prof. dr hab. JERZY HORTYŃSKI
Prof. dr hab. JAN KACZMAREK
Dr hab. prof. nadzw. UP WŁADYSŁAW KADŁUBIEC
Prof. dr hab. WIESŁAW MĄDRY

KOMITET ORGANIZACYJNY SYMPOZJUM

Dr hab. prof. nadzw. UP HENRYK BUJAK
Dr hab. prof. nadzw. UP WŁADYSŁAW KADŁUBIEC
Dr inż. RAFAŁ KURIATA

MARIA SURMA
TADEUSZ ADAMSKI
ZYGMUNT KACZMAREK
PAWEŁ KRAJEWSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Genetyka ilościowa — przegląd przez stulecie

Quantitative genetics —review through the century

W pracy przedstawiono rozwój genetyki cech ilościowych na tle najistotniejszych osiągnięć w biometrii i naukach biologicznych. Dokonano przeglądu stosowanych podejść i metod w ujęciu historycznym wyodrębniając cztery zasadnicze okresy: 1 — powstanie hipotezy czynników wielokrotnych, 2 — rozwój metod opartych na mieszańcach wczesnych pokoleń, 3 — zastosowanie linii podwojonych haploidów (DH) w badaniach nad dziedziczeniem cech ilościowych, 4 — połączenie metod genetyki ilościowej i molekularnej. Okresy te scharakteryzowano biorąc pod uwagę możliwości oceny efektów allelicznego i nieallelicznego działania genów, liczby segregujących genów oraz wykrywania sprzężeń. Omówiono także najnowsze trendy w badaniach dotyczących molekularnych podstaw dziedziczenia cech ilościowych.

Słowa kluczowe: genomika ilościowa, loci dla cech ilościowych, niealleliczna interakcja, poligeny, sprzężenia

In the paper a development of quantitative genetics has been presented on the background of the main achievements in biometry and biology. Different approaches and methods in historical aspect have been described and four periods in quantitative genetics history were distinguished: (1) formulating the hypothesis of polygenes, (2) the development of methods based on segregating generations, (3) the use of doubled haploid populations in analysis of quantitative inheritance, (4) combining quantitative and molecular genetics. These periods have been characterized taking into account estimation of allelic and nonallelic gene action effects, number of segregating genes and presence of linkage between genes. Current trends in studies on molecular basis of quantitative inheritance were also discussed.

Key words: nonallelic interaction, linkage, polygenes, quantitative genomics, quantitative trait loci

WSTĘP

Gregor Johann Mendel, zakonnik, opat i nauczyciel czeski, żyjący w latach 1822–1884, uznawany jest za twórcę teoretycznych podstaw genetyki. Prowadząc doświadczenia nad mieszańcami grochu siewnego odkrył w zjawiskach dziedziczenia pewne prawidłowości nazwane później prawami Mendla. Zarówno Mendel, jak i jego następcy świadomie pomijali cechy o zmienności ciągłej, prawdopodobnie dlatego, że wprowadziłyby one

zaburzenia do interpretacji wyników. Tymczasem cechy roślin i zwierząt wykazujące zmienność ciągłą były już w dziewiętnastym wieku obiektem badań, głównie statystyków. Należy tu wymienić przede wszystkim Francis Galtona (1822–1911), uznawanego za „ojca chrzestnego” biometrii. W 1889 roku opublikował on „Natural inheritance”, pracę, w której podał ogólne podstawy metod analizy zmienności u rodziców i ich potomstwa.

Galton i jego uczniowie, a także Karl Pearson (1857–1936) ze swoimi uczniami negowali słuszność stosowania praw Mendla w odniesieniu do cech ilościowych i traktowali zasady dziedziczenia nieciągłego jako wyjątek od uznawanego przez nich dziedziczenia typu ciągłego i „mieszającego się”. Z kolei zwolennicy Mendla uważali uznawaną przez biometrów zasadę dziedziczenia za niezgodną z nieciągłą zmiennością genetyczną, posuwając się nawet do stwierdzenia, że istnienie ciągłej zmienności fenotypowej jest dowodem niedziedzicznego charakteru cechy.

Spór między grupą genetyków i biometrów próbował rozstrzygnąć Yule w 1906 roku twierdząc, że nie ma sprzeczności między zasadami dziedziczenia ciągłego i nieciągłego. Wykazał on, że dziedziczenie zmienności ciągłej można wytłumaczyć istnieniem wielu czynników wywołujących niewielkie i podobne efekty, przy czym każdy pojedynczy czynnik dziedziczy się zgodnie z prawami Mendla. Koncepcja tzw. czynników wielokrotnych została poparta przez dwóch genetyków szwedzkich: Johannsena, który prowadząc eksperyment z fasolą wykazał, że ciągły charakter zmienności jest wynikiem łącznego działania czynników dziedzicznych i niedziedzicznych oraz Nilsona-Ehle, który opisał naturalny model działania czynników wielokrotnych prezentowany przez Yule’a. Ostateczny dowód, że dziedziczenie cech ilościowych można przypisywać liczny genom o podobnym działaniu przedstawił East (1916). Jednakże za początek rozwoju nowoczesnej genetyki cech ilościowych można przyjąć datę ogłoszenia w roku 1918 przez Ronalda Fishera pracy pt. „The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance”. W pracy tej przedstawione zostały podstawy modelowania matematycznego dotyczące działania genów przy dziedziczeniu poligenicznym.

Wykorzystanie metod statystycznych w badaniach z zakresu genetyki ilościowej można było obserwować przez cały ubiegły wiek, a i obecnie, wraz z rozwojem biologii molekularnej nie tylko ono nie maleje, ale nabiera coraz większego znaczenia. Co więcej, im bardziej wyrafinowane metody molekularne są stosowane, tym bardziej skomplikowane metody statystyczne muszą być opracowywane i używane do poprawnej analizy i interpretacji wyników eksperymentów biologicznych.

BADANIE STRUKTURY GENETYCZNEJ POPULACJI POD WZGLĘDEM CECH ILOŚCIOWYCH POPRZEZ STATYSTYCZNĄ ANALIZĘ ZMIENNOŚCI

Wykazanie przez Johannsena występowania różnicy między genotypem i fenotypem oraz udowodnienie przez Nilssona-Ehle i Easta faktu, że cechy ilościowe dziedziczą się zgodnie z prawami Mendla pozwoliło jednoznacznie stwierdzić, że zmienność fenotypu jest wynikiem łącznego działania genotypu i środowiska.

Działanie to można przedstawić w postaci liniowego modelu matematycznego.

Model matematyczny wartości fenotypowej można zapisać następująco:

$$P = G + E,$$

gdzie:

G — jest wartością genotypową, a E — efektem środowiskowym.

Korzystając ze wzoru na wariancję sumy zmiennych losowych oraz przyjmując nieskorelowanie zmiennych G i E otrzymujemy

$$\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2,$$

gdzie σ_P^2 jest wariancją fenotypową, σ_G^2 — wariancją genotypową a σ_E^2 — wariancją środowiskową.

Fisher (1918) zaproponował podział zmienności genetycznej na 3 składniki zmienności dziedzicznej, który stał się paradygmatem genetyki ilościowej:

- zmienność addytywną, określającą różnicę między homozygotami w każdym *locus*,
- zmienność dominacji, wynikającą ze współdziałania alleli (współdziałanie intra-alleliczne),
- zmienność epistatyczną, wynikającą ze współdziałania genów nieallelicznych (współdziałanie interalleliczne).

Oznacza to, że wariancję genotypową można przedstawić jako wariancję addytywną, σ_A^2 , i nieaddytywną σ_{NA}^2 , będącą sumą wariancji dominacji σ_D^2 i epistazy σ_I^2 , czyli

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_{NA}^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2.$$

Stosunek wariancji genotypowej, a także genetycznej wariancji addytywnej do wariancji fenotypowej może być znaczącą właściwością populacji ze względu na badaną cechę ilościową. Udział wariancji genotypowej σ_G^2 w wariancji fenotypowej σ_P^2 świadczy o stopniu zgodności wartości fenotypowej P z wartością genotypową G u osobników danej populacji, natomiast udział genetycznej wariancji addytywnej σ_A^2 w wariancji fenotypowej σ_P^2 określa stopień współzależności (zgodności) między wartością fenotypową a sumą efektów addytywnych. Zgodności te wyrazić można za pomocą dwóch wielkości przedstawiających odpowiednio współczynnik odziedziczalności w szerszym sensie

$$h_G^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

i współczynnik odziedziczalności w węższym sensie

$$h_A^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2}.$$

CECHY JAKOŚCIOWE A CECHY ILOŚCIOWE

Jak stwierdziliśmy wyżej, zasadniczą różnicą między cechami jakościowymi a ilościowymi, która legła u podstaw sporu między biologami na początku ubiegłego wieku, jest ciągły charakter zmienności cech ilościowych. Fakt ten implikuje nieco inne podejścia w pracach nad poznaniem sposobu ich dziedziczenia. W przypadku cech jakościowych główny nacisk położony jest na:

- liczbę genów warunkujących cechę,
- współdziałanie alleli w jednym *locus* (dominacja, ko-dominacja, recesywność),
- współdziałanie alleli z różnych *loci* (epistaza),
- oszacowanie współczynnika rekombinacji (w przypadku cech sprzężonych).

Wszystkie te informacje można łatwo uzyskać obserwując badaną cechę u mieszańców pokolenia F_1 oraz rozszczepienia w pokoleniu F_2 lub/i w pokoleniach mieszańców uzyskanych w pokoleniach wstecznych.

W odniesieniu do cech ilościowych badania zmierzają do poznania ich dziedziczenia poprzez:

- określenie sposobu działania genów na podstawie:
 - oceny efektów addytywnych i dominacyjnych,
 - oceny efektów współdziałania genów z różnych *loci* (niealleliczna interakcja),
- oszacowanie liczby czynników efektywnych warunkujących daną cechę,
- stwierdzenie, czy geny warunkujące daną cechę dziedziczą się niezależnie.

Istotnym elementem badań związanych z cechami ilościowymi jest także określenie wpływu środowiska na obserwowaną zmienność oraz interakcji genotypowo-środowiskowej.

Jak można zauważyć, zasadnicza różnica między tymi dwiema grupami cech polega na tym, że w cechach jakościowych stwierdza się występowanie danego zjawiska na podstawie prostych obserwacji fenotypowych, natomiast w cechach ilościowych wyraża się efekty tego zjawiska liczbowo. Najczęściej szacuje się odpowiednie parametry genetyczne (na podstawie wartości średnich lub wariancji) i na podstawie ich istotności wnioskuje się sposobie działania genów. Do najczęściej stosowanych parametrów, opartych na wartościach średnich odpowiednich zestawów generacji należą (w tzw. zapisie F_∞ -metrics): [d], [h], [i], [l], i [j], charakteryzujące, kolejno, efekty addytywnego działania genów, dominacji oraz nieallelicznej interakcji *loci* homo $\times$ homo, hetero $\times$ hetero i homo $\times$ hetero (Mather i Jinks, 1970; Kaczmarek i in., 1984).

W przypadku cech ilościowych analiza tylko mieszańców F_1 i F_2 jednej kombinacji krzyżówkowej, tak jak ma to miejsce w badaniu dziedziczenia cech jakościowych, nie pozwala ani na określenie sposobu działania genów, ani na oszacowanie liczby genów, czy też stwierdzenie występowania sprzężeń. Aby uzyskać choć część z tych informacji, w połowie ubiegłego wieku rozwinięto wiele metod opartych na analizie mieszańców uzyskanych z krzyżowań w odpowiednich układach, bądź też na analizie mieszańców kilku pokoleń tej samej kombinacji krzyżówkowej.

METODY OPARTE NA MIESZAŃCACH WCZESNYCH POKOLEŃ

Lata pięćdziesiąte i sześćdziesiąte dwudziestego wieku były okresem intensywnego rozwoju metod analizy dziedziczenia cech ilościowych opartych na danych uzyskiwanych z obserwacji mieszańców wczesnych pokoleń. Można podzielić je na dwie grupy:

- jednoczesna analiza tego samego pokolenia (najczęściej F_1) różnych kombinacji krzyżowań,
- jednoczesna analiza różnych pokoleń tej samej kombinacji krzyżowań.

Do pierwszej grupy zaliczyć można metody wykorzystujące różne układy krzyżowań, na przykład krzyżowania dialleliczne, linia $\times$ tester, top-croos i inne pokrewne. Analizując mieszańce uzyskane z takich krzyżowań można oszacować wariancję addytywną i nieaddytywną, a testowanie odpowiednich hipotez dotyczących komponentów wariancyjnych pozwala na przykład stwierdzić występowanie dominacji, oszacować stosunek genów dominujących do recesywnych czy współczynnik odziedziczalności. Metody te ograniczone są jednak szeregiem założeń, z których najistotniejsze to brak nieallelicznej interakcji i brak sprzężeń (Hayman, 1954; Griffing, 1956; Dobek i in., 1978). Założenia te zawężyły zakres uzyskiwanych informacji, sprowadzających się w zasadzie do określenia podstawowego sposobu działania genów (addytywność, dominacja), co więcej, informacje te dotyczyły całego zestawu analizowanych mieszańców, a nie pojedynczych kombinacji. Przyjęcie takich założeń było konieczne, ponieważ uwzględnienie nieallelicznej interakcji oraz współczynnika rekombinacji powoduje, że wartości oczekiwane średnich i wariancji pokoleń segregujących bardzo się komplikują poprzez występowanie szeregu parametrów, których nie można oszacować.

Druga grupa metod dotyczy jednoczesnej analizy kilku różnych pokoleń tej samej kombinacji krzyżówkowej. Wydają się one bardziej interesujące zarówno dla genetyków, jak i dla hodowców, ponieważ odnoszą się do potomstwa konkretnej pary rodziców. Najprostsze z nich obejmują analizę mieszańców F_1 , F_2 , B_1 , B_2 , P_1 i P_2 bądź F_1 , F_2 , F_3 , P_1 , P_2 . Pozwalają one oszacować efekty addytywnego działania genów, dominacji oraz nieallelicznej interakcji: $[i]$, $[j]$ i $[I]$ w pierwszym przypadku oraz $[i]$ i $[I]$ w drugim (Mather i Jinks, 1970, 1982; Kaczmarek i in., 1984). Jak widać, metody te są bardziej „postępowe” w stosunku do poprzednich, gdyż nie zakładają braku nieallelicznej interakcji, zakładają jednak brak sprzężeń. Nie pozwalają także na oszacowanie liczby genów (lub, za Matherem, czynników efektywnych oznaczających gen lub grupę genów ściśle sprzężonych, których efekt fenotypowy jest taki, jak działanie jednego genu).

Oba zagadnienia, sprzężenia i liczba genów, tak proste do określenia w przypadku cech jakościowych, okazały się najtrudniejsze do oceny dla cech o zmienności ciągłej. Ponieważ w genetyce klasycznej liczba genów warunkujących cechę jakościową była podstawową informacją uzyskiwaną z doświadczeń, również na gruncie biometrii podejmowano ten temat stosunkowo wcześnie. W 1941 roku Michaelis zaproponował podejście bazujące na szacowaniu frakcji osobników homozygotycznych w kolejnych pokoleniach mieszańców pochodzących od pary homozygotycznych form rodzicielskich. W latach pięćdziesiątych Wright podał estymator oparty na wartościach średnich i wariancjach cechy ilościowej u mieszańców pokolenia F_2 i ich form rodzicielskich, a w 1976 roku Jinks i Towey

zapropowali metodę wykorzystującą oszacowanie liczby heterozygot na podstawie potomstwa F_{n+2} wyprowadzonego z pokolenia F_n . Te, jak również inne, nie wspomniane tu metody z tego okresu miały szereg niedoskonałości związanych m.in. z trudnościami w określaniu stopnia homo- lub heterozygotyczności osobników oraz z koniecznością przyjęcia szeregu założeń genetycznych, takich jak brak sprzężeń, i nieallelicznej interakcji, czy homozygotyczność form rodzicielskich (Hill i Avery, 1978).

Wykrywanie sprzężeń genów kontrolujących cechy mierzalne należało do najtrudniejszych zagadnień klasycznej genetyki ilościowej, ponieważ uwzględnienie współczynnika rekombinacji, zwłaszcza przy równoczesnym uwzględnieniu nieallelicznej interakcji powoduje, że wartości oczekiwane średnich i wariancji pokoleń segregujących wyrażone są jako funkcje wielu parametrów, których ocena na podstawie danych eksperymentalnych jest niemożliwa (Opsal, 1956). W okresie od lat czterdziestych do osiemdziesiątych ubiegłego wieku powstało kilka metod wykrywania sprzężeń genów na podstawie generacji segregujących (mówimy o wykrywaniu sprzężeń, a nie o ocenie wartości współczynnika rekombinacji (p), gdyż przy założeniu kontrolowania cechy ilościowej przez wiele genów o niewielkich efektach pojedynczego genu oszacowanie współczynnika p dla pojedynczej pary genów na gruncie klasycznej genetyki ilościowej było niemożliwe, natomiast wartość uśredniona dla wielu genów sprzężonych ze sobą nie ma sensu genetycznego). Metody te oparte były na porównywaniu wartości średnich lub wariancji odpowiednio dobranych zestawów generacji. Należy przy tym zwrócić uwagę, że w przypadku wykorzystania średnich wartości cech sprzężenia mogą być wykryte jedynie wówczas, gdy występuje niealleliczna interakcja, ponieważ współczynnik rekombinacji związany jest tylko z efektami epistatycznymi, nie obciąża natomiast efektów addytywnego działania genów i dominacji (Surma, 1996). Na przykład wartość oczekiwana średniej mieszańców pokolenia F_2 jest równa:

$$F_2 = m + \frac{1}{2}(h_a + h_b) + \frac{1}{2}(1-2p)i_{ab} + \frac{1}{2}\{(1-2p)+2p^2\}l_{ab},$$

gdzie m jest wartością stałą niezależną od segregujących genów, h_a i h_b oznaczają efekty dominacji w *loci* A- i B-, natomiast i_{ab} i l_{ab} — efekty nieallelicznej interakcji odpowiednio *loci* homo- i heterozygotycznych. Natomiast w metodach wykorzystujących wariancje pokoleń segregujących sprzężenia mogą być wykryte także wówczas, gdy niealleliczna interakcja nie występuje (Mather, 1949; Opsal, 1956; Snape i Simpson, 1981). Mather (1949) wykazał, że w wyniku sprzężeń addytywne (D) i dominacyjne (H) komponenty wariancji genetycznej zmieniają się w zależności od liczby rund rekombinacji, których wynikiem jest obserwowana zmienność. Zapropował wykrywanie sprzężeń poprzez badanie homogenności wariancji D lub/i H kolejnych pokoleń mieszańcowych (F_2 – F_3). W 1956 roku Opsal rozwinął metodę Mathera proponując jednoczesną analizę pokoleń F_2 , F_3 , $F_2 \times P_1$, $F_2 \times P_2$ i $F_2 \times F_1$. W 1969 roku Jinks i Perkins podali interesującą, aczkolwiek pracochłonną metodę wykrywania sprzężeń na podstawie jednoczesnej analizy 21 generacji (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , B_1 , B_2 , F_3 , $F_2 \times P_1$, $F_2 \times P_2$, $F_2 \times F_1$, F_{2bip} , B_{11} , B_{12} , B_{21} , B_{22} , $B_1 \times F_1$, $B_2 \times F_1$, B_{1bip} , B_{2bip} , B_{1s} , B_{2s}). Ci sami autorzy rok później zapropowali wykrywanie sprzężeń na podstawie wariancji pokoleń F_2 , $F_2 \times F_1$ i F_{2bip} (przy braku sprzężeń wariancje

tych pokoleń są równe), (Perkins, Jinks, 1970). W 1978 roku Jinks wykazał, że w badaniach dotyczących wykrywania sprzężeń mogą być wykorzystane różnice między średnimi pokoleń B_1 i $F_2 \times P_1$, B_2 i $F_2 \times P_2$ oraz F_2 i $F_2 \times F_1$, które przy braku sprzężeń są równe zero.

Przytoczono wyżej tylko niektóre metody analizy dziedziczenia cech ilościowych, opracowane do lat 80. dwudziestego wieku. Wśród nich najszerze zastosowanie w badaniach genetycznych i hodowlanych znalazły krzyżowania dialleliczne, z dwóch względów. Z jednej strony pozwalały uzyskać informacje o sposobie dziedziczenia cechy, z drugiej natomiast oszacować parametry hodowlane (ogólną i specyficzną zdolność kombinacyjną), których znajomość ułatwiała wybór par rodzicielskich do krzyżowań (Dobek i in., 1978). Inne metody, szczególnie te, które związane były z koniecznością analizowania wielu pokoleń, nie znalazły szerszego zastosowania w badaniach genetycznych, szczególnie w przypadku roślin samopylnych, ponieważ wymagały dużego nakładu pracy w przygotowaniu materiału roślinnego.

Omawiając wykorzystanie pokoleń segregujących w analizie dziedziczenia cech ilościowych nie można pominąć współczynnika odziedziczalności, wspomnianego w rozdziale 2. Wiele kontrowersji wzbudzały zarówno bardzo zróżnicowane wartości tego parametru uzyskiwane dla tej samej cechy w obrębie gatunku, jak i niekiedy, szczególnie w odniesieniu do współczynnika odziedziczalności w wąskim sensie, wartości ujemne. Wynikały one z różnego zestawu badanych genotypów, różnych warunków środowiska, w których przeprowadzano doświadczenia, a w przypadku odziedziczalności w wąskim sensie — także z niespełnienia założeń o braku sprzężeń i nieallelicznej interakcji (Kaczmarek i in., 1983).

W literaturze z tego okresu można spotkać opinię, że osiągnięcia teoretyczne genetyki ilościowej były znacznie większe niż eksperymentalne.

KLASYCZNE METODY OPARTE NA POPULACJACH HOMOZYGOTYCZNYCH

W latach siedemdziesiątych ubiegłego wieku, wraz z rozwojem metod *in vitro* umożliwiających haploidyzację roślin i uzyskiwanie tą drogą linii podwojonych haploidów (DH), w badaniach nad dziedziczeniem cech ilościowych zaczęto stosować populacje linii homozygotycznych, które zastępowały generacje segregujące. Populacje takie mogą tworzyć linie podwojonych haploidów (DH) lub formy uzyskane technikami tradycyjnymi, w tym techniką pojedynczego ziarna (SSD — single seed decent).

Linie DH uzyskuje się poprzez haploidyzację mieszańców wczesnych pokoleń, a następnie podwojenie u tych form liczby chromosomów. Populacja roślin haploidalnych otrzymanych z mieszańców F_1 odpowiada losowej próbie gamet wytwarzanych przez heterozygoty. Podwajając liczbę chromosomów u haploidów można więc uzyskać populację form całkowicie homozygotycznych o „utrwalonej” segregacji na poziomie gametycznym, odpowiadającą nieselekjonowanej populacji linii prawie homozygotycznych otrzymanych tradycyjnymi technikami.

Pierwsze formy haploidalne u roślin otrzymano już w połowie lat 60. dwudziestego wieku, jednak zbyt niska efektywność stosowanych metod nie pozwalała na ich

wykorzystanie w praktyce. Zasadniczy przełom nastąpił w 1970 roku wraz z opracowaniem efektywnej metody otrzymywania form haploidalnych jęczmienia uprawnego (*Hordeum vulgare*) drogą krzyżowania z *H. bulbosum* (Kasha i Kao, 1970). W ciągu kolejnych 5 lat dopracowana została także metoda androgenezy, pozwalająca na uzyskanie haploidów z przeszło 200 gatunków roślin. W Polsce pierwsze haploidy jęczmienia drogą eliminacji chromosomów uzyskano tu już w pierwszej połowie lat siedemdziesiątych, a pierwsze prace na ten temat ukazały się na początku lat osiemdziesiątych (Adamski i in., 1983).

Wraz z rozwojem metod uzyskiwania linii podwojonych haploidów pojawiły się prace dotyczące wykorzystania tych form w analizie genetycznej cech ilościowych. Pierwszym, który zwrócił uwagę na linie podwojonych haploidów jako na dobry materiał do badań genetycznych był Gardner (1977). Autor ten podkreślał przede wszystkim fakt, iż możliwe jest uzyskanie, w wyniku kontrolowanego rozmnożenia, wielu kopii tego samego genotypu, co w przypadku cech ilościowych oznacza możliwość prowadzenia doświadczeń z powtórzeniami tego samego genotypu, czego nie można dokonać np. z mieszańcami pokoleń segregujących. Okazało się także z wielu opracowań teoretycznych, że populacje linii homozygotycznych w porównaniu z mieszańcami wczesnych pokoleń znacznie upraszczają schematy analizy dziedziczenia ilościowego, ponieważ nie występują w nich efekty dominacji oraz nieallelicznej interakcji typu [j] i [l] (Choo, 1981). Rozwinięto szereg metod opartych na analizie linii podwojonych haploidów. Opracowano między innymi metodę estymacji parametrów genetycznych związanych z addytywnym działaniem genów i interakcją *loci* w stanie homozygotycznym na podstawie linii o maksymalnej i minimalnej wartości cechy, (Surma i in., 1984). Opracowano także metodę oceny efektów działania genów na podstawie serii doświadczeń z liniami DH, co pozwoliło na znalezienie średnich ocen parametrów, a także na określenie interakcji każdego parametru ze środowiskiem i zbadanie struktury tej interakcji (Adamski, 1993).

Linie DH posłużyły również do analizy sprzężeń genów kontrolujących cechy ilościowe. Jak wiadomo zmienność populacji linii DH wynika z segregacji i rekombinacji zachodzącej podczas gametogenezy. Zmienność linii DH uzyskiwanych z mieszańców F_1 i F_2 będzie taka sama, o ile geny kontrolujące rozpatrywane cechy nie są sprzężone (Snape i Simpson, 1981; Kaczmarek i in., 1994). Wykazano, iż przy braku sprzężeń częstość rekombinantów w populacjach linii F_1DH i F_2DH , a także linii uzyskanych techniką SSD jest taka sama, a co za tym idzie — średnie i wariancje cech ilościowych tych populacji nie różnią się. Porównanie populacji otrzymanych z różnych pokoleń, a więc z wykorzystaniem różnej liczby rund rekombinacji (np. F_1DH , F_2DH , SSD_{F_6}) daje możliwość wnioskowania o występowaniu sprzężeń, gdyż wraz z zwiększeniem liczby rund rekombinacji wzrasta prawdopodobieństwo przerwania sprzężeń. Powoduje to, iż korelacje między dwiema cechami, będące wyraźne i znaczące w populacji linii F_1DH (1 runda rekombinacji) stają się znacznie słabsze w populacji F_2DH (dwie rundy rekombinacji). W przypadku występowania sprzężeń częstość rekombinantów w populacji SSD jest zawsze większa niż w liniach DH wyprowadzonych z mieszańców wczesnych pokoleń (F_1 , F_2), czego konsekwencją są różnice w średnich i wariancjach tych populacji (Snape, 1976; Surma i in., 2002). Wykorzystując średnie i wariancje pojedynczych cech

oraz kowariancję dla pary cech w populacjach linii F_1DH , F_2DH i SSD opracowano metodę analizy występowania sprzężeń między genami kontrolującymi daną cechę, jak również pary cech ilościowych (Kaczmarek i in., 1993, 1994, 2004).

Populacje linii homozygotycznych zostały także wykorzystane do określenia liczby czynników efektywnych. W 1982 roku Choo i Reinbergs, a dwa lata później Snape i współautorzy podali metodę oceny liczby segregujących *loci* na podstawie oceny efektów addytywnych i wariancji addytywnej (Snape i in., 1984). Metody te wymagają jednak spełnienia założeń o równości efektów addytywnych ze wszystkich *loci*, braku sprzężeń, a także o braku nieallelicznej interakcji. Przeprowadzone przez Kaczmarka i wsp. (1988) badania wykazały, że nawet niewielkie efekty nieallelicznej interakcji powodują znaczne obciążenie uzyskanych tymi metodami ocen liczby genów. Znaczącym postępowaniem było więc opracowanie metodyki szacowania liczby czynników efektywnych uwzględniającej występowanie nieallelicznej interakcji (Adamski i in., 1987; Kaczmarek i in., 1988).

W licznych badaniach wykorzystujących zarówno pokolenia segregujące, jak i populacje linii homozygotycznych okazało się, że uzyskiwane oceny parametrów genetycznych były inne nie tylko dla różnych kombinacji krzyżówkowych, ale także dla tej samej kombinacji krzyżowań różniły się w zależności od warunków środowiska, w których przeprowadzano doświadczenia (Adamski, 1993; Surma, 1996; Kaczmarek i in., 2000, 2002). Niemożliwe więc okazało się uogólnienie wyników uzyskiwanych przez różnych autorów i stworzenie jednolitego schematu dziedziczenia cechy ilościowej w odniesieniu do danego gatunku roślin, tak jak ma to miejsce w przypadku cech jakościowych. Nadzieja taka pojawiła się z chwilą rozwoju metod genetyki molekularnej.

METODY WYKORZYSTUJĄCE BADANIA MOLEKULARNE

Lata osiemdziesiąte i dziewięćdziesiąte ubiegłego wieku to okres intensywnego rozwoju biologii molekularnej. Szczególnie odkrycie reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR) zaowocowało opracowaniem wielu markerów DNA, które umożliwiły konstruowanie map genetycznych wysyconych w stopniu nieporównywalnie większym, aniżeli w przypadku wykorzystania tylko markerów fenotypowych czy izoenzymatycznych. Przed genetyką ilościową pojawiła się nowa szansa: możliwość mapowania *loci* determinujących cechy ilościowe (QTL) poprzez wykorzystanie zjawiska sprzężenia pomiędzy cechami ilościowymi uwarunkowanymi poligenicznie a jakościowymi (w tym wypadku markerami molekularnymi) determinowanymi przez jeden gen. Wraz z rozwojem genetyki molekularnej wzrosło zapotrzebowanie genetyków na odpowiednie metody statystyczne. Tak rozpoczęła się współpraca genetyków z dwóch dotychczas odległych obszarów: genetyki ilościowej posługującej się metodami statystyczno-matematycznymi i genetyków molekularnych badających strukturę molekularną czynników i mechanizmów chemicznych związanych z procesem dziedziczenia.

Mapowanie cech ilościowych można określić jako ocenę związków między zmienną ciągłą a wieloma cechami jakościowymi w modelu regresyjnym. Literatura dotycząca metod statystycznych stosowanych do analizy danych obejmujących obserwacje cechy ilościowej oraz genotypów markerowych jest bardzo obszerna (por. Tanksley, 1993;

Jansen, 1997; Doerge i in., 1997). Do mapowania QTL wymagane są stosunkowo duże populacje mieszańców (F_2 , BC_1 , BC_2) lub linii homozygotycznych (DH, SSD). W wyniku przeprowadzonej analizy uzyskuje się informacje o położeniu i efektach poszczególnych *loci* wpływających na daną cechę ilościową. Tak więc korzystając z metod molekularnych można wypowiadać się o działaniu poszczególnych genów, podczas gdy genetyka klasyczna bada złożone zestawy pokoleń umożliwiające ocenę parametrów opisujących sposób działania zespołu wszystkich segregujących genów. Należy jednak zaznaczyć, że badanie markerów sprowadza się najczęściej do populacji linii homozygotycznych, co umożliwia ocenę tylko efektów addytywnych. Ocena efektów dominacji wymaga użycia pokoleń F_2 lub BC, natomiast ocena efektów epistatycznych wymaga bardzo dużych wielkości prób (Krajewski i in., 2004). Stąd też charakterystyka działania genów otrzymana na podstawie obserwacji markerowych jest na ogół niepełna; ciągle poszukiwane są nowe rozwiązania poprzez zastosowanie bardziej złożonych pokoleń lub populacji (Tanksley i Nelson, 1996; Jansen, 1997; Pillen i in., 2003).

Połączenie metod molekularnych i biometrycznych pozwoliło jednak rozwiązać dwa najtrudniejsze problemy genetyki ilościowej: ocenę liczby genów oraz sprzężeń między genami warunkującymi cechę/cechy ilościowe. Ocena liczby *loci* w badaniach związanych z mapowaniem QTL jest wynikiem *per se* przeprowadzonych analiz. Zależnie od przyjętego kryterium statystycznego znajduje się pewną liczbę *loci*, których segregacja jest związana z poziomem cechy ilościowej. Badania dotyczące porównania ocen liczby czynników efektywnych uzyskanych metodami klasycznymi i metodami wykorzystującymi markery molekularne wykazały najczęściej mniejszą ich liczbę w przypadku zastosowania metod klasycznych (Snape, 1997; Krajewski, Bocianowski, 2003).

Na podstawie mapowania QTL można bezpośrednio wnioskować, czy *loci* kontrolujące cechy są sprzężone i czy występują sprzężenia między genami warunkującymi różne cechy. Stwierdzono, że *loci* dla różnych cech są często położone w tym samym regionie genomu. W genomie jęczmienia można wyróżnić osiem takich regionów, na przykład w regionie położonym na chromosomie 7 znaleziono *loci* dla plonu, wysokości roślin, wczesności i odporności na wyleganie, natomiast na chromosomie 3 w pobliżu *locus denso* zlokalizowano *loci* odpowiedzialne za plon, wysokość i wczesność (Hayes i in., 1993). Mimo licznych prac dotyczących lokalizacji *loci* dla cech ilościowych nie wyodrębniono takich markerów molekularnych, o których z całą pewnością można by sądzić, że będą właściwe dla dowolnej kombinacji krzyżówkowej w obrębie danego gatunku. Liczba i lokalizacja wykrytych QTL odnoszą się głównie do populacji, na podstawie której zostały zmapowane. W różnych populacjach zlokalizowane są różne QTL, ponieważ mogą segregować różne allele, ponadto doświadczenia wykorzystujące różne próby tej samej populacji mogą prowadzić do wykrycia innych QTL, czy wreszcie badania prowadzone z zastosowaniem różnych systemów markerowych mogą lokalizować QTL w innych rejonach genomu (Tinker i in., 1996).

GENOMIKA IŁOŚCIOWA

Połączenie metod genetyki ilościowej z mapowaniem genomów z jednej strony rozwiązało niektóre problemy związane z analizą dziedziczenia cech ilościowych, z drugiej potwierdziło ich pewną „nieuchwytność”, o której świadczyły już wyniki badań prowadzonych tylko metodami klasycznymi, takie jak zróżnicowanie fenotypowych efektów działania genów w zależności od środowiska i analizowanej populacji, co w dużym stopniu utrudniało ustanowienie jednolitego systemu dziedziczenia danej cechy właściwego dla danego gatunku ze wskazaniem konkretnych miejsc w genomie, w których z całą pewnością znajdują się czynniki genetyczne warunkujące daną cechę.

Można jednak mieć nadzieję, że dynamicznie rozwijająca się genetyka molekularna pozwoli w niedalekiej przyszłości poznać molekularne podłoże cech ilościowych. Pod koniec XX i na początku XXI wieku jesteśmy świadkami formowania się nowego obszaru (dziedziny?) badań zwanego „genomiką ilościową” (por. np. Kadarmideen i in., 2006). Idea genomiki ilościowej polega na studiowaniu złożonych cech fenotypowych w odniesieniu do fragmentów sekwencji genomowych poznanych eksperymentalnie i zlokalizowanych na mapach fizycznych genomów lub wręcz w sekwencjach całogenomowych znanych dla wielu organizmów. Poprzez cechy fenotypowe rozumie się tu nie tylko klasyczne cechy „produkcyjne”, lecz także ilościowo określone w organizmach poziomy transkryptów, białek, metabolitów lub pierwiastków chemicznych. Jeżeli chodzi o sekwencje, to mogą to być tzw. etykiety ekspresyjne (EST) oraz znane lub potencjalne geny kodujące białka oraz geny kodujące różne rodzaje RNA, np. mikro RNA.

Ważną częścią genomiki ilościowej jest fenotypowanie organizmów, na dużą skalę, na poziomie cech „widzialnych”, ale także na poziomie transkryptomu, proteomu i metabolomu, oraz odnoszenie zmienności tych cech do map sprzężeniowych reprezentujących polimorfizm markerów DNA i ich rozmieszczenie w genomie. Podejście takie jest podstawą szukania tzw. eQTL, *loci* związanych z ekspresją pewnych genów (Jansen i Nap, 2001; Potokina i in., 2008), czy też mQTL, *loci* związanych z poziomem metabolitów (Lisec i in., 2008). Należy zauważyć, że analogiczna idea w odniesieniu do zmienności poziomu białek powstała już znacznie wcześniej (Damerval i in., 1994). Integracja wyników mapowania cech z różnych „poziomów” pozwoli na wyjaśnienie szlaków metabolicznych i dziedziczenia cech produkcyjnych. Obszar ten korzysta w sposób istotny z szybko rozwijających się możliwości technologicznych (mikromacierze, sekwencjonowanie).

Jednym z pierwszych świadectw, że takie podejście może być skuteczne, są wyniki w zakresie rozwoju systemów markerów funkcjonalnych DNA (FM). Markery takie obejmują regiony genomu (geny) scharakteryzowane pod względem sekwencji i funkcji. Warunkiem jest, aby marker był polimorficzny i aby polimorfizm ten związany był ze zmiennością fenotypową obserwowanej cechy ilościowej (Lübberstedt i in., 2005). Pierwszy tego typu marker opracowano dla kukurydzy, gdzie stwierdzono związek między zmiennością terminu kwitnienia a polimorfizmem sekwencji ośmiu motywów genu *dwarf 8* (Thomsberry i in., 2001). Opracowanie i wykorzystanie markerów FM jest jednak, jak dotąd, limitowane ze względu na bardzo ograniczoną znajomość genów (i ich sekwencji),

które mają bezpośredni związek z cechami ilościowymi (Bagge i in., 2007). Jednak, według Mackay (2001), badania nad markerami funkcjonalnymi winny przenieść genetyków od epoki QTL, które właściwie są regionami genomu zawierającymi wiele genów (np. u *Drosophila* średnio 1 QTL obejmuje region, w którym znajduje się ok. 500 genów), do „nukleotydów determinujących cechę ilościową”, QTN (Quantitative Trait Nucleotides).

Korzystając z dokonań biologii molekularnej można rozwinąć i pogłębić analizę takich zjawisk genetyki ilościowej, jak np. heterozja, badając to zjawisko w odniesieniu do transkryptomu (Vuylsteke i in., 2005; Użarowska i in., 2007; Pea i in., 2008).

Inną szansę mogą dostarczyć badania nad mikroRNA. Są to małe cząsteczki RNA występujące powszechnie w organizmach roślin wyższych. Regulują one ekspresję genów po transkrypcji, na poziomie dojrzałego mRNA. Poprzez regulację m.in. poziomu czynników transkrypcyjnych i splicingowych wpływają na procesy wzrostu i rozwoju roślin oraz odpowiedzi na zmiany zachodzące w środowisku.

Być może wyniki badań mikroRNA „odsłonią” molekularną naturę zmienności cech ilościowych i być może okaże się prawdziwa sugestia Mathera, sformułowana w latach czterdziestych, że w początkowej fazie rozwoju ontogenetycznego istotną rolę odgrywają geny główne o kluczowym znaczeniu dla kierunku rozwoju rośliny (np. geny karłowatości, wczesności), natomiast poligeny (o niewielkich efektach) mają znaczenie dopiero w fazie późniejszej, kiedy fenotyp przybiera ostateczny kształt pod wpływem czynników genetycznych i środowiskowych (Mather, 1949).

LITERATURA

- Adamski T. 1993. Wykorzystanie linii podwojonych haploidów w analizie statystyczno-genetycznej cech ilościowych. Rozprawy i Monografie IGR PAN nr 2.
- Adamski T., Jeżowski S., Kurhańska G., Surma M. 1983. Zastosowanie metody bulbosowej w hodowli jęczmienia. *Hodowla Roślin* 4: 1 — 5.
- Adamski T., Kaczmarek Z., Surma M. (1987). Ocena liczby czynników efektywnych na podstawie linii autodiploidalnych. *Siedemnaste Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii*, PAN, Warszawa, 247 — 256.
- Bagge M., Xia X., Lübberstedt T. 2007. Functional markers in wheat. *Current opinion in plant biology*, 10: 211 — 216.
- Choo T. M. 1981. Doubled haploids for studying the inheritance of quantitative characters. *Genetics* 99: 525 — 540.
- Choo T. M., Reinbergs E. 1982. Estimation of number of genes in doubled haploid populations of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Can. J. Genet. Cytol.* 24: 337 — 341.
- Dammerval C., Maurice A., Josse J.M., Vienne, D. de 1994. Quantitative trait *loci* underlying gene product variation: a novel perspective for analyzing regulation of gene expression. *Genetics* 137: 289 — 301.
- Dobek A., Kaczmarek Z., Kielczewska F., Łuczkiwicz T. 1978. Podstawy i założenia analizy statystycznej krzyżówek diallelicznych. II. Analiza genetyczna. *Ósme Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii*, PAN, Warszawa: 146 — 168.
- Doerge R. W., Zeng Z. B., Weir B. S. 1997. Statistical issues in the search for genes affecting quantitative traits in experimental populations. *Statistical Science* 12: 195 — 219.
- East E. M. 1916. Studies on size inheritance in *Nicotiana*. *Genetics* 1: 164 — 176.
- Fisher R. A. 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edinburgh* 52: 399 — 433.

- Gardner C. O. 1977. Quantitative genetic research in plants: past accomplishments and research needs. W: Proceedings of the International Conference Quantitative Genetics (Pollak E., Kempthorne O., Bailey T.B. Jr., red.), Iowa State Univ. Press, Ames: 29 — 37.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9: 463 — 492.
- Hayes P. M., Blake T., Chen T. H. H., Tragoonrung S., Chen F., Pan A., Liu B. 1993. Quantitative trait loci on barley (*Hordeum vulgare* L.) chromosome 7 associated with components of winterhardiness. Genome 36: 66 — 71.
- Hayman B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39: 789 — 809.
- Hill W. G., Avery P. J. 1978. On estimating number of genes by genotype assay. Heredity 40: 397 — 403.
- Jansen R. C. 1997. Mapping QTLs in experimental and breeding populations. In: Advances in biometrical genetics. (P. Krajewski, Z. Kaczmarek red.), Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 27 — 34.
- Jansen R., Nap J. P. 2001. Genetical genomics: the added value from segregation. Trends in Genetics 17: 338 — 391.
- Jinks J. L. 1978. Unambiguous test for linkage of genes displaying nonallelic interaction for a metrical trait. Heredity 40: 171 — 173.
- Jinks J. L., Perkins J. H. 1969. The detection of linked epistatic genes for a metrical trait. Heredity 24: 465 — 475.
- Jinks J. L., Towey P. 1976. Estimating the number of genes in a polygenic system by genotype assay. Heredity 37: 69 — 81.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1984. Parametry genetyczne — ich interpretacja i sposoby wyznaczania. Listy Biometryczne 21: 3 — 20.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1988. Epistatic effects in estimation of the number of genes on the basis of doubled haploid lines. Genet. Pol. 29: 253 — 259.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1993. Szacowanie wariancji i kowariancji genetycznej linii podwojonych haploidów z uwzględnieniem współczynnika rekombinacji. Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej we Wrocławiu, Rolnictwo LVIII: 33 — 42.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T. 1994. Theoretical bases for detection of linkage of genes between two quantitative characters in the presence of nonallelic interaction. Genet. Pol. 35: 53 — 62.
- Kaczmarek Z., Surma M., Świącicki W. K. 1983. Wyznaczanie współczynnika odziedziczalności w wąskim sensie w aspekcie addytywno-dominującego modelu działania genów. Postępy Nauk Rolniczych 290: 23 — 41.
- Kaczmarek Z., Adamski T., Surma M., Leśniewska-Frączak M. 2000. Estimation of gene effects in various environmental conditions. W: EUCARPIA Quantitative genetics and breeding methods: the way ahead (Gallais A., Dillmann C., Goldringer I., ed.), INRA, Paris: 27 — 34.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T., Jeżowski S., Madajski R., Krystkowiak K., Kuczyńska A. 2002. Interaction of gene effects with environments for malting quality of barley doubled haploids. J. Appl. Genet. 43: 33 — 42.
- Kaczmarek Z., Surma M., Adamski T., Czajka S. 2004. Numerical method for detection of linkage between genes for two metrical traits. J. Appl. Genet. 45: 27 — 35.
- Kadarmideen H. N., Rohr, P. von, Janns L. L. G. 2006. From genetical genomics to system genetics: potential applications in quantitative genomics and animal breeding. Mammalian Genome 17: 548 — 564.
- Kasha K. J., Kao K. N. 1970. High frequency haploid production in barley (*Hordeum vulgare* L.). Nature 225: 874 — 876.
- Krajewski P., Bocianowski J. 2003. A comparison of the methods of estimation of the number of genes for quantitative traits. Listy Biometryczne — Biometrical Letters 40: 84.
- Krajewski P., Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T., Jeżowski S. 2004. Genetyka ilościowa i molekularna — razem czy osobno?. W: Genetyka w ulepszaniu roślin użytkowych (P. Krajewski, Z. Zwierzykowski, P. Kachlicki, red.). Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 223 — 242.
- Liseć J., Meyer R. C., Steinfath M., Redestig H., Becher M., Witucka-Wall H., Fiehn O., Torjek O., Selbig J., Altmann T., Willmitzer L. 2008. Identification of metabolic and biomass QTL in *Arabidopsis thaliana* in a parallel analysis of RIL and IL populations. Plant Journal 53: 960 — 972.

- Lübberstedt T., Zein I., Andersen J. R., Wenzel G., Krützfeldt B., Eder J., Ouzunova M., Chun S. 2005. Development and application of functional markers in maize. *Euphytica* 146: 101 — 108.
- Mackay T. F. C. 2001. The genetic architecture of quantitative traits. *Ann. Rev. Genet.* 35: 303 — 339.
- Mather K. 1949. *Biometrical genetics*. Methuen & Co. LTD London.
- Mather K., Jinks J. L. 1970. *Biometrical Genetics* (2nd edn.). Chapman and Hall, London.
- Mather K., Jinks J. L. 1982. *Biometrical Genetics* (3rd edn.). Chapman and Hall, London.
- Michaelis P. 1941. Die Vererbung. *Handbuch der Pflanzenzüchtung*: 99 — 140.
- Opsahl B. 1956. The discrimination of interactions and linkage in continuous variation. *Biometrics*: 415 — 432.
- Pea G., Ferron S., Gianfranceschi L., Krajewski P., Pe' M. E. 2008. Gene expression non-additivity in immature ears of a heterotic F₁ maize hybrid. *Plant Science* 174: 17 — 24.
- Perkins J. M., Jinks J. L. 1970. Detection and estimation of genotype-environmental, linkage and epistatic components of variation for a metrical trait. *Heredity* 25: 157 — 177.
- Pillen K., Zacharias A., Leon J. 2003. Advanced backcrosses QTL analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 107: 340 — 352.
- Potokina E., Druka A., Luo Z., Wise R., Waugh R., Kearsley M. 2008. Gene expression quantitative trait locus analysis of 16 000 barley genes reveals a complex pattern of genome-wide transcriptional regulation. *Plant Journal* 53: 90 — 101.
- Snape J. W. 1976. A theoretical comparison of diploised haploid and single seed descent populations. *Heredity* 36: 275 — 277.
- Snape J. W. 1997. Application of doubled haploid lines in plant breeding and genetical research: current issues and approaches. In: *Advances in biometrical genetics* (P. Krajewski, Z. Kaczmarek red.), Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 27 — 34.
- Snape J. W., Simpson E. 1981. The genetical expectations of doubled haploid lines derived from different filial generations. *Theor. Appl. Genet.* 60: 123 — 128.
- Snape J. W., Wright A. J., Simpson E. 1984. Methods for estimating gene numbers for quantitative characters using doubled haploid lines. *Theor. Appl. Genet.* 67: 143 — 148.
- Perkins J. H., Jinks J. L. 1970. Detection and estimation of genotype-environmental, linkage and epistatic components of variation for a metrical trait. *Heredity* 25: 157 — 177.
- Surma M. 1996. Biometryczno-genetyczna analiza cech ilościowych mieszańców i linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego. *Rozprawy i Monografie nr 3*, IGR PAN, Poznań, str. 110.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 1984. The use of doubled haploid lines for estimation of genetic parameters. *Genet. Pol.* 25: 27 — 32.
- Surma M., Adamski T., Kaczmarek Z. 2001. Doubled haploids for studying the linkage of genes controlling quantitative traits. W: *Quantitative Genetics and Breeding Methods: the Way Ahead* (A. Gallais, C. Dillmann., I. Goldringer, eds.). INRA, Paris: 274 — 274.
- Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T. 2002. A simple test for detection of linkage. *J. Appl. Genet.* 43: 171 — 174.
- Tanksley S. D. 1993. Mapping polygene's. *Annu. Rev. Genet.* 27: 205 — 233.
- Tanksley S. D., Nelson J. C. 1996. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor. Appl. Genet.* 92: 191 — 203.
- Thomsberry J. M., Goodman M. M., Doebley J., Kresovich S., Nielsen D., Buckler E. S. 2001. Dwarf polymorphism associate with variation in flowering time. *Nat. Genet.* 28: 286 — 289.
- Yule G. V. 1906. On the theory of inheritance of quantitative compound characters on the basis of Mendel's laws — a preliminary note. *Rept. Third Intern. Conf. Gen.* 140 — 142.
- Tinker N. A., Mather D.E., Rossnagel B. G., Kasha K. J., Kleinhofs A., Hayes P. M., Falk D. E., Ferguson T., Shugar L. P., Legge W. G., Irvine R. B., Choo T. M., Briggs K. G., Ullricg S. E., Franckowiak J. D., Blake T. K., Graf R. J., Dofing S. M., Saghai Maroof M. A., Scoles G. J., Hoffman D., Dahleen L. S., Kilian A., Chen F., Biyashev R. M., Kudrna D., Steffenson A. 1996. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. *Crop Sci.* 36: 1053 — 1062.

- Użarowska A., Keller B., Piepho H. P., Schwarz G., Ingvaridsen C., Wenzel G., Lübberstedt T. 2007. Comparative expression profiling in meristems of inbred-hybrid triplets of maize based on morphological investigations of heterosis for plant height. *Plant Mol. Biol.* 63: 21 — 34.
- Vuylsteke M., van Eeuwijk F., van Hummel P., Kuiper M., Zabeau M. 2005. Genetic analysis of variation in gene expression in *Arabidopsis thaliana*. *Genetics* 171: 1267 — 1275.

KATARZYNA AMBROŻY
EWA BAKINOWSKA
JAN BOCIANOWSKI
ANNA BUDKA
WIESŁAW PILARCZYK
BOGNA ZAWIEJA

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż*

Część I. Metody oceny efektów obiektowych

Statistical support of selection decisions at early stage of cereal breeding Part I. Methods of estimation of treatment effects

Hodowlane doświadczenia polowe w początkowej ich fazie prowadzone są z wykorzystaniem bardzo dużej liczby linii, często większej od 1000. Wśród tych linii są zarówno genotypy charakteryzujące się znacznymi wartościami obserwowanej cechy, genotypy przeciętne, jak i te o wartościach cechy mniejszych od wartości przeciętnej. Ze względu na dużą liczbę badanych linii oraz z powodu małej ilości dostępnego materiału nasienneho, doświadczenia te są z reguły zakładane w jednym powtórzeniu z użyciem kilku obiektów wzorcowych powtarzanych wielokrotnie. Do następnego etapu badań przyjmuje się zazwyczaj około 20% do 30% badanych genotypów. Zatem po pierwszym roku badań, dysponując tylko jednym pomiarem, dokonuje się bardzo ostrej selekcji genotypów. Postępowanie na tym etapie powinno zatem być niezwykle ostrożne. W pracy przedstawiono osiem metod stosowanych do opracowania wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem. Podano również cztery kryteria pozwalające wybrać metodę obiektywnie lepszą. Jedno z tych kryteriów polega na porównaniu efektów badanych genotypów obliczonych przy pomocy rozważanych metod z efektami tych samych linii dostarczonymi przez klasyczną analizę wariancji doświadczenia wielopowtórzeniowego. Jest to możliwe, gdy na tym samym polu doświadczalnym, obok doświadczeń jednopowtórzeniowych, przeprowadzone są klasyczne doświadczenia wielopowtórzeniowe z wylosowanym (spośród wszystkich badanych) podzbiorem linii. Drugie kryterium polega na porównaniu równomierności rozkładu genotypów wybranych do dalszych badań na polu doświadczalnym. Metoda, która wybiera genotypy skupione w jednym rejonie pola doświadczalnego jest metodą złą, bo może nie wybierać najlepszych genotypów, tylko te genotypy, które rosły na najwydajniejszym rejonie pola. Natomiast metoda, która wybiera genotypy równomiernie, pod względem danej cechy, z całego obszaru doświadczenia jest metodą lepszą, gdyż

* Praca wykonana w ramach projektu finansowanego przez Agencję Nieruchomości Rolnych w Warszawie i koordynowanego przez Sp. z o.o. Hodowla Roślin Szelejewo pt. „Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż”

każde poletko może być obsiane zarówno genotypem najlepszym, najgorszym, jak i każdym innym. Wynika to z przeprowadzonej randomizacji polegającej na losowym przypisaniu badanych linii do poletek doświadczalnych.

Słowa kluczowe: decyzje selekcyjne, indeks środowiskowy, jednopowtórzeniowe doświadczenie hodowlane, średnia ruchoma

At early stages of plant breeding the field trials are usually performed with use of very high number of lines. Often the number of such lines exceeds 1000. Among them, there are genotypes with high values of an observed trait, genotypes with medium values and genotypes characterized by low values of the trait. For various reasons such trials are usually laid down in one replicate with use of one or several standard varieties repeated many times and systematically placed in experimental field among tested lines. After one year of trials, a breeder has just single observations for the tested lines and is forced (by economy) to make very severe reduction of experimental material making selection of the best lines. In the paper, eight methods are presented that can be used for statistical elaboration of one-replicate trials with standards. Additionally, four criteria are given for selection of the best method of statistical elaboration of such data. One of these criteria relies on comparisons of genotype effects obtained by the classical analysis of variance for random subset of lines with effects of the same lines received when particular methods for elaboration of one replicate trials with standards were used. It is possible when, at the same experimental field, such additional replicated trials with (randomly chosen) subset of lines is performed. The other criterion relies on comparisons of uniformity of distributions of plots with the best (chosen for further research) lines in experimental field. As a consequence of randomization the best lines should be evenly distributed in a total area of trial.

Key words: environmental index, moving average, selection decisions, unreplicated breeding trials

WSTĘP

Badania doświadczalne, z nowymi obiektami (liniami wsobnymi, rodami, mieszańcami), prowadzone są na wszystkich etapach hodowli roślin, a wyniki przeprowadzonych doświadczeń stanowią istotne uzasadnienie podejmowanych decyzji selekcyjnych. Doświadczenia polowe (szklarniowe) w początkowej ich fazie prowadzone są dla bardzo dużej liczby genotypów (często liczba ta przekracza 1000). Wśród nich są zarówno linie charakteryzujące się znacznymi wartościami obserwowanej cechy, genotypy przeciętne, jak i te o wartościach cechy mniejszej od wartości przeciętnej. Ze względu na dużą liczbę badanych linii, a także z powodu ograniczonej ilości materiału nasienneho, doświadczenia te są z reguły zakładane w jednym powtórzeniu z użyciem od jednego do pięciu obiektów wzorcowych powtarzanych wielokrotnie i występujących co piąte (lub np. co siódme, lub co dziesiąte) poletko. Do następnego etapu badań przyjmuje się zazwyczaj około 20% do 30% badanych genotypów. Zatem po pierwszym roku badań, dysponując jednym pomiarem, dokonuje się bardzo ostrej selekcji odrzucając od 70% do 80% badanych genotypów. O tym, jak ryzykowne jest takie postępowanie świadczą wyniki zamieszczone w tabeli 1. Podane są w niej oczekiwane, maksymalne wartości rozważanej cechy w sytuacji, gdy porównywane genotypy nie różnią się od siebie wartością przeciętną (w tabeli 1 wyniki są tak przeliczone, jak gdyby przeciętna wartość cechy wynosiła zero, czyli od każdej wartości odjęto wartość średnią). Można zauważyć, że już przy badaniu 100 identycznych genotypów, jedynie na skutek losowych fluktuacji warunków środowiskowych, należy oczekiwać maksymalnej wartości cechy 2,51 zamiast zero. Zatem, podejmowanie decyzji selekcyjnych na podstawie wartości zaobserwowanych,

może skutkować wybieraniem do dalszych badań genotypów nie różniących się przeciętną, czyli genotypową, wartością cechy. Postępowanie na tym etapie powinno być bardzo rozważne, bo dysponując po jednym pomiarze dla genotypów dokonuje się bardzo ostrej selekcji. Na dalszych etapach badań, gdy hodowca dysponuje wynikami doświadczeń wielopowtórzeniowych, lub wynikami z wielu miejscowości, nie dokonuje się już tak ostrej selekcji.

Tabela 1

Oczekiwana maksymalna wartość cechy dla N identycznych obiektów Expected maximum value of an analysed trait for N identical objects	
Liczba genotypów N Number of genotypes	Maksymalna wartość cechy Maximum value of trait
2	0,56
4	1,03
10	1,53
30	2,04
100	2,51
500	3,04
3000	3,54
20000	4,02

W literaturze przedmiotu istnieje wiele metod poświęconych opracowaniu wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcami. Wiele z nich opisanych jest m.in. w monografii pod redakcją Kemptona i Foxa (1997). Metody te polegają na różnych sposobach „poprawiania” wartości wyników otrzymanych dla badanych linii. Ponieważ selekcji genotypów do dalszych badań dokonuje się na podstawie poprawionych wyników, zatem wybór metody poprawiania, adekwatnej do występującej na polu doświadczalnym zmienności środowiskowej (glebowej), ma kluczowe znaczenie przy wnioskowaniu.

Celem niniejszej pracy jest przedstawienie ośmiu metod stosowanych do opracowania wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcami oraz podanie czterech kryteriów pozwalających wybrać metodę obiektywnie lepszą w lokalnych warunkach doświadczalnych. Rozważania prowadzone są przy upraszczającym założeniu, że decyzje selekcyjne podejmowane są na podstawie wyników dla jednej cechy.

METODY STOSOWANE DO OPRACOWYWANIA WYNIKÓW DOŚWIADCZEŃ HODOWLANYCH

Metody opracowania wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcami opisali m.in. Cullis i Gleeson (1989) oraz Kempton i Fox (1997). W większości tych metod poprawianie średnich wartości obserwowanej cechy dla badanych genotypów wykonuje się na podstawie informacji o zmienności środowiska doświadczalnego uzyskane na podstawie obserwacji analizowanej cechy dla obiektów wzorcowych. Poprawione wartości, uzyskane dla poszczególnych genotypów, stanowią podstawę decyzji o wykluczeniu z dalszych badań genotypów o niższych wartościach obserwowanej cechy. Najczęściej do dalszych etapów badań przechodzą genotypy o największych wartościach

efektów. Przy stosowaniu więcej niż jednej odmiany wzorcowej, badane linie mogą sąsiadować bądź to z lepszym, bądź gorszym wzorcem. W celu wyeliminowania wpływu sąsiedztwa z różnymi wzorcami, przed przystąpieniem do właściwej analizy, wartości linii są standaryzowane poprzez usunięcie efektów obiektowych wzorców. Często stosowanymi w praktyce metodami opracowania wyników, są:

Metoda M0 — nieprzekształcone wyniki pomiarów

W metodzie tej nie poprawia się otrzymanych pomiarów. Do dalszych badań przyjmuje się określoną frakcję (20%–30%) najlepszych linii. Metoda ta byłaby skuteczna w przypadku idealnego wyrównania pola doświadczalnego.

Metoda M1 — Kempton i Fox (1997)

Efekt linii oblicza się jako odchylenie pomiaru dla tej linii od ważonej wartości średniej z dwóch najbliższych obiektów wzorcowych. Do dalszych badań przyjmuje się określoną frakcję linii o największych efektach głównych. Czyli, jeśli każde s poletków z badanymi liniami rozpoczyna się wzorcem W_1 i kończy wzorcem W_2 , to efekt obiektu τ_i występującego na i -tym kolejnym poletku po wzorcu W_1 , dla którego otrzymano obserwację y_i oblicza się stosując wzór

$$\tau_i = y_i - \left[W_1 \left(1 - \frac{i}{s+1} \right) + W_2 \left(\frac{i}{s+1} \right) \right].$$

Metoda M2 — analiza wariancji

W metodzie tej wykonuje się analizę wariancji doświadczenia jednopowtórzeniowego z wzorcami podaną przez Cerankę i Chudzik (1977). Przyjmuje się addytywny model obserwacji postaci:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + e_{ij},$$

gdzie y_{ij} jest obserwacją i -tego obiektu (badanego genotypu lub wzorca) w j -tym bloku, μ jest średnią ogólną, τ_i jest efektem i -tego obiektu, β_j jest efektem j -tego bloku, a e_{ij} jest błędem losowym związanym z obserwacją y_{ij} . Wykonuje się analizę wariancji wraz z estymacją efektów obiektowych i testowaniem istotności różnic. Cała informacja o błędzie doświadczalnym pochodzi od obiektów wzorcowych. Do dalszych badań przyjmuje się określoną frakcję linii o największych efektach głównych.

Metoda M3 — Kempton i Fox (1997)

Efekt linii oblicza się tu jako odchylenie obserwacji dla tej linii od wartości średniej dla odmian wzorcowych występujących w tym samym pasie (kolumnie) co analizowana linia.

Metoda M4 — ważony indeks środowiskowy (Kempton i Fox, 1997)

W metodzie tej efekty obiektowe badanych linii oblicza się jako odchylenia od „indeksu środowiska” obliczanego jako średnia ważona z najbliższych obiektów wzorcowych W według poniższego schematu:

$$\begin{array}{ccccc} 1/8W & & & & 1/8W \\ 1/4W & g & g & g & g & 1/4W \\ 1/8W & & & & 1/8W \end{array}$$

Metoda M5 — linear variance model (Williams, 1986)

W metodzie eliminuje się nie tylko efekty blokowe (efekty pasów), ale także liniowy trend zmienności glebowej w obrębie bloku. W wersji „reduced” metoda ta jest równoważna z metodą „first difference” (Besag i Kempton, 1986).

Metoda M6 — check plots (Utz, 1997)

W tej metodzie oblicza się kolejno:

- efekty przestrzenne jako odchylenia wartości dla wzorców od ich odpowiednich wartości średnich,
- średnią wartość tak obliczonych efektów przestrzennych (obliczoną w narożnikach prostokąta otaczającego rozważane poletko) wykorzystuje się jako zmienną towarzyszącą w analizie kowariancji.

Ilustruje to schemat:

<i>W</i>	<i>W</i>	<i>W</i>
<i>g</i>	<i>g</i>	<i>g</i>
<i>g</i>	<i>g</i>	<i>g</i>
...	...	...
<i>g</i>	<i>g</i>	<i>g</i>
<i>W</i>	<i>W</i>	<i>W</i>

W specjalny sposób traktowane są genotypy występujące na obrzeżach obszaru.

Metoda M7 — moving average (Utz, 1997)

W metodzie tej porównuje się wartość badanego genotypu z wartością średnią z pewnej ustalonej liczby ($2k$) genotypów występujących na k poletkach poprzedzających poletko z badanym genotypem i k występujących za tym poletkiem w danym pasie. Przykładowo, dla sytuacji $k = 3$, czyli dla sytuacji

$$\dots x_{i-4} x_{i-3} x_{i-2} x_{i-1} x_i x_{i+1} x_{i+2} x_{i+3} x_{i+4} \dots,$$

efekt genotypu występującego na poletku x_i oblicza się jako

$$\tau_i = x_i - (x_{i-3} + x_{i-2} + x_{i-1} + x_{i+1} + x_{i+2} + x_{i+3})/6,$$

a dla genotypu x_{i+1} , według wzoru

$$\tau_{i+1} = x_{i+1} - (x_{i-2} + x_{i-1} + x_i + x_{i+2} + x_{i+3} + x_{i+4})/6 \text{ itd.}$$

W specjalny sposób oblicza się efekty dla obiektów występujących na początku (i na końcu) rozważanego szeregu wartości.

KRYTERIA WYBORU METODY NAJSKUTECZNIEJSZEJ

Kryterium 1

Tradycyjnie, przy klasycznych metodach analizy wyników w doświadczeniach o wielu powtórzeniach, jako miary skuteczności metody używa się stosunku średniej wariancji porównań międzyobiektowych w układzie bloków losowanych kompletnych do tej samej średniej wariancji w rozważanej metodzie. Metoda, która gwarantuje mniejszą wariancję jest najskuteczniejsza. Kryterium to ma jednak ograniczone zastosowanie przy analizie doświadczeń jednopowtórzeniowych z jednym lub kilkoma wzorcami. Cała bowiem informacja o wielkości wariancji błędu pochodzi od obiektów powtórzonych, czyli od wzorców. Zależy zatem od doboru odmian wzorcowych, a nie od badanych genotypów.

Kryterium 2

Prawdopodobieństwo sukcesu w selekcji (wyboru najlepszych genotypów) jest tym większe, im większa jest wariancja w populacji badanych genotypów w stosunku do wariancji błędu. Ta metoda opracowania wyników, która daje większe zróżnicowanie estymatorów efektów obiektowych (większa wariancja ocen efektów obiektowych), daje większą szansę na wykrycie i wybranie lepszych genotypów. Łatwiej wybiera się przecież obiekty lepsze ze zbioru bardziej zróżnicowanego. Zatem, w celu porównania metod, oblicza się dla każdej z nich wariancję efektów genotypowych. Należy jednak ten wskaźnik traktować z pewną dozą ostrożności, gdyż przy liczeniu wariancji genotypowej nie uwzględnia się występujących korelacji między efektami (korelacje te są spowodowane między innymi porównaniami genotypów z tymi samymi obiektami wzorcowymi).

Kryterium 3

Dobrym kryterium porównania różnych metod estymacji efektów w doświadczeniach jednopowtórzeniowych jest porównanie równomierności rozkładu linii wybranych do dalszych badań na polu doświadczalnym. Metoda, która wybiera linie skupione w jednym rejonie pola doświadczalnego jest metodą złą, bo może nie wybierać pod względem danej cechy najlepszych linii, tylko te linie, które rosły na najwydajniejszym rejonie pola. Natomiast metoda, która wybiera linie równomiernie z całego obszaru doświadczenia jest metodą lepszą, bo przecież każde poletko niezależnie od położenia na polu może być obsiane zarówno genotypem najlepszym, najgorszym, jak i każdym innym. Wynika to z przeprowadzonej randomizacji obiektów.

Kryterium 4

Po przeprowadzeniu doświadczenia jednopowtórzeniowego z wzorcami podejmuje się bardzo radykalne decyzje selekcyjne wybierając do dalszych badań frakcję (zazwyczaj nie większą od 30%) najlepszych genotypów. Bezpieczniej byłoby przeprowadzać tak ostrą selekcję wykorzystując wyniki doświadczenia o wielu powtórzeniach. W celu sprawdzenia, która z metod analizy doświadczenia jednopowtórzeniowego dostarcza estymatorów efektów obiektowych najbliższych estymatorom z doświadczenia wielopowtórzeniowego, oblicza się sumę kwadratów różnic między ocenami efektów obiektowych uzyskanych za pomocą jednej z testowanych metod i zwykłej analizy wariancji danych z doświadczenia wielopowtórzeniowego, stosując wzór:

$$d_j = \sum_{i=1}^v (\tau_i^j - \tau_i^w)^2,$$

gdzie τ_i^j oznacza ocenę efektu i -tego obiektu w j -tej metodzie, a τ_i^w oznacza ocenę efektu i -tego obiektu w doświadczeniu wielopowtórzeniowym (z analizy z odzyskiwaniem informacji międzyblokowej), v oznacza liczbę obiektów wylosowanych z doświadczenia jednopowtórzeniowego i zastosowanych w doświadczeniu wielopowtórzeniowym. Stąd d_j oznacza sumę kwadratów różnic między ocenami efektów obiektowych uzyskanych j -tą metodą a ocenami uzyskanymi z analizy wariancji danych w doświadczeniu wielopowtórzeniowym. Im mniejsza wartość d_j tym wyniki j -tej metody są bliższe wynikom uzyskanym z doświadczenia wielopowtórzeniowego.

DYSKUSJA

Analiza publikowanych przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych materiałów dotyczących zarejestrowanych w Polsce odmian różnych gatunków roślin uprawnych (w szczególności odmian zbóż) wskazuje, że ciągle wzrasta liczba odmian zagranicznych, a liczba odmian krajowych maleje. Jedną z przyczyn tego niekorzystnego zjawiska jest otwarcie polskiego rynku odmian po wstąpieniu Polski do struktur europejskich. Drugą z przyczyn jest przegrywanie przez polskie odmiany konkurencji z odmianami zagranicznymi. Źródłem tego zjawiska mogą być nieoptymalne metody badania i selekcji genotypów na wczesnych etapach hodowli. Niniejsze opracowanie jest próbą znalezienia lepszych rozwiązań.

Inną przyczyną mogą też być błędy popełniane na ostatnim etapie hodowli przed zgłoszeniem nowych kreacji hodowlanych do rejestracji. Na tym etapie przeprowadza się serie doświadczeń (najczęściej w trzech do pięciu miejscowościach) z tymi samymi genotypami. W analizie wyników takiej serii pojawiają się dodatkowe problemy (aspekty), które nie występują przy analizie doświadczeń pojedynczych. Wiążą się one z powszechnym występowaniem interakcji badanych genotypów ze środowiskiem reprezentowanym przez miejscowości, w których przeprowadzono doświadczenia. Badania przeprowadzone m.in. przez Talbota (1984), Pattersona i wsp. (1977), a w warunkach polskich przez Pilarczyka (1977) pokazały, że większa jest interakcja odmian z latami niż interakcja odmian z miejscowościami. Znacząca jest też interakcja potrójna. Rozważania dotyczące analizy interakcji genotypów ze środowiskiem doświadczalnym wybiegają poza zakres rozważań w tym opracowaniu.

PODSUMOWANIE

Istniejące i opisane w literaturze metody analizy wyników doświadczeń hodowlanych były opracowane pod kątem eliminacji efektów określonego typu zmienności środowiska doświadczalnego. Przydatność poszczególnych metod w realnych warunkach, w których przeprowadzane są doświadczenia musi być weryfikowana. Prowadzone w tym opracowaniu rozważania mają na celu wyposażenie doświadczalników w narzędzie umożliwiające wybór metody obiektywnie najlepszej spośród kilku możliwych do zastosowania. Szczególnie użyteczne wydają się być kryteria trzecie i czwarte. Pierwsze z nich pozwala wybrać taką metodę analizy wyników, która gwarantuje najbardziej równomierny wybór podzbioru najlepszych genotypów z przestrzeni pola doświadczalnego. Z kolei kryterium czwarte pozwala na wskazanie takiej metody analizy, która gwarantuje otrzymanie estymatorów efektów obiektowych najbliższych estymatorom uzyskanych przy zastosowaniu analizy wariancji w doświadczeniach wielopowtórzeniowych. A przecież te estymatory są najlepsze, tzn. nieobciążone i o minimalnej wariancji.

LITERATURA

- Besag J. E., Kempton R. A. 1986. Statistical analysis of field experiments using neighbouring plots. *Biometrics* 42: 231 — 251.
- Ceranka B., Chudzik H. 1977. Doświadczenia jednopowtórzeniowe z wzorcami. Siódme Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN, Warszawa: 318 — 331.
- Cullis B. R., Gleeson A. C. 1989. The efficiency of neighbour analysis for replicated variety trials in Australia. *Journal of Agricultural Science* 113: 223 — 239.
- Kempton R. A., Fox P. N. 1997. Statistical methods for plant variety evaluation. Chapman & Hall.
- Patterson H. D., Silvey V., Talbot B., Weatherup C. 1977. Variability of yields of cereal varieties in U.K. trials. *Journal of Agricultural Science* 89: 238 — 245.
- Pilarczyk W. 1977. Optymalizacja wielkości serii doświadczeń w czasie i przestrzeni. Siódme Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN, Warszawa: 272 — 282.
- Talbot M. 1984. Yield variability of crop varieties in the U.K. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* 102: 315 — 321.
- Utz H. F. 1997. PLABSTAT. A computer program for statistical analysis of plant breeding experiments. Version 2N. Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University of Hohenheim, Germany.
- Williams E. R. 1986. A neighbour model for field experiments. *Biometrika* 73: 279 — 287.

KATARZYNA AMBROŻY**EWA BAKINOWSKA****JAN BOCIANOWSKI****ANNA BUDKA****WIESŁAW PILARCZYK****BOGNA ZAWIEJA**

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż*

Część II. Empiryczne porównanie metod oceny efektów obiektowych

Statistical support of selection decisions at early stage of cereal breeding Part II. Empirical comparison of treatment effects estimation methods

W pracy przedstawiono empiryczne porównanie ośmiu metod oceny efektów obiektowych z doświadczeń prowadzonych na wczesnych etapach hodowli. Materiał do badań stanowiły wyniki doświadczeń z pszenicą jara, pszenicą ozimą i jęczmieniem jarym przeprowadzonych w Choryni, Kobierzycach, Polanowicach, Modzurowie oraz Nagradowicach. Powyższe linie oceniano w doświadczeniach jednopowtórzeniowych z wzorcami (stosowano od 1 do 5 odmian wzorcowych, w zależności od doświadczenia). Wyniki otrzymane dla poszczególnych metod porównywano w oparciu o różne kryteria. Jednym z nich jest kryterium równomierności rozkładu na polu doświadczalnym linii wybranych do dalszych badań (wybierano od 20% do 30% ogólnej liczby badanych linii). Drugie kryterium polegało na porównaniu sum kwadratów różnic między estymatorami efektów badanych linii otrzymanymi przy zastosowaniu różnych metod i estymatorami efektów tych samych linii otrzymanymi przy pomocy klasycznej analizy wariancji doświadczenia wielopowtórzeniowego. Wskazanie najlepszej metody estymacji efektów obiektowych jest trudne, ponieważ wybór metody najlepszej zależał od lokalnych warunków środowiska doświadczalnego w poszczególnych miejscowościach. Na uwagę zasługuje jednakże fakt, iż we wszystkich analizowanych doświadczeniach najgorszą okazała się tzw. metoda „nieprzekształconych wyników pomiarów”, czyli ta, w której nie poprawia się otrzymanych pomiarów, a do dalszych badań przyjmuje się ustaloną frakcję (20%–30%) najlepszych linii. Stosunkowo najskuteczniejszymi (w sensie zastosowanych kryteriów) okazały się metody eliminujące przestrzenne zależności między jednostkami doświadczalnymi (poletkami).

* Praca wykonana w ramach projektu finansowanego przez Agencję Nieruchomości Rolnych w Warszawie i koordynowanego przez Sp. z o. o. Hodowla Roślin Szelejewo pt. „Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż”

Słowa kluczowe: doświadczenie hodowlane z roślinami zbożowymi, doświadczenia jedno-powtórzeniowe, metody selekcji

In the paper the empirical comparison of eight methods of estimation of treatment effects in one-replicate trials (with replicated standards) is reported. The data from experiments on spring wheat, spring barley and winter wheat performed at Choryń, Kobierzyce, Polanowice, Modzurów and NAGRADOWICE form a basis for all considerations. There were from one to five standard varieties used in particular trials. Different criteria were used. The uniformity of distribution of chosen (the best) lines in experimental area was one of these criteria. Another one based on comparison of the estimates of treatment effects with the same effects obtained when classical analysis of variance in multi-replicated trials was applied. Selection of explicit best method of estimation of treatment effects is difficult (or even impossible) as the decisions on superiority of a particular method is dependent on local type of field variability. Nevertheless, it is to be mentioned that in all cases the worst method was the method of raw data. The best were methods eliminating spatial relationships between plots.

Key words: cereal plant breeding trials, methods of selection, unreplicated trials

WSTĘP

We wczesnych etapach hodowli, gdy hodowca dysponuje zazwyczaj niewielką ilością nasion dla genotypów, które chce testować, bardzo często jedyną możliwością porównywania obiektów jest przeprowadzenie doświadczenia jednopowtórzeniowego z jednym lub kilkoma wzorcami.

Analiza takich doświadczeń może odbywać się za pomocą różnych metod (m.in. McClelland, 1926; Ceranka i Chudzik, 1977; Lin i Poushinsky, 1983; Kempton, 1982; Kempton, 1984; Kempton i Talbot, 1988; Cullis i in., 1989). Przykłady praktycznych zastosowań tych metod są liczne (m.in. Kaczmarek i in., 1984; Dobek i in., 1987; Dobek i Kala, 1995).

W części pierwszej (Ambroży i in., 2008) tej dwuczęściowej pracy przedstawiono metody stosowane do opracowania wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem oraz kryteria pozwalające wybrać najlepszą metodę spośród badanych.

Celem niniejszej, drugiej części, pracy jest:

- zastosowanie metod analizy wyników do wnioskowania o wyborze linii przeznaczonych do następnego etapu badań, na podstawie wyników z pięciu doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcami, przeprowadzonych w różnych środowiskach,
- porównanie skuteczności tych metod w stosunku do metody optymalnej, polegającej na zastosowaniu analizy wariancji dla danych z doświadczenia wielopowtórzeniowego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły wyniki dla plonu ziarna pięciu jednopowtórzeniowych doświadczeń hodowlanych z wzorcami obejmujących: 231 linii pszenicy jarej z Zakładu Hodowli Roślin firmy DANKO w Choryni (CHO), 997 linii pszenicy jarej z Hodowli Roślin Rolniczych — „Nasiona Kobierzyce” (KOB), 410 linii jęczmienia jarego ze Stacji Hodowli Roślin „Modzurów” — Grupy Szelejewo (MOD), 386 linii pszenicy ozimej z Poznańskiej Hodowli Roślin, Stacja Hodowli Roślin NAGRADOWICE (NAG) oraz 1114 linii pszenicy ozimej ze Stacji Hodowli Roślin Polanowice (POL). Liczba odmian wzorcowych

w poszczególnych doświadczeniach była różna. Charakterystyka powyższych zbiorów danych przedstawiona została w tabeli 1. Obserwowaną cechą był plon ziarna w kg z poletka. Powierzchnia poletek była różna w różnych doświadczeniach (tab. 1). Wszystkie doświadczenia przeprowadzono w sezonie 2005/2006.

Tabela 1

Zestawienie podstawowych parametrów doświadczeń z pszenicą i jęczmieniem przeprowadzanych w pięciu miejscowościach

Basic parameters of wheat and barley trials performed at five different locations

Gatunek Species	CHO	KOB	MOD	NAG	POL
	pszenica jara spring wheat	pszenica jara spring wheat	jęczmień jary spring barley	pszenica ozima winter wheat	pszenica ozima winter wheat
Liczba badanych linii Number of studied lines	231	997	410	386	1114
Liczba obiektów wzorcowych Number of standard objects	1	2	1	5	1
Liczba obiektów dodatkowych Number of additional objects	8	11	0	0	0
Liczba obiektów pomiędzy wzorcami Number of tested plots between standards	5	7	5	9	10
Liczba wierszy Number of rows	37	97	127	46 ^a	67
Liczba kolumn Number of columns	8	12	9	10	17
Powierzchnia poletka Plot size	5 m ²	7 m ²	10 m ²	5 m ²	10 m ²

CHO — Choryń

KOB — Kobierzyce

MOD — Modzurów

NAG — NAGRADOWICE,

POL — Polanowice

^a – w kolumnach od I – IV było 39 wierszy, od V – IX – 46, a w X – 42 wiersze

^a – there were 39 rows in columns I – IV, 46 in columns V – IX and 42 in column X

W każdym z pięciu zbiorów danych oceniono efekty główne linii stosując siedem metod, oznaczanych skrótowo M1, M2, ..., M7, przedstawionych w pierwszej części pracy (Ambroży i in., 2008). Wyniki uzyskane tymi metodami porównywano z „nieprzekształconymi wynikami pomiarów” (metoda M0), czyli obserwacjami nie poprawianymi. Zastosowano dwa kryteria:

- 1 — kryterium równomierności rozkładu wybranych obiektów w przestrzeni pola doświadczalnego,
- 2 — kryterium minimalizacji różnic między ocenami efektów obiektowych w doświadczeniu jednopowtórzeniowym i wielopowtórzeniowym.

Metody M4, czyli ważonego indeksu środowiskowego, nie można było zastosować dla danych uzyskanych z doświadczenia przeprowadzonego w NAGRADOWICACH, z powodu specyficznego rozmieszczenia obiektów wzorcowych na polu doświadczalnym. Oceny efektów linii metodami M6 i M7 otrzymano stosując wersje tych metod zaimplementowane w programie PLABSTAT (Utz, 1997), metodą M5 używając procedury LVARMODEL w pakiecie statystycznym Genstat (Genstat 5 Committee, 1993). Obliczenia dla pozostałych

metod wykonano za pomocą własnych programów napisanych w języku Turbo Pascal. W implementacji metody M7 zastosowanej w programie PLABSTAT (wykorzystanym do obliczenia efektów obiektowych) uwzględniono cztery poletka poprzedzające i cztery następujące po rozważanym poletku oraz dwa poletka sąsiadujące z rozważanym leżące w tym samym wierszu. Obliczono wartość średnią z tych dziesięciu poletek i zastosowano jako zmienną towarzyszącą w analizie kowariancji. W specjalny sposób potraktowano poletka na obrzeżu analizowanego obszaru.

Dodatkowo w trzech stacjach hodowlanych przeprowadzono doświadczenia wielopowtórzeniowe z wylosowanym podzbiorem genotypów ze zbioru badanego w doświadczeniach jednopowtórzeniowych:

- w Choryni — doświadczenie dwupowtórzeniowe z 37 obiektami założone w układzie bloków losowanych kompletnych,
- w Kobierzycach — doświadczenie z 49 obiektami założone w układzie 21 bloków niekompletnych,
- w Modzurowie — doświadczenie trypowtórzeniowe z 30 obiektami założone w dziewięciu blokach niekompletnych.

Do dalszych badań wybierano 30% najlepszych linii (jedynie przy analizie doświadczenia przeprowadzonego w Kobierzycach wybrano 20% linii o największych efektach).

W celu porównania zgodności decyzji dotyczących wyboru „najlepszych” genotypów, za pomocą różnych metod opracowania danych (metod estymacji efektów genotypowych), obliczono korelacje rang między wszystkimi porównywanymi metodami. Ponadto dla każdej pary zastosowanych metod obliczono jaki procent tych samych linii zostało wybranych do dalszych badań przez obie metody.

WYNIKI

Wykryto duże różnice w wariancjach błędu doświadczalnego między miejscowościami (tab. 2). Uderzająco mała jest wariancja błędu w doświadczeniu w CHO. Analizując małe wartości średnich kwadratów z analizy wariancji wzorców i z analizy wariancji doświadczeń wielopowtórzeniowych można mówić o specyfice eksperymentów w CHO. Pole doświadczalne dla eksperymentu jednopowtórzeniowego miało wymiary 37m×40m. Natomiast pole dla eksperymentu wielopowtórzeniowego miało wymiary 37m×10m (cały pas był traktowany jak jeden blok). Ponieważ blok był długi, trudno było zachować jednorodność poletek, tym bardziej, że analiza regresji wykazała istnienie trendu kolumnowego na tym polu. Z kolei największą wariancję błędu doświadczalnego obliczonego przy wykorzystaniu wyników dla obiektów wzorcowych otrzymano w POL.

Tabela 2

Estymatory wariancji błędu przy różnych metodach analizy wyników uzyskane w poszczególnych miejscowościach
Estimates of error variances provided by different methods of analysis of data obtained in particular locations

Miejsce Location	Średnia wariancja obliczana z pomiarów dla obiektów wzorcowych Average variance obtained from measurement for standards	Średni kwadrat z analizy wariancji wzorców Mean square for error from analysis of variance of standards	Średni kwadrat z analizy wariancji doświadczenia wielopowtórzeniowego Mean square for error from analysis of variance of replicated trial
CHO	0,038	0,038	0,083
KOB	0,361	0,357	0,115
MOD	0,577	0,619	0,173
NAG	0,867	0,864	x
POL	0,914	0,815	x

x — W NAG i POL nie założono doświadczenia wielopowtórzeniowego

x — There were no replicated trials performed at NAG and POL

Dla każdej z siedmiu metod poprawiania obserwacji oraz dla „nieprzekształconych wyników pomiarów” (metoda M0) obliczono wariancje efektów genotypowych s_g^2 (tab. 3). Wartości s_g^2 w CHO wahały się od 0,070 dla metody M7 do 0,099 dla M1, w KOB od 0,108 (dla M7) do 0,312 (dla M2 i M3), w MOD — od 0,528 (dla M4) do 0,774 (dla M2), w POL — od 0,370 (dla M7) do 0,879 (dla M3). W NAG zaobserwowano duże różnice w oszacowanym s_g^2 dla poszczególnych metod; najmniejszą wartość otrzymano przy zastosowaniu metody M7 poprawiania obserwacji (0,340), a największą dla metody M1 (3,916). Wartość największa jest ponad 11,5 razy większa od wartości najmniejszej. Świadczyć to może o tym, że niektóre z porównywanych metod dają wyniki obciążone. Ponieważ uzyskane wyniki z doświadczenia wielopowtórzeniowego nie są obciążone, w takim razie metoda dająca wyniki bliskie tym z doświadczenia wielopowtórzeniowego jest metodą lepszą.

Jako kryterium oceny różnych metod estymacji efektów genotypowych w doświadczeniach jednopowtórzeniowych zastosowano wskaźnik równomierności rozkładu linii wybranych do dalszych badań na polu doświadczalnym. Pola doświadczalne podzielono na podobszary (poprzez grupowanie wierszy i kolumn) w taki sposób, aby liczba poletek w każdym podobszarze była w przybliżeniu jednakowa. W KOB, MOD, NAG i POL utworzono w ten sposób 9 podobszarów, natomiast w CHO 12. Następnie określono liczbę genotypów, które zostały wyselekcjonowane do dalszych badań, z każdego obszaru. Otrzymano w ten sposób dwuwymiarową tablicę kontyngencji. W tym opracowaniu jako główne kryterium „dobroci” metod zastosowano wartość prawdopodobieństwa w teście niezależności w tablicy kontyngencji. Wskaźnik ten przyjmuje wartość jeden, gdy z każdego podobszaru „wybierana” jest taka sama frakcja badanych tam genotypów oraz, z drugiej strony, przyjmuje wartość zero przy maksymalnie nierównomiernym wyborze genotypów z podobszarów.

Tabela 3

Oceny wariancji efektów genotypowych (s_g^2), wartości prawdopodobieństwa (p) w teście niezależności w tablicy kontyngencji oraz sumy kwadratów różnic między efektami z doświadczeń jedno- i wielopowtórzeniowych (d) dla zastosowanych metod poprawiania obserwacji w poszczególnych miejscowościach

Estimates of variances of genotypic effects (s_g^2), probabilities (p) in test of independence in contingency tables and sums of squares of differences between effects in non-replicated and replicated trials (d) depending on the method of analysis

Metody Methods	CHO			KOB			MOD			NAG ^a		POL ^a	
	s_g^2	wartość p p -value	d	s_g^2	wartość p p -value	d	s_g^2	wartość p p -value	d	s_g^2	wartość p p -value	s_g^2	wartość p p -value
M0	0,086	0,093	3,660	0,311	0	24,850	0,679	0	18,408	0,845	0,009	0,617	0,0001
M1	0,099	0,728	4,593	0,190	0,076	9,100	0,588	0,394	10,229	3,916	0,220	0,658	0,0003
M2	0,086	0,261	3,365	0,312	0	23,560	0,774	0	19,749	0,732	0,179	0,478	0,0699
M3	0,093	0,364	3,754	0,312	0	23,560	0,627	0	14,247	1,191	0,408	0,879	0,1204
M4	0,095	0,609	4,000	0,159	0,001	8,789	0,528	0,058	10,815	x	x	0,598	0,0430
M5	0,093	0,364	3,754	0,191	0,076	9,145	0,588	0,361	10,084	1,112	0,275	0,658	0,0003
M6	0,087	0,345	3,655	0,175	0	9,284	0,548	0,202	11,065	0,450	0,440	0,569	0,0083
M7	0,070	0,211	2,808	0,108	0,839	9,424	0,545	0,966	10,468	0,340	0,930	0,370	0,0289

^a — W NAG i POL nie przeprowadzono doświadczenia wielopowtórzeniowego

^a — There were no replicated trials performed at NAG and POL

x — Nie można było zastosować metody M4 w doświadczeniu przeprowadzonym w NAG ze względu na jego specyfikę

x — Method M4 was unapplicable in trial performed at NAG

Wyniki otrzymane w poszczególnych doświadczeniach przedstawiono w tabeli 3. Z pięciu rozważanych doświadczeń jedynie w CHO nie otrzymano żadnej wartości p mniejszej od 0,05. W CHO najgorzej zaprezentowała się metoda M0 (wartość $p = 0,093$), a najlepiej metoda M1 (wartość tego wskaźnika wyniosła 0,728). W przypadku doświadczenia przeprowadzonego w KOB dla metod M0, M2, M3, M6 i M4 zaobserwowano statystycznie istotne nierównomierne wybieranie linii z pola doświadczalnego. Najrównomierniej wybierała genotypy metoda M7 (0,839). W MOD dla metod M0, M2 i M3 obserwujemy wpływ wydajności rejonu pola na plon linii. Najlepszą metodą była ponownie M7 (0,966). W NAG jedynie metoda M0 dała istotny statystycznie wpływ rejonu pola na wybór linii do dalszych badań. W przypadku metody M7 otrzymano najbardziej równomierne rozmieszczenie wybranych linii na polu doświadczalnym (0,930). W eksperymencie przeprowadzonym w POL jedynie dla metody M3 nie było podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej o braku równomierności rozmieszczenia linii na polu doświadczalnym. Warto tu zwrócić uwagę na fakt, że dla porównania metod nie jest ważna istotność (nieistotność) statystyczna. Ważne jest względne zachowanie się metod, czyli porównanie wartości p niezależnie od istotności statystycznej.

W celu sprawdzenia, która z metod analizy doświadczenia jednopowtórzeniowego dostarcza ocen estymatorów efektów obiektowych najbliższych ocenom estymatorów z doświadczenia wielopowtórzeniowego, obliczono sumę kwadratów różnic między tymi efektami, d (Ambroży i in., 2008), a szczegółowe wyniki zestawiono w tabeli 3. W CHO najmniejszą wartość parametru d otrzymano przy zastosowaniu metody M7 (2,808), a największą dla metody M1 (4,593). W KOB najmniejsze różnice w ocenach efektów plonu

linii w doświadczeniach jedno- i wielopowtórzeniowych otrzymano dla metody M4. Natomiast zdecydowanie duże dla metod M0, M2 oraz M3 (znacznie przewyższające wartości parametru d dla pozostałych metod). W MOD wartości parametru d wynosiły od 10,084 (dla M5) do 19,749 (dla M2). W NAG i POL nie przeprowadzono doświadczeń wielopowtórzeniowych. Porównanie ocen parametru d pomiędzy miejscowościami jest możliwe dopiero po podzieleniu poszczególnych wartości przez odpowiednią liczbę linii obserwowanych w doświadczeniach wielopowtórzeniowych.

Korelacje rang między ocenami efektów obiektowych rozpatrywanych genotypów uzyskanych za pomocą różnych metod przedstawiono w tabeli 4. Metody dostarczające silnie skorelowanych ocen efektów obiektowych (np. współczynniki korelacji większe od 0,9) dają podobne uporządkowanie obiektów. Zatem przy wyborze określonej frakcji najlepszych genotypów wskazują często na te same obiekty. W każdym analizowanym doświadczeniu wszystkie wartości współczynników korelacji rang między ocenami efektów obiektowych, uzyskanych za pomocą różnych metod, były istotne statystycznie na poziomie $\alpha = 0,001$. Na szczególną uwagę zasługuje fakt identycznego uporządkowania linii (współczynniki korelacji rang równe 1) przez oceny efektów obiektowych uzyskanych metodami M3 i M5 w CHO, M2 i M3 w KOB oraz M1 i M5 w POL. Ponadto w KOB i MOD dla ocen efektów obiektowych uzyskanych za pomocą metod M1 i M5 otrzymano dużą zgodność rang (wartości współczynników korelacji rang równe 0,99).

Do dalszych etapów badań wybiera się jedynie pewną frakcję linii (w naszych rozważaniach było to 20% albo 30%). Zastosowanie różnych metod poprawiania obserwacji powoduje, iż do podzbioru linii przeznaczonych do dalszych badań wybierane mogą być różne genotypy. W celu zaobserwowania, jak różnią się zestawy genotypów wybranych przez różne metody, dla każdej pary metod policzono jaki jest procent linii wskazanych przez obie porównywane metody (tab. 4). Najwięcej tych samych genotypów wybieranych do dalszych badań było w POL, gdzie w najgorszym przypadku obserwowano 74% linii wspólnych (pomiędzy metodami M1 — M2, M1 — M3 oraz M3 — M5). Metody M1 i M5 pozwoliły w POL wybrać dokładnie te same obiekty. Również z CHO i KOB uzyskano wyniki wskazujące na wybieranie dokładnie tych samych linii (w CHO dla M3 i M5, w KOB dla M1 i M5 oraz M2 i M3). W CHO, MOD i NAG najgorszym wynikiem było około 50% wspólnych linii (szczegóły patrz tabela 4, odpowiednio, a, c i d). Przy porównaniu metod M0 z M2 i M0 z M3 w KOB obserwujemy jedynie 16,5% wspólnych linii. Linie wybierane na podstawie wyników uzyskanych przy zastosowaniu metody M7 w największym stopniu pokrywały się z liniami wybieranymi przy zastosowaniu metody M6 (w czterech doświadczeniach) i M4 (w dwu miejscowościach).

Tabela 4

Korelacje rang (powyżej przekątnej) między ocenami efektów obiektowych uzyskanych ośmioma metodami oraz procent linii wspólnych (poniżej przekątnej) wśród najlepszych genotypów w poszczególnych miejscowościach (a — CHO, b — KOB, c — MOD, d — NAG, e — POL)
Rank correlations (above the main diagonal) among estimates of genotypic effects obtained with eight methods and percentages (below the main diagonal) of the best common lines, among the best genotypes in particular locations (a — CHO, b — KOB, c — MOD, d — NAG, e — POL)

a — CHO

CHO	M0	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7
M0		0,87	0,97	0,96	0,94	0,96	0,99	0,91
M1	48,6		0,84	0,89	0,94	0,89	0,89	0,85
M2	82,9	45,7		0,94	0,93	0,94	0,97	0,89
M3	68,6	57,1	62,9		0,95	1,00	0,97	0,89
M4	68,6	68,6	71,4	62,9		0,95	0,97	0,90
M5	68,6	57,1	62,9	100,0	62,9		0,97	0,89
M6	91,4	91,4	77,1	71,4	77,1	71,4		0,92
M7	65,7	65,7	62,9	57,1	68,6	57,1	71,4	

b — KOB

KOB	M0	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7
M0		0,53	0,90	0,90	0,63	0,54	0,55	0,66
M1	19,5		0,60	0,60	0,90	0,99	0,80	0,77
M2	16,5	52,5		1,00	0,67	0,60	0,61	0,63
M3	16,5	52,5	100,0		0,67	0,60	0,61	0,63
M4	19,4	75,0	55,5	55,0		0,90	0,93	0,83
M5	19,5	100,0	52,5	52,5	75,0		0,79	0,77
M6	21,5	60,0	44,5	44,5	73,0	60,0		0,78
M7	22,5	58,5	56,0	56,0	63,0	58,5	57,5	

c — MOD

MOD	M0	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7
M0		0,56	0,84	0,95	0,61	0,55	0,62	0,78
M1	59,2		0,51	0,62	0,94	0,99	0,91	0,81
M2	75,0	55,8		0,84	0,58	0,50	0,59	0,73
M3	91,7	60,8	71,7		0,65	0,62	0,64	0,80
M4	60,0	83,3	55,8	63,3		0,93	0,98	0,86
M5	58,3	99,2	55,0	60,0	82,5		0,91	0,81
M6	59,2	81,7	55,0	60,8	91,7	80,8		0,85
M7	70,8	75,0	66,7	72,5	78,3	75,8	78,3	

d — NAG

NAG	M0	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7
M0		0,54	0,91	0,87	x	0,50	0,70	0,58
M1	55,7		0,54	0,54	x	0,78	0,65	0,66
M2	83,5	60,0		0,89	x	0,54	0,70	0,63
M3	83,5	57,4	80,9		x	0,56	0,72	0,59
M4	x	x	x	x		x	x	x
M5	52,2	74,8	58,3	56,5	x		0,80	0,79
M6	62,5	63,5	69,6	66,1	x	70,4		0,86
M7	51,3	62,6	59,1	52,2	x	69,6	75,7	

e — POL

POL	M0	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7
M0		0,57	0,87	0,71	0,80	0,57	0,96	0,78
M1	75,0		0,63	0,57	0,73	1,00	0,65	0,71
M2	88,0	74,0		0,77	0,80	0,63	0,87	0,81
M3	81,0	74,0	89,0		0,71	0,57	0,75	0,65
M4	83,0	79,0	84,0	81,0		0,73	0,90	0,78
M5	75,0	100,0	74,0	74,0	79,0		0,65	0,71
M6	94,0	75,0	88,0	84,0	88,0	75,0		0,82
M7	84,0	76,0	83,0	79,0	83,0	76,0	85,0	

O potrzebie poprawiania efektów obiektowych wyraźnie świadczą wyniki otrzymane w KOB. W tej miejscowości metody M1, M2,..., M7 w porównaniu z metodą M0 wskazywały różne zestawy linii jako najlepsze. Metoda M0 „wybierała” w najlepszym razie 22,5% tych samych linii co pozostałe metody. Metody M1, M2,..., M7 „wybierały” dużo większe frakcje tych samych linii, osiągając np. 100% wspólnych wskazań dla metody M1 i M5 oraz M2 i M3.

DYSKUSJA

Stosuje się wiele metod oceny efektów obiektowych w doświadczeniach jednopowtórzeniowych z wzorcami. Wybór określonej metody ma duży wpływ na podzbiór linii wybieranych do dalszych badań. Zatem bardzo wskazana powinna być duża ostrożność w podejmowaniu decyzji o wyborze metody. Decyzja ta powinna być wsparta znajomością charakteru zmienności występującej na polu doświadczalnym.

W analizowanych doświadczeniach statystycznie istotny (na poziomie istotności $\alpha = 0,05$) trend na polu doświadczalnym (względem wierszy i/lub kolumn) wykryto we wszystkich doświadczeniach oprócz POL (mimo występowania istotnych różnic między wierszami i kolumnami). Zatem w tych doświadczeniach skuteczniejsze powinny być metody, w których trend jest eliminowany. Do takich metod należą metody M2, M5 i M7. Zgodnie z oczekiwaniem najlepszą okazała się metoda M7, a najgorszą metoda M0. Metoda M7 okazała się być najlepsza wg kryterium równomierności wyboru linii z całego pola doświadczalnego w KOB, MOD i NAG, metodą średnio skuteczną w doświadczeniu w POL i prawie najgorszą w CHO. W CHO najskuteczniejszą okazała się pod tym względem metoda M1. Świadczyć to może o specyficznym typie zmienności glebowej w CHO. Według kryterium zgodności ocen z doświadczenia jednopowtórzeniowego z wynikami doświadczenia wielopowtórzeniowego, metoda M7 jest godna polecenia, bo dała najmniejszą wartość zastosowanego kryterium w CHO, a bardzo bliskie wartościom najmniejszym w KOB i MOD. Interesujące jest, że we wszystkich rozważanych doświadczeniach dla metody M7 otrzymano najmniejsze wartości wariancji efektów genotypowych, czyli metoda ta w najmniejszym stopniu różnicuje oszacowane efekty badanych linii, co nie ułatwia wyboru najlepszych genotypów.

Praktycznie, skuteczną może zatem być metoda, polegająca na wstępnej analizie trendu na polu doświadczalnym przy użyciu wyników dla obiektów wzorcowych, a następnie wybór metody w zależności od sytuacji. W przypadku wykrycia istotnego trendu wzdłuż

wierszy należy stosować metody, które ten fakt uwzględniają. Wśród takich metod rozważanych w tym opracowaniu godną polecenia wydaje się być metoda M7, czyli metoda średniej ruchomej.

W ogólności, zaobserwowano silny związek pomiędzy wartościami współczynników korelacji rang, a procentem wspólnie wybieranych najlepszych linii. Wskazuje to na podobne uporządkowanie całego zbioru badanych linii przy poszczególnych metodach oceny efektów obiektowych, a nie tylko podzbioru kwalifikowanego do dalszych badań.

WNIOSKI

1. Należy unikać wnioskowania na podstawie nieprzekształconych wyników pomiarów, ponieważ metoda ta była w każdym z analizowanych doświadczeń metodą najgorszą wśród wszystkich uwzględnionych w rozważaniach.
2. Wśród porównywanych metod analizy wyników skuteczniejszymi były metody eliminujące trendy zmienności glebowej (metody M2, M5 oraz M7).
3. Metoda M7 — średniej ruchomej (moving average method) była metodą najskuteczniejszą. Jednakże przy tej metodzie średni kwadrat zmienności linii (wariancja genotypowa) często był mały, co może świadczyć o tym, że inne metody mogą dawać obciążone estymatory wartości przeciętnych badanych cech.

LITERATURA

- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. I. Metody oceny efektów obiektowych. *Biul. IHAR* 250: 21 — 28.
- Ceranka B., Chudzik H. 1977. Doświadczenia jednopowtórzeniowe z wzorcem. Siódme Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii, PAN, Warszawa: 318 — 331.
- Cullis B. R., Warwick J. L., Fisher J. A., Read B. J., Gleeson A. C. 1989. A new procedure for the analysis of early generation variety trials. *Applied Statistics* 38: 361 — 375.
- Dobek A., Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiewicz T. 1987. Analiza krzyżówek typu linia × tester porównywanych w doświadczeniach jednopowtórzeniowych. *Algorytmy biometryczne i statystyczne ABS-122*: 29 — 46.
- Dobek A., Kala R. 1995. On the analysis of experiments with unreplicated varieties. *Biuletyn Oceny Odmian* 26—27: 73—82.
- Genstat 5 Committee. 1993. *Genstat 5 Release 3 Reference Manual*. Clarendon Press, Oxford.
- Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiewicz T. 1984. Analiza potomstwa otrzymanego z krzyżówek typu linia × tester porównywanego w doświadczeniu jednopowtórzeniowym z wzorcami. *Listy Biometryczne* 31 (2): 35 — 55.
- Kempton R. A. 1982. Adjustment for competition between varieties in plant breeding trials. *Journal of Agricultural Science* 98: 599 — 611.
- Kempton R. A. 1984. The design and analysis of unreplicated field trials. *Vorträge für Pflanzenzüchtung* 7: 219 — 242.
- Kempton R. A., Talbot M. 1988. The development of new crop varieties. *Journal Of The Royal Statistical Society. Series A (Statistics In Society)* 151: 327 — 341.
- Lin C. S., Poushinsky G. 1983. A modified augmented design for an early stage of plant selection involving a large number of test lines without replication. *Biometrics* 39: 553 — 561.

McClelland C. K. 1926. New methods with check plots. *Journal of the American Society of Agronomy* 18: 566 — 575.

Utz H. F. 1997. PLABSTAT. A computer program for statistical analysis of plant breeding experiments. Version 2N. Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University of Hohenheim, Germany.

PAULO CANAS RODRIGUES^{1,2}**STANISLAW MEJZA**¹**JOÃO TIAGO MEXIA**²¹ Poznań University of Life Sciences, Poland² Nova University of Lisbon, Portugal

Structuring genotype $\times$ environment interaction — an overview*

Badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej — przegląd metod

The phenotype of an individual is determined by both the genotype and environment. Farmers and scientists aim to determine a superior genotype over a wide range of environmental conditions but also over years. The basic cause of differences between genotypes in their yield stability is when these two effects are not only additive, i.e. when genotype $\times$ environment interaction (GEI) is present in the data. Multi-location trials play an important role in plant breeding and agronomic research. The data from such trials have three main points: (i) to accurately estimate and predict yield based on limited experimental data; (ii) to determine yield stability and the pattern of response of genotypes across environments; and (iii) to provide reliable guidance for selecting the best genotypes or agronomic treatments for planting in future years and at new sites (Crossa, 1990). The purpose of the present paper is (i) to describe various multivariate statistical methods for analyzing interactions in general and GEI in particular, and (ii) to present a selected bibliography of 142 references to previous work.

Key words: genotype $\times$ environment interaction, additive main effects and multiplicative interaction model, principal component analysis, cluster analysis, biplot

Celem programów genetyczno-hodowlanych, jak i praktyki, jest uzyskanie genotypów (odmian), które wykazują korzystne właściwości w różnych środowiskach. Podstawowym źródłem różnorodności fenotypu odmian jest nieaddytywność tych dwóch czynników, tzn. genotypu i środowiska. Nieaddytywność tę charakteryzujemy poprzez interakcję genotypowo-środowiskową. W badaniach hodowlanych bardzo ważną rolę pełnią doświadczenia wielokrotne i wieloletnie. Wykorzystujemy je głównie do oceny odmian w zakresie estymacji i predykcji plonów, oceny stabilności plonu odmian w różnych środowiskach oraz do rekomendacji uprawowych odmian ze względu na wartość hodowlaną lub rolniczą (Crossa, 1990). W pracy tej dokonujemy przeglądu wielowymiarowych metod analizowania interakcji podwójnej oraz, w szczególności, interakcji genotypowo – środowiskowej. Podajemy także literaturę dotyczącą wyżej wymienionych zagadnień.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo środowiskowa, model addytywny ze względu na efekty główne i multiplikatywny ze względu na interakcję, analiza składowych głównych, metody grupowania, biplot

* This paper is an extension of a paper presented at XVIIIth Summer School of Biometrics, Rackove dolina, June, Slovakia, 2008 A. Corresponding author: e-mail – paulocanas@fet.unl.pt

1. INTRODUCTION

Farmers and scientists aim at determining a genotype which is superior over a wide range of environmental conditions and also over a number of years (multi-environment trials). The basic cause of differences between genotypes in their yield stability is when these two effects (genotype and environment) are not simply additive, i.e. when GEI is present in the data.

Various statistical methods have been proposed for the analysis of interaction in general, and GEI in particular and these will be reviewed in this paper. First of all it is necessary to find if there is an interaction effect present in the data, then one has to consider this effect and importance as a subsequent work. Freeman (1972) described the aim of structuring GEI as: “This is all part of an attempt to discover more about the data than the crude tests reveal; thus, assuming that $data = pattern + noise$, one wants to find as much as possible of the pattern while eliminating the maximum noise”.

To the best of our knowledge there is no recent review paper which provides an up-to-date and extensive list of references about the most used techniques for analyzing and structuring GEI.

The decision as to which papers are most important and relevant is necessarily subjective and doubtful, a lot of very good papers are not included. The aim of this selection is to give some key references as a possible basis for a further reading. Some of the references are very recent and with high quality which means that this subject is still under development.

2. MOTIVATION AND PREVIEW OF THE REVIEW PAPERS

Literally hundreds (even thousands) of papers have been written on this subject by statisticians, breeders, agronomists and geneticists. Over time some authors presented helpful works with many references about GEI: the paper of Aastveit and Mejza (1992) presents a collection with more than 120 references. Also the review works by Denis and Vincourt (1982), Cox (1984), Westcott (1986) and Crossa (1990) and the books by Kang (1990), Gauch (1992) and Kang and Gauch (1996) contain many references. The MSc. Thesis by Alberts (2004) also provides some useful references. However it is not easy to keep up with the expanding literature on this subject and the main reasons for this were pointed out by Kang and Gauch Jr. (1996), (i) “many important developments on interaction are published in statistical journals not read routinely by many agricultural researchers, and relevant statistical applications appear in an even wider assortment of medical, engineering, and other journals”; and (ii) “merely the agricultural literature itself is enormous, appearing in various languages and published in numerous countries. Some important items are published as departmental monographs or as chapters in books that may not come to some researcher’s attention.”

4. MULTIVARIATE ANALYSIS

Crossa (1990) pointed out that multivariate analysis has three main purposes: (i) to eliminate noise from the data pattern (i.e., to distinguish systematic from nonsystematic variation); (ii) to summarize the data; and (iii) to reveal a structure in the data. He also divided the multivariate techniques used to structuring GEI in two groups: (i) ordination techniques — PCA, biplots and graphical representation, principal coordinates analysis and factor analysis — which assume that the data is continuous and attempt to represent genotype and environment relationships in a low-dimensional space; and (ii) classification techniques — cluster analysis and discriminant analysis — which seek for discontinuities in the data, group similar entities in clusters and summarize redundancy in the data. Here we follow the same division as Crossa (1990) to present the most used multivariate techniques for structuring GEI.

4.1. ORDINATION TECHNIQUES

4.1.1. Principal component analysis

When dealing with large data sets, one of the main problems is how to extract the information. Principal component analysis (PCA) is the most used technique for reducing the data set while preserving significant features (e.g. Jolliffe, 2002).

The most immediate objective of PCA is to verify if a small number of the first principal components exists which explains a high proportion of the variation in the original data set. If so, a few principal components can be used to represent the original data set without a big loss of information. This procedure corresponds to the dimension reduction of the original data set.

Another goal of PCA is the visualization of variables underlying the original structure (the principal components) which have physical meaning and, therefore, help to see the initial structure from another point of view.

This analysis can effectively reduce the structure of a two-way genotype $\times$ environment data matrix of G (genotypes) points in E (environments) dimensions in a subspace of fewer dimensions (Crossa, 1990).

The model can be written as

$$Y_{ij} = \mu + \sum_{n=1}^h k_n v_{ni} s_{nj} \quad (1)$$

where Y_{ij} is the observed mean yield of the i -th genotype at the j -th environment, μ is the general mean, k_n is the singular value of the n -th axis/principal component (k_n^2 is the eigenvalue), v_{ni} is the eigenvector of the i -th genotype for the n -th axis, s_{nj} is the eigenvector of the j -th environment for the n -th axis, and $\sum_{n=1}^h v_{ni} = \sum_{n=1}^h s_{ni} = 1$.

Johnson and Graybill (1972) and Corsten and van Eijnsbergen (1972) gave the full statistical analysis underlying the principal component approach and derived the appropriate distribution for a test of significance of the first component.

The model (1), under certain conditions, can be seen as a generalization of the linear regression analysis (Williams, 1952; Mandel, 1969; Johnson, 1977; Digby, 1979; Crossa, 1990).

Another generalization which includes PCA (together with the analysis of variance - ANOVA) is the Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI) model (Fisher and Mackenzie, 1923; Mandel, 1971; Gauch, 1988; Zobel, Wright and Gauch 1988; Gauch and Zobel, 1997; Gauch, 2006). The AMMI model, also called doubly-centered PCA, applies the singular value decomposition (SVD) to the data minus the genotype and environment means (Gauch, 2006). In the AMMI model, ANOVA estimates the additive effects of genotypes and environments and SVD or PCA estimates the GEI.

Applications of PCA can be found, among others, in: Mandel (1971); Freeman and Dowker (1973); Hill and Goodchild (1981); Annicchiarico (1992); Jackson *et al.* (1994); Bull *et al.* (1994); Romagosa *et al.* (1996); Martinez *et al.* (1997); Ibanez *et al.* (2001); Laurentin *et al.* (2007).

Three mode PCA (Kroonenberg, 1983) has been used to analyse and structuring GEI when the data are considered as a three dimensional matrix, e.g. Genotype $\times$ Environment $\times$ Year: Basford *et al.*, 1991; van Eeuwijk and Kroonenberg, 1998; de la Vega and Kroonenberg, 2002). Furthermore, one can find some more applications on Kroonenberg and Basford (1989); and de la Vega and Chapman (2001, 2006. Varela *et al.* (2006) presented as a generalization of three mode PCA for AMMI models.

Although PCA is more efficient than the linear regression method in describing genotypic performance (Crossa, 1990), the interpretation of resulting principal components is difficult (Aastveit and Mejza, 1992). This weakness can be overcome by the use of graphical visualisations and biplots which are described in the next subsection. More weak points of PCA can be found in the literature: (i) the reduction of dimensionality of multivariate data may lead to distortions on interpretations (Crossa, 1990); (ii) if the proportion of variance explained by the first principal components is small, the individuals that are quite different may be represented by points that are close together (Gower, 1967); (iii) as a multiplicative model it has the problem of not describing the additive main effects (Zobel *et al.*, 1998) and confuses the additive (main effects of genotypes and environments) structure of the data with nonadditivity effects (GEI) (Crossa, 1990); (iv) and nonlinear association in the data prevents PCA from efficiently describing the real relationships between entities (Williams, 1976). Perkins (1972) also pointed out that PCA was not useful for studying the adaptation of a group of inbred lines of *Nicotiana rustica*.

4.1.2. Biplot and graphical visualization

The display of genotypes and environments along the first two principal component axes for the interaction table of residuals is called a biplot (Gabriel, 1971; Bradu and Gabriel, 1978; Kempton, 1984; Gower and Hand, 1996). This technique can provide useful information on grouping similar genotypes and/or environments and can also provide some useful information about the GEI to identify genotypes which are well adapted to a particular environment (Zobel *et al.*, 1988; Crossa, 1990; Crossa *et al.*, 2002). Three dimensional biplots were presented by Gower and Digby (1981).

Since Bradu and Gabriel (1978) explored the use of the biplot as a diagnostic tool for choosing an appropriate model for the analysis of two-way data it has been used in multi-environment trial data analysis (Yan and Hunt, 2002). Consequently some generalizations and applications have been proposed: GGE biplots display both genotype main effects (G) and genotype $\times$ environment interaction (GE) which are two sources of yield variation that are relevant in cultivar evaluation (Cooper *et al.*, 1997; Yan, 1999, 2001; Yan *et al.*, 2001; Yan and Kang, 2003); Yan and Tinker (2005) presented a third type of biplot (after biplot and GGE biplot) which displays the yield-trait relations in individual environments and addresses whether and how the GEI for yield can be explored by indirect selection for the other traits. A genotype $\times$ trait biplot (Yan and Rajcan, 2002; Yan and Kang, 2003) graphically approximates a genotype $\times$ trait two-way table and can be used to visualize the genetic correlations among traits.

Applications of the biplot methodology to diallel data (Yan and Hunt, 2002), to host-by-pathogen data (Yan and Falk, 2002), to barley yield (Dehghani *et al.*, 2006) and to linear-bilinear models (Crossa *et al.*, 2002), among others, can be found in the literature.

4.1.3. Principal coordinates analysis

Principal coordinates analysis (PCO) was pioneered by Gower (1966) as an alternative to PCA, which is a metric multidimensional scaling method based on projection and uses spectral decomposition to approximate a matrix of distances/dissimilarities by the distances between a set of points in several dimensions. It can be seen as the dual of PCA, i.e. instead of the use of the matrix WW' whose size is the number of variables or environments (PCA), it considers the matrix $W'W$ whose size is the number of individuals or genotypes, where W represents all the variation within genotypes, including that for the error (Freeman, 1972).

In contrast to PCA, PCO employs a broader range of distances (PCO is equivalent to PCA on a covariance matrix of a transposed data matrix if the distance matrix is Euclidean; and PCO is equivalent to PCA on a correlation matrix of a transposed data matrix if the distance matrix is Penrose) or dissimilarity coefficients between objects (Crossa, 1990). The objectives and limitations of PCO are similar to those of PCA with some advantages as pointed out by Crossa (1988, 1990): (i) it is trustworthy when used for data that include extremely low or high yielding sites; (ii) it does not depend on the set of genotypes included in the analysis; and (iii) it is simple to identify stable varieties from the sequence of graphic displays.

Applications of PCO can be found, for example, on Fox and Rosielle (1982); Crossa *et al.* (1988, 1999) and Ibanez *et al.* (2001).

4.1.4. Factor Analysis

Factor Analysis (FA) is similar to PCA where the principal components are replaced by “factors”. As in PCA, in FA a large number of correlated variables is reduced to a small number of main (uncorrelated) factors (Spearman, 1904; Cattell, 1965), and assumed that each variable can be expressed as a linear compound of k (lower than the number of individuals) hypothetical variables, the common factors, plus an additional term depending only on the particular variable and known as the specific factor (Gower, 1966). Another difference between PCA and FA is that in FA the rotation of the obtained factors is possible.

A rotation which requires the factors to remain uncorrelated is an *orthogonal* rotation, while others are *oblique* rotations. Oblique rotations often achieve greater simple structure, though at the cost that one must also consider the matrix of factor intercorrelations when interpreting results.

FA has been used to analyse GEI. Grafius and Kiesling (1960) constructed orthogonal vectors representing environmental effects using FA and predicted genotype responses in terms of these vectors. Walton (1972), and Seiler and Stafford (1985) used FA to understand relationships between yield components and morphological characteristics. Gollob (1968) refers to the fixed two-way models

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \sum_{k=1}^c \theta_k u_{ki} v_{kj} + \varepsilon_{ij}, \quad i = 1, \dots, t; j = 1, \dots, b, \quad (2)$$

where μ is the general mean, τ_i and β_j represent the main effects, and the $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$, as factor analysis of variance or simply FANOVA models because they incorporate the benefits of data reduction from a factor decomposition of residuals and the ease of interpretation permitted by the analysis of variance. Latter, Yochmowitz and Cornell (1978) proposed a stepwise test base upon likelihood ratio statistics to determine the number of multiplicative components in the MANOVA (Multivariate ANOVA) model.

Applications of FA to GEI can be found, among others, in Peterson and Pfeiffer (1989), Oliveira *et al.* (2005) and Garbuglio *et al.* (2007).

4.2. CLASSIFICATION TECHNIQUES

4.2.1. Cluster analysis

Cluster analysis (CA) (Cormack, 1971; Everitt *et al.*, 2001) seeks to identify a set of groups which both minimize within-group variation and maximize between-group variation.

Two types of clustering can be distinguished: (i) hierarchical and (ii) partitional/nonhierarchical. Hierarchical clustering algorithms find successive clusters using previously established clusters and do not require preset knowledge of the number of groups (the traditional representation is called a hierarchical tree diagram or dendrogram). Hierarchical algorithms can be agglomerative — beginning with each element as a separate cluster and merging them into successively larger clusters; or divisive — beginning with the whole set and proceeding to divide it into successively smaller clusters.

Partitional/nonhierarchical algorithms determine all clusters at once and one has to decide in the beginning of the analysis the number of clusters (the most well known partitional algorithm is K-means which uses the Euclidian distance). CA also requires a measure of distance between the individuals which determines how the similarity/dissimilarity of two objects is calculated. The most known and used distance functions are: Euclidean; Mahalanobis, Manhattan, maximum norm and Hamming.

CA is one of the most important methods to analyzing and structuring GEI (Aastveit and Mejza, 1992) and the most widely used technique for classifying environments or genotypes into homogeneous groups (Huhn and Truberg, 2002). CA has been used to study

genotype adaptation by simplifying the pattern of responses and to subdivide genotypes and environments into more homogeneous groups (Crossa, 1990). Lin *et al.* (1986) and Westcott (1987) presented review papers about the application of classification methods to GEI and discussed their problems.

Crossa (1990) pointed out some of the disadvantages of CA: (i) numerous hierarchical grouping exist, and each of them may produce different cluster groups; (ii) the truncation level of the classificatory hierarchies may be decided arbitrarily; (iii) many different similarity measures can be used yielding different results; and (iv) CA may produce misleading results by showing structures and patterns in the data when they do not exist (Gordon, 1999).

With the two-stage Ward-Modified Location Model (Ward-MLM), proposed by Franco *et al.* (1998) where the initial groups are generated by the Ward (1963) minimum variance within-groups hierarchical method, it is possible to avoid the “independence across sites” assumption and therefore to estimate variance of the traits within sites and their covariances across sites (Franco *et al.*, 2003).

Franco *et al.* (1999) extended the Ward-MLM strategy to the case of clustering three-way data of cultivar x environment x trait. This strategy considers the same trait measured in different environments as different variables, and it considers the clustering of n individuals on the basis of p continuous and q categorical traits measured in r different environments (Franco *et al.*, 2003).

Multiplicative models for multi-environment cultivar trials that consider one trait at a time (unvaried case) have been used for developing methods for clustering environments or genotypes into groups with statistically negligible crossover interaction (Cornelius *et al.*, 1992, 1993; Crossa *et al.*, 1993; Kang and Gauch, 1996; Crossa and Cornelius, 1997; Abdalla *et al.*, 1997). The multivariate case is when one considers all the traits (continuous and categorical) simultaneously (three-way Ward-MLM methodology) (Franco *et al.*, 2003).

Basford and McLachlan (1985) also proposed a classification method for three-way cluster analysis when all measured traits are continuous, and an association between categorical and continuous variables can be found in Franco and Crossa (2002) and Franco *et al.*, 2002) with application in Franco *et al.* (2002).

The first attempt to apply CA to GEI was by Abou-El-Fittouh *et al.* (1969) using cotton. Lin (1982) proposed a cluster method to group genotypes according to their response to environments when the GEI is large. Ramey and Rosielle (1983) proposed a new method of cluster analysis, termed the hierarchical agglomerative sums of squares method (HASS) to facilitate clustering of genotypes and environments where GEI exists. Corsten and Denis (1990) proposed an agglomerative hierarchical clustering procedure for an orthogonal two-way table. Franco *et al.* (1998) proposed the two-stage clustering Ward-Modified Location Model, and Lefkovitch (1985) discussed the problems of multi-criteria clustering in GEI.

Huhn and Truberg (2002) compare different cluster techniques, present theoretical results and give wide list of references to preview work in CA, in particular applied to GEI. The experimental results are given by Truberg and Huhn (2002).

Many references to the application of CA to GEI can be found: Robert (1997) used a clustering procedure to identify groups of environments which were homogeneous for interaction in bread wheat, in two multi-location series of trials. Berger *et al.* (2002) used the K-means clustering algorithm to group genotypes of undomesticated Mediterranean Vicia. CA was undertaken by Adugna and Labuschagne (2003) for 10 genotypes of linseed that were tested in a four-times replicated randomized block design across 18 environments (six localities by 3 years) of Ethiopia. Gruneberg *et al.* (2005) derived three environmental groups, for sweet potato clones from CA. A CA was used by Isik and Kleinschmit (2005) in order to illustrate the general pattern of similarities among the test sites of *Picea abies* in northern Germany. Padi (2007) used hierarchical CA to identify discrete groups of cowpea genotypes.

Sometimes, the CA is combined with regression analysis (Tai *et al.*, 1994, Yang *et al.*, 2006) and with the analysis of variance (Lin, 1982; Lefkovitch, 1985; Sanchez-Dominguez *et al.*, 2006).

Many times the multivariate methods constitute a basis for a CA (e.g. Seif *et al.*, 1979; Calinski *et al.*, 1989 a, b; Adugna and Labuschagne, 2003 — for canonical analysis).

4.2.2. Linear discriminant analysis

Linear discriminant function analysis or discriminant analysis (LDA) (Fisher, 1936) aims to find the linear combinations of features which best separate two or more predefined classes of objects or events. The multivariate case, known as Multiple Discriminant Analysis, Discriminant Factor Analysis or Canonical Discriminant Analysis (CDA), derives the canonical coefficients and finds linear combinations of the quantitative variables that provide maximal separation between the classes or groups in much the same way that principal components summarize total variation (from the n original variables it constructs n linear functions — canonical discriminant functions - and the discriminant functions may be used to calculate a set of n discriminant scores for each discriminant function).

Applications of DA and CDA may be found in the literature about GEI. Gallacher (1997) used both a monothetic and a polythetic discriminant analysis on selected characteristics of Australian sugarcane germplasm. Martinez *et al.* (1997) used DA on Grenache N grapevine, and Salehuzzaman and Joarder (1979) on soybean. Crown shape of four different clones planted out in six experimental fields located in five European countries are described and compared using discriminant analysis (Santini and Camussi, 2000). Johnston *et al.* (2001) used CDA to infer the environmental factors most strongly associated with the different genotypic groups in a Louisiana iris hybrid population.

Canonical analysis is concerned with determining the relationships between groups of variables in a data set (Hotelling, 1936; Cliff and Krus, 1976) and has also been used in GEI. Applications of this methodology to GEI can be found in Calinski *et al.* (1987a, 1987b); Lejeune and Calinski (2000) and Adugna and Labuschagne (2003).

5. AMMI MODELS

Work by Williams (1952), Gollob (1968), Mandel (1971) and Bradu and Gabriel (1978) has made an important contribution to the development of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) models (Annicchiarico, 2002). According to Gauch (1988), Zobel *et al.* (1988) and Crossa *et al.* (1990), AMMI models can be used to analyze multilocation trials.

The AMMI method first applies the additive analysis of variance model to a two-way data (e.g. genotypes and environments), and then applies the multiplicative principal component analysis model to the residual from the additive model, i.e. to the interaction (e.g. GEI) (Gauch, 1988, 1992). The AMMI model is given by, see Gauch (1988),

$$Y_{ge} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \theta_{ge}, \quad (3)$$

where:

Y_{ge} is the yield of genotype g in environment e ;

μ is the grand mean;

α_g are the genotype mean deviations (the genotype means minus the grand mean);

β_e are the environment mean deviations;

λ_n is the eigenvalue of PCA axis n ;

γ_{gn} and δ_{en} are the genotype and environment PCA scores for PCA axis n ;

N is the number of PCA axes retained in the model;

θ_{ge} is the residual.

If the experiment is replicated, an error term ε_{ger} , which is the difference between the Y_{ge} mean and the single observation for replicate r , may be added.

Crossa (1990) pointed out three main purposes of AMMI models: (i) model diagnosis — AMMI is more appropriate in the initial statistical analysis of yield trials because it provides an analytical tool for diagnosing other models as subclasses when these are better for a particular data set (Bradu and Gabriel, 1978); (ii) to clarify GEI — AMMI models summarize patterns and relations of genotypes and environments (Kempton, 1984; Zobel *et al.*, 1988; Crossa *et al.* 1990); and (iii) to improve the accuracy of yield estimates — gains have been obtained in the accuracy of yield estimates that are equivalent to increasing the number of replicates by a factor of two to five (Zobel *et al.*, 1988; Crossa *et al.*, 1990) which can be used to reduce the costs by reducing the number of replications, to include more treatments in the experiment, or to improve efficiency in selecting the best genotypes.

There are several possible AMMI models characterized by a number of significant principal component axes ranging from zero (AMMI-0, i.e. additive model) to $\min(g-1, e-1)$, where g is the number of genotypes and e is the number of environments. The full model (AMMI-F), with the highest number of principal component axes, provides a perfect fit between expected and observed data. Models including one (AMMI-1) or two (AMMI-2) PC axes are usually the most appropriate where there is significant GEI. Due to their simplicity, they provide a notable reduction of dimensionality for the adaptation patterns relative to observed data (Annicchiarico, 2002).

6. OTHER TECHNIQUES

6.1. Multivariate analysis of variance

Multivariate analysis of variance (MANOVA) is an extension of ANOVA for several dependent variables. The main aims of MANOVA are identifying whether changes in the independent variables have a significant effect on the dependent variables, and the interactions among the independent variables and the association between dependent variables, if any.

MANOVA has been used to analyse GEI. Yang and Baker (1991) proposed two heuristic tests for the significance of the two causes of GEI. A comparison between MANOVA and REML — restricted maximum likelihood analysis — was presented by Yang (2002).

Application of MANOVA to the analysis of GEI can also be found in Shukla (1972), Calinski *et al.* (1979, 1987 a, 1987 b, 1989 a, 1989 b), Finnie *et al.* (2006), Aggoun *et al.* (2006), among others.

6.2. Additional information — environmental variables

Many times the environment part of GEI can be characterized with some additional variables (Wood, 1976) such as soil characteristics and climate (e.g. temperature, rainfall, radiation level, altitude). Usually the available data is composed of two-way data for yields to structure GEI and of data characterizing the environment (environmental variables), with the authors aiming to relate these two data sets to find relationships.

The most usual way to introduce environmental variables in the analysis of GEI is using linear regression and related techniques. The multilinear regression method can be used for predictive purpose when environmental data are used as independent variables (Knight, 1970).

Factorial regression analysis (FA) (van Eeuwijk *et al.*, 1996) was used by Signor *et al.* (2001) to model the interaction effect using additional genotypic and environmental information for grain yield of early maize, and by Campbell *et al.* (2004) to explain GEI and quantitative trait $\times$ environment interaction (QEI) on wheat. Crossa *et al.* (1999) found that temperature differences across environments accounted for a large portion of the GEI detected in tropical maize (*Zea mays* L.). Ceretta and van Eeuwlik (2008) used FA to model GEI directly in relation to measured environmental variables in malting barley cultivars.

Aastveit and Martens (1986) used the Partial Least Squares (PLS) regression (Wold, 1966; Wold, 1975) to relate year differences in straw length of 15 barley genotypes to climate variation over 9 years. A data set of rainfall, temperature, and global radiation at different stages throughout the growth season over years was related with the residual table of GEI after the factors' effects were removed by an ANOVA. Other applications of PLS regression can be found, for example, in Vargas *et al.* (1999, 2001); Reynolds *et al.* (2004); and Ortiz *et al.* (2007).

Vargas *et al.* (1999) compared results obtained from PLS and FR in two large multi-environment trials and showed that both methods identified similar environmental and genotypic covariates that explain a large proportion of the GEI. Ortiz *et al.* (2007) also presented a comparison between PLS and FR with application to tomato genotypes.

PCA, combined with multiple regression, may be useful for reducing the number of environmental variables to be included in the final analysis (Perkins, 1972; Crossa, 1990).

Reynolds *et al.* (2004) added environmental variables in an AMMI biplot. Yan and Hunt (2001) presented another approach for incorporating genetic and environmental covariates in multi-environment trials data analysis, in which the observed GGE (combination between genotypes and genotype $\times$ environment interaction) patterns were explained as interactions between genetic covariates and environmental covariates. This was achieved by relating the genetic–environmental covariates to the genotypic–environmental scores of the first two principal components derived from GGE biplot analysis (Yan and Tinker, 2005).

7. CONCLUDING REMARKS

A wide range of multivariate methods can be used to structure and analyze GEI on multilocation trial data. Although some of these have limitations on interpretation of the achieved results, they often yield suggestions into particular complex situations and they usually overcome the limitations of linear regression. Nowadays researchers combine different techniques to get better results (e.g. AMMI models joint together ANOVA and PCA).

In this paper we reviewed the most used multivariate techniques and we gave a selection with some references to be considered as a possible basis for further reader. If the reader finds out some important reference missing please let us know.

REFERENCES

- Aastveit A. H., Martens, H. 1986. ANOVA interactions interpreted by partial least squares regression. *Biometrics* 42: 829 — 844.
- Aastveit A. H., Mejza S. 1992. A selected bibliography on statistical methods for the analysis of genotype $\times$ environment interaction. *Biul. Oc. Odm.* 25: 83 — 97.
- Abdalla O. S., Crossa, J. P. L. 1997. Cornelius. Results and biological interpretation of shifted multiplicative model clustering of durum wheat cultivars and testing sites. *Crop Sci.* (37):88 — 97.
- Abou-El-Fittouh H. A., Rawlings J. O., Miller P. A. 1969. Classification of environments to control genotype by environment interactions with an application to cotton. *Crop Sci.* 9: 135 — 140.
- Adugna, W., Labuschagne M. T. 2003. Cluster and canonical variate analyses in multilocation trials of linseed. *J. Agric. Sci.* 140: 297 — 304.
- Aggoun A., Benmahammed K., Dekhili, M. 2006. Effects of environmental factors on kernel weight in five Algerian *durum* wheat populations (*Triticum durum* Desf.). *Cahiers Agriculture* 15: 425 — 431.
- Alberts M. J. A. 2004. A comparison of statistical methods to describe genotype $\times$ environment interaction and yield stability in multi-location maize trials. Master's thesis, University of Free State, South Africa.
- Annicchiarico P. 2002. Genotype $\times$ environment interactions — challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO. Plant Production and Protection Papers.
- Annicchiarico P. 1992. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. *Journal of Genetics and Breeding* 46: 269 — 278.
- Basford K., McLachlan G. J. 1985. The mixture method of clustering applied to three-way data. *J. Classif.*, (2): 109 — 125.
- Basford K. E., Kroonenberg P. M., DeLacy I.H. 1991. Three-way methods for multivariate genotype $\times$ environment data: an illustrated partial survey. *Field Crops Res.* 27: 131 — 157.

- Berger J. D., Robertson L. D., Cocks, P. S. 2002. Genotype $\times$ environment interaction for yield and other plant attributes among undomesticated Mediterranean *Vicia* species. *Euphytica* 126: 421 — 435.
- Bradu D., Gabriel K. R. 1978. The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables. *Technometrics* 20: 47 — 68.
- Bull J. K., Basford K. E., Cooper M., Delacy I. H. 1994. Enhanced interpretation of pattern analysis of environments — The use of blocks. *Field Crops Res.* 37: 25 — 32.
- Calinski T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1979. On some methods for studying the genotype $\times$ environment interaction. *Quaderni di Epidemiologia* 1: 11 — 30.
- Calinski 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. II. Example. *Biul. Oc. Odm.* 17–18: 35 — 71.
- Calinski 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. *Biul. Oc. Odm.* 17–18: 7 — 33.
- Calinski T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1989. A model for the analysis of a series of variety trials repeated at places subject to grouping. II. Example. *Biul. Oc. Odm.* 21–22: 45 — 64.
- Calinski T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1989. A model for the analysis of a series of variety trials repeated at places subject to grouping. I. Theory. *Biul. Oc. Odm.* 21–22: 27 — 44.
- Campbell B. T., Baenziger P. S., Eskridge K. M., Budak H., Streck N. A., Weiss A., Gill K. S., Erayman M. 2004. Using environmental covariates to explain genotype $\times$ environment and QTL $\times$ environment interactions for agronomic traits on chromosome 3A of wheat. *Crop Sci.* 44: 620 — 627.
- Cattell R. F. 1965. Factor analysis: An introduction to essentials. I. The purpose and underlying models. *Biometrics* 21: 190 — 215.
- Ceretta S., van Eeuwlik F. 2008. Grain yield variation in malting barley cultivars in Uruguay and its consequences for the design of a trials network. *Crop Sci.* 48: 167 — 180.
- Cliff N., Krus D. J. 1976. Interpretation of canonical variate analysis: Rotated vs. Unrotated solutions. *Psychometrika* 41: 35 — 42.
- Cooper M., Stucker R. E., DeLacy I. H., Harch B. D. 1997. Wheat breeding nurseries, target environments, and indirect selection for grain yield. *Crop Sci.* 37: 1168 — 1176.
- Cormack R. M. 1971. A review of classification. *Journal of the Royal Statistical Society A*, 134: 321 — 367.
- Cornelius P. L., Seyedsadr M., Crossa J. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. *Theor. Appl. Gen.* (84): 161 — 172.
- Cornelius P. L., Van Sanford D. A., Seyedsadr M. S. 1993. Clustering cultivars into groups without rank-change interactions. *Crop Sci.* (33): 1193 — 1200.
- Corsten L. C. A., Denis J. B. 1990. Structuring interaction in two-way tables by clustering. *Biometrics* 46: 207 — 215.
- Corsten L. C. A., van Eijnsbergen A. C. 1972. Multiplicative effects in two-way analysis of variance. *Statistica Neerlandica* 26: 61 — 68.
- Cox D. R. 1984. Interaction. *International Statistical Review* 52: 1 — 31.
- Crossa J. 1988. A comparison of results obtained with two methods for assessing yield stability. *Theor. Appl. Gen.* 75: 460 — 467.
- Crossa J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy* 44: 55 — 85.
- Crossa J., Cornelius P. L. 1997. Site regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trials site under heterogeneity of error variances. *Crop Sci.* (37): 406 — 415.
- Crossa J., Cornelius P. L., Seyedsadr M., Byrne P. 1993. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. *Theor. Appl. Gen.* (85): 577 — 586.
- Crossa J., Cornelius, P. L., Yan W. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype $\times$ environment interaction. *Crop Sci.* 42: 619 — 633.
- Crossa J., Gauch H. G., Zobel R. W. 1990. Addictive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* (6): 36 — 40.
- Crossa J., Vargas M., van Eeuwijk F. A., Jiang C., Edmeades G. O., Hoisington D. 1999. Interpreting genotype $\times$ environment interaction in tropical maize using linked molecular markers and environmental covariates. *Theor. Appl. Gen.* 99: 611 — 625.

- Crossa J., Westcott B., Gonzalez C. 1988. Analyzing yield stability of maize genotypes using a spatial model. *Theor. Appl. Gen.* 75: 863 — 868.
- de la Vega A. J., Chapman S. C. 2001. Genotype by environment interaction and indirect selection for yield in sunflower II. Three-mode principal component analysis of oil and biomass yield across environments in Argentina. *Field Crops Res.* 72: 39 — 50.
- de la Vega A. J., Chapman S. C. 2006. Multivariate analyses to display interactions between environment and general or specific combining ability in hybrid crops. *Crop Sci.* 46: 957 — 967.
- de la Vega, A. J., Kroonenberg, P. M. 2002. Investigating the physiological bases of predictable and unpredictable genotype by environment interactions using three-mode pattern analysis. *Field Crops Res.* 78: 165 — 183.
- Dehghani H., Ebadi A., Yousefi A. 2006. Biplot analysis of genotype by environment interaction for barley yield in Iran. *Agronomy J.* 98: 388 — 393.
- Denis, J. B., Vincour T. P. 1982. Panorama des méthodes statistiques d'analyse des interactions génotype $\times$ milieu. *Agronomie* 2: 219 — 230.
- Digby P. G. N. 1979. Modified joint regression analysis for incomplete variety $\times$ environment data. *J. Agric. Sci.* 93: 81 — 86.
- Everitt B. S., Landau S., Leese M. 2001. Cluster analysis. Oxford University Press Inc., New York, 2001.
- Finnie S. M., Bettge A. D., Morris C. F. 2006. Influence of cultivar and environment on water-soluble and water-insoluble arabinoxylans in soft wheat. *Cereal Chem.* 83: 617 — 623.
- Fisher R. A. 1936. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of Eugenics* 7: 179 — 188.
- Fisher R. A., Mackenzie W. A. 1971. Studies in crop variation. II. The manorial response of different potato varieties. *J. Agric. Sci.* 23: 311 — 320.
- Fox P. N., Rosielle A. A. 1982. Reference sets of genotypes and selection for yield in unpredictable environments. *Crop Sci.* 22: 1171 — 1175.
- Franco J., Crossa J. 2002. The modified location model for classifying genetic resources: I. Association between categorical and continuous variables. *Crop Sci.* (42): 1719 — 1726.
- Franco J., Crossa J., Taba S., Eberhart S. A. 2002. The modified location model for classifying genetic resources: II. unrestricted variance covariance matrices. *Crop Sci.* (42): 1727 — 1736.
- Franco J., Crossa J., Taba S., Shands H. 2003. A multivariate method for classifying cultivars and studying group $\times$ environment $\times$ trait interaction. *Crop Sci.* (43): 1249 — 1258.
- Franco J., Crossa J., Villasenor J., Taba S., Eberhart S. A. 1998. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Sci.* 38: 1688 — 1696.
- Franco J., Crossa J., Villasenor J., Taba S., Eberhart S. A. 1999. A two-stage, three-way method for classifying genetic resources in multiple environments. *Crop Sci.* (39): 259 — 267.
- Freeman G. H. 1972. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. *Heredity* 31: 339 — 254.
- Freeman G. H., Dowker B. D. 1973. The analysis of variation between and within genotypes and environments. *Heredity* 30: 97 — 109.
- Gabriel K. R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453 — 467.
- Gallacher D. J. 1997. Optimised descriptors recommended for Australian sugarcane germplasm (*Saccharum* spp. hybrid). *Australian J. Agric. Res.* 48: 775 — 779.
- Garbuglio D. D., Gerage A. C., de Araujo P. M., Fonseca N. D., Shioga P. S. 2007. Factor analysis and bissegmented regression for studies about environmental stratification and maize adaptability. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 42: 183 — 191.
- Gauch, H. G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705 — 715.
- Gauch H. G. 1992. Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier, Amsterdam.
- Gauch H. G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488 — 1500.
- Gauch H. G., Zobel R. W. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37: 311 — 326.

- Gollob H. F. 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33: 73 — 116.
- Gordon A. D. 1999. Classification. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton, FL.
- Gower J. C. 1999. Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika* 53: 325 — 338.
- Gower J. C. 1967. Multivariate analysis and multidimensional geometry. *The Statistician* 17: 13 — 28.
- Gower J. C., Digby P. G. N. 1981. Three dimensional biplots. *Biometrika* 77: 773 — 785.
- Gower J. C., Hand D. J. 1996. Biplots. Chapman and Hall, United Kingdom.
- Grafius J. E., Kiesling R. L. 1960. The prediction of the relative yields of different oat varieties based on known environmental variables. *Agron. J.* 52: 396 — 399.
- Gruneberg W. J., Manrique K., Zhang, D., Hermann M. 2005. Genotype $\times$ environment interactions for a diverse set of Sweetpotato Clones evaluated across varying ecogeographic conditions in Peru. *Crop Sci.* 45: 2160 — 2171.
- Hill J., Goodchild N. A. 1981. Analysing environments for plant breeding purposes as exemplified by multivariate analyses of long term wheat yields. *Theor. Appl. Gen.* 58: 317 — 325.
- Hotelling H. 1936. Relations between two sets of varieties. *Biometrika* 28: 321 — 337.
- Huhn M., Truberg B. 2002. Contributions to the analysis of genotype $\times$ environment interactions: Theoretical results of the application and comparison of clustering techniques for the stratification of field test sites. *Journal of Agronomy and Crop Sci.* 188: 65 — 72.
- Ibanez M. A., Di Renzo M. A., Samame S. S., Bonamico N. C., Poverne M. M. 2001. Genotype-Environment interaction of Lovegrass forage yield in the semi-arid region of Argentina. *The Journal of Agricultural Science* 137: 329 — 336.
- Isik, K., Kleinschmit J. 2005. Similarities and effectiveness of test environments in selecting and deploying desirable genotypes. *Theor. Appl. Gen.* 110: 311 — 322.
- Jackson, P. A., Byth D. E., Fischer K. S., Johnston R. P. 1994. Genotype $\times$ environment interaction in progeny from a barley cross. 2. Variation in grain-yield, yield components and dry-matter production among lines with similar times to anthesis. *Field Crops Res.* 37: 11 — 23.
- Johnson D. E., Graybill F. A. 1972. An analysis of a two-way model with interaction and no replication. *Statistica Neerlandica* 67: 862 — 868.
- Johnson G. R. 1977. Analysis of genotypic similarity in terms of mean yield and stability of environmental response in a set of maize hybrids. *Crop Sci.* 17: 837 — 842.
- Johnston J. A., Wesselingh R. A., Bouck A. C., Donovan L. A., Arnold M. L. 2001. Intimately linked or hardly speaking? The relationship between genotype and environmental gradients in a Louisiana iris hybrid population. *Molecular Ecology* 10: 673 — 681.
- Jolliffe I. T. 2002. Principal component analysis. Second ed. Springer Verlag, New York Inc.
- Kang M. S., Gauch, H. G. Jr. (ed.). 1996. Genotype-by-environment interaction. CRC Press, New York.
- Kang M. S. (ed.). 1990. Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Louisiana State University Agricultural Centre, Baton Rouge, Louisiana.
- Kempton R. A. 1984. The use of biplot in interpreting variety by environment interactions. *The Journal of Agricultural Science* 103: 123 — 135.
- Knigh R. 1970. The measurement and interpretation of genotype environment interactions. *Euphytica* 19: 225 — 235.
- Kroonenberg P. M. 1983. Three-mode Principal Component Analysis: Theory and Applications. DWO Press, Leiden, The Netherlands.
- Kroonenberg P. M., Basford K. E. 1989. An investigation of multi-attribute genotype response across environments using 3-mode principal component analysis. *Euphytica* 44:109 — 123.
- Laurentin H., Montilla, D., Garcia V. 2007. Interpreting genotype $\times$ environment interaction in sesame (*Sesamum indicum* L.). *The Journal of Agricultural Science* 145: 263 — 271.
- Lefkovich L. P. 1985. Multi-criteria clustering in genotype-environment interaction problems. *Theor. Appl. Gen.* 70: 585 — 589.
- Lejeune M., Calinski, T. 2000. Canonical analysis applied to multivariate analysis of variance. *Journal of Multivariate Analysis* 72: 100 — 119.

- Lin C. S. 1982. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. *Theor. Appl. Gen.* 62: 277 — 280.
- Lin C. S., Binns, M. R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 5: 894 — 900.
- Mandel J. 1969. A method for fitting empirical surfaces to physical or chemical data. *Technometrics* 3: 411 — 429.
- Mandel J. 1971. A new analysis of variance model for non-additive data. *Technometrics* 13: 1 — 18.
- Martinez M. C., Boursiquot J. M., Grenan S., Boidron R. 1997. Ampelometric study of adult leaves from somaclones of the Grenache — N grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Canadian Journal of Botany — Revue Canadienne de Botanique* 75: 333 — 345.
- Oliveira G. V., Carneiro P. C., Dias L. A., Carneiro J. E., Cruz, C. D. 2005. Factor analysis in the environment stratification for the evaluation of common bean cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 5: 166 — 173.
- Ortiz R., Crossa, J., Vargas, M., Izquierdo J. 2007. Studying the effect of environmental variables on the genotype x environment interaction of tomato. *Euphytica* 153: 119 — 134.
- Padi F. K. 2007. Genotype $\times$ environment interaction and yield stability in a cowpea-based cropping system. *Euphytica* 158: 11 — 25.
- Perkins J. M. 1972. The principal component analysis of genotype-environmental interactions and physical measures of the environment. *Heredity* 29: 51 — 70.
- Peterson C. J., Pfeiffer W. H. 1989. International winter wheat evaluation: Relationships among test sites based on cultivar performance. *Crop Sci.* 29: 276 — 282.
- Ramey T. B., Rosielle A. A. 1983. Hass cluster analysis: a new method of grouping genotypes or environments in plant breeding. *Theor. Appl. Gen.* 66: 131 — 133.
- Reynolds M. P., Trethowan R., Crossa J., Vargas, M., Sayre K. D. 2004. Physiological factors associated with genotype by environment interaction in wheat. *Field Crops Research* 85: 253 — 274.
- Robert N. 1997. Structuring genotype $\times$ environment interaction for quality traits in bread wheat, in two multi-location series of trials. *Euphytica* 97: 53 — 66.
- Romagosa I., Ullrich S. E., Han F., Hayes P. M. 1996. Use of the additive main effects and multiplicative interaction model in QTL mapping for adaptation in barley. *Theor. Appl. Gen.* 93: 30 — 37.
- Salehuzzaman M. Joarder, O. I. 1979. Genotype $\times$ environment interaction, diversity estimates and application of discriminated function selection in soybean. *Genet. Pol.* 20: 89 — 101.
- Sanchez-Dominguez S., Munoz-Orozco A., Gonzalez-Hernandez V. A., Martinez-Garza A. 2006. Characterization and classification of Mexican peanut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm. *Agrociencia* 40: 171 — 182.
- Santini A., Camussi A. 2000. The environmental effect on crown shape of common cypress clones in the Mediterranean countries. *Annals of Forest Science* 57: 277 — 286.
- Seif E., Evans J. C., Calaam L. N. 1979. A multivariate procedure for classifying environments according to their interaction with genotypes. *Australian Journal of Agricultural Research* 30: 1021 — 1026.
- Seiler G. P., Stafford R. E. 1985. Factor analysis of components of yield in guar. *Crop Sci.* 25: 905 — 908.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Signor C. E., Dousse S., Lorgeou J., Denis J. B., Bonhomme R., Carolo P., Charcosset C. 2001. Interpretation of genotype $\times$ environment interactions for early maize hybrids over 12 years. *Crop Sci.* 41: 663 — 669.
- Spearman C. 1904. General intelligence objectively determined and measured. *American Journal of Psychology* 15: 201 — 293.
- Tai G. C. C., Levy D., Coleman W. K. 1994. Path analysis of genotype-environment interactions of potatoes exposed to increasing warm-climate constraints. *Euphytica* 75: 49 — 61.
- Truberg B. Huhn M. 2002. Contributions to the analysis of genotype $\times$ environment interactions: Experimental results of the application and comparison of clustering techniques for the stratification of field test sites. *Journal of Agronomy and Crop Science* (188): 113 — 122.
- Van Eeuwijk F. A., Denis J. B., Kang M. S. 1996. Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. In: *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, Kang, F. L., Gauch, H. G. Jr. (ed.): 15 — 49.

- Van Eeuwijk F. A., Kroonenberg P. M. 1998. Multiplicative models for interaction in three-way ANOVA, with applications to plant breeding. *Biometrics* 54: 1315 — 1333.
- Varela M., Crossa J., Rane J., Joshi A. K., Trethowan R. 2006. Analysis of a three-way interaction including multi-attributes. *Australian Journal of Agricultural Research* 55: 1185 — 1193.
- Vargas M., Crossa J., Van Eeuwijk F. A., Ramirez, M. E., Sayre K. 1999. Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype $\times$ environment interaction. *Crop Sci.* 39: 955 — 967.
- Vargas M., Crossa J., Van Eeuwijk F. A., Sayre, K., Reynolds M. P. 2001. Interpreting treatment $\times$ environment interaction in agronomy trials. *Agron. J.* 93: 949 — 960.
- Walton P. D. 1972. Factor analysis of yield in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Crop Sci.* 12: 731 — 733.
- Ward J. H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J. Am. Statist. Assoc.* (58): 236 — 244.
- Westcott B. 1986. Some methods of analysing genotype-environment interactions. *Heredity* 56: 243 — 253.
- Westcott B. 1987. A method of assessing the yield stability of crop genotypes. *The Journal of Agricultural Science* 108: 267 — 274.
- Williams E. J. 1952. The interpretation of interactions in factorial experiments. *Biometrika* 39: 65 — 81.
- Williams W. T. 1976. *Pattern Analysis in Agriculture Science*. CSIRO, Melbourne and Elsevier, Amsterdam.
- Wold H. 1966. Estimation of principal components and related models by iterative least squares. In: *Multivariate analysis*. Krishnaiah P. R. (ed.). Academic Press, New York: 391 — 420.
- Wold H. 1975. Soft modelling by latent variables: The nonlinear iterative partial least squares approach. In: *Perspectives in probability and statistics: Papers in honour of Bartlett, M. S., Gani, J. (ed.)*. Academic Press, London: 117 — 142.
- Wood J. T. 1976. The use of environmental variables in the interpretation of genotype-environment interaction. *Heredity* 37: 1 — 7.
- Yan W. 1999. Methodology of cultivar evaluation based on yield trial data with special reference to winter wheat in Ontario. PhD thesis, University of Guelph, Guelph, ON, Canada.
- Yan W. 2001. GGE biplot - a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron. J.* 93: 1111 — 1118.
- Yan W., Cornelius P. L., Crossa J., Hunt L. A. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci.* 41: 656 — 663.
- Yan W., Falk D. E. 2002. Biplot analysis of host-by-pathogen data. *Plant Dis.* 86: 1396 — 1401.
- Yan W., Hunt L. A. 2001. Interpretation of genotype $\times$ environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41: 19 — 25.
- Yan W., Hunt L. A. 2002. Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci.* 42: 21 — 30.
- Yan W., Kang M. S. 2003. *GGEbiplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC Press, Boca Raton.
- Yan W., Rajcan I. 2002. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11 — 20.
- Yan W., Tinker N. A. 2005. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype $\times$ environment interaction. *Crop Sci.* 45: 1004 — 1016.
- Yang R.-C. 2002. Likelihood-based analysis of genotype $\times$ environment interactions. *Crop Sci.* 42: 1434 — 1440.
- Yang R.-C., Beker R. J. 1991. Genotype-environment interactions in two wheat crosses. *Crop Sci.* 31: 83 — 87.
- Yang R. C., Stanton D., Blade S. F., Helm J., Spaner D., Wright S., Domitruk D. 2006. Is yield analysis of barley cultivar trials in the Canadian prairies. *Journal of Agronomy and Crop Science* 192: 184 — 294.
- Yochmowitz M. G., Cornell R. G. 1978. Stepwise tests for multiplicative components of interaction. *Technometrics* 20: 79 — 84.
- Zobel R. W., Wright M. J., Gauch H. G. 1988. Statistical analysis of yield trial. *Agron. J.* 80: 388 — 393.

ACKNOWLEDGMENTS

The first author wishes to express his thanks to Fundação para a Ciência e Tecnologia (Portuguese foundation for science and technology), Grant Number SFRH/BD/35994/2007, for its financial support.

JERZY NAWRACAŁA
TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ
STANISŁAW DYBA

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Analiza uwarunkowań genetycznych cech struktury plonu u mieszańców pokolenia F_1 i F_2 otrzymanych z krzyżowań diallelicznych pszenicy ozimej

Analysis of genetic determination of yield components traits in F_1 and F_2 generations of winter wheat diallel crosses

Do krzyżowania diallelicznego (model II Griffinga) wybrano jedenaście zróżnicowanych pod względem cech agronomicznych i jakościowych odmian pszenicy ozimej. Dwa doświadczenia (bloki losowane, trzy powtórzenia): jedno z pokoleniem F_1 , drugie z pokoleniem F_2 (55 mieszańców i odmiany rodzicielskie w każdym) przeprowadzono w RGD w Dłoni w 2004 r. Oceniono odziedziczalność oraz komponenty genetyczne dla cech morfologicznych i cech komponentów plonu. Addytywne działanie genów stwierdzono w determinacji wszystkich badanych cech w pokoleniu F_1 i F_2 . Na wysokość roślin, liczbę kłosów w obydwu pokoleniach i na liczbę kłosków w kłosie oraz masę ziaren z kłosa w pokoleniu F_2 istotny wpływ miały efekty dominacji. Nieaddytywny komponent (H_1) był większy niż addytywny (D) dla liczby kłosów w obydwu pokoleniach. Pomiędzy pokoleniami stwierdzono różnice w odziedziczalności w szerokim sensie dla liczby ziaren z kłosa, a w wąskim sensie dla masy ziaren z kłosa. W ocenie addytywnego działania genów, nieaddytywnych efektów i dominacji, podobieństwo pomiędzy pokoleniami było większe niż podobieństwo w ocenie odziedziczalności w szerokim i wąskim sensie.

Słowa kluczowe: analiza dialleliczna, komponenty genetyczne, odziedziczalność, pszenica ozima

Eleven winter wheat varieties, differing in agronomic and quality traits, were chosen for diallel crosses (Griffing's model II). Two experiments: with F_1 and F_2 generations (55 hybrids and their parents for each) were carried out at the ARS in Dłoń in 2004. Both experiments were performed in randomised block design with three replications. Heritability and genetic components for morphological and yield components traits were calculated. The additive genes action was significant in determination of all examined traits in F_1 and F_2 generations. Dominance had a significant effect on plant height, number of spikes per plant in both generations, and on number of spikelets per spike and weight of grain per spike in F_2 generation. Nonadditive component (H_1) was higher than additive (D) for number of spikes in both generations. Differences were found between generations for heritability in broad sense for number of grains per spike, and for heritability in narrow sense for weight of grains per spike. Similarity

between generations F_1 and F_2 in evaluation of additive, nonadditive genetic components and dominance was higher than evaluation of heritability in broad and narrow sense.

Key words: diallel analysis, genetic components, heritability, winter wheat

WSTĘP

Efektywność selekcji w przypadku cech ilościowych zależy m.in. od dobrego rozpoznania ich uwarunkowań genetycznych. Przewaga addytywnego działania genów w kształtowaniu danej cechy umożliwia prowadzenie skuteczniejszej selekcji. Bardzo użyteczna jest też znajomość odziedziczalności. Podawane często współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie (Kadłubiec, 1993; Lonc i in., 1989) są mniej przydatne w praktyce hodowlanej. Dla prowadzenia selekcji ważniejsza jest znajomość odziedziczalności w wąskim sensie, ponieważ wariancja addytywna jest miarą podobieństwa pomiędzy rodzicami a potomstwem (Falconer, 1974) i pozwala przewidzieć reakcję na selekcję (Bos i Caligari, 1995). Ocena genetycznego uwarunkowania cech przeprowadzana jest zwykle na podstawie analizy mieszańców pokolenia F_1 lub F_2 otrzymanych w wyniku krzyżowania diallelicznego. W pokoleniu F_1 mamy do czynienia z efektem heterozji natomiast w pokoleniu F_2 heterozja często już zanika, a za to pojawia się zmienność wynikająca z losowej segregacji genów i rekombinacji. Powstaje więc pytanie czy wyniki analizy genetycznej krzyżowania diallelicznego zależą od ocenianego pokolenia. Szereg badań wskazuje, że takich różnic nie ma (Bujak, 2000; Joshi i in., 2004), ale są także doniesienia odmienne (Węgrzyn i in., 2000).

Celem pracy było ustalenie oraz porównanie uwarunkowań genetycznych cech struktury plonu w pokoleniu F_1 i F_2 krzyżówek diallelicznych pszenicy ozimej.

MATERIAŁ I METODY

W latach 2002 i 2003 przeprowadzono krzyżowanie dialleliczne (model II wg Griffinga, 1956) pomiędzy jedenastoma odmianami pszenicy ozimej: Alba, Almari, Begra, Korweta, Kris, Mewa, Mobela, Mikon, Pegasos, Roma, Zyta. Wybrane odmiany były zróżnicowane pod względem cech rolniczych oraz reprezentowały różne grupy wartości technologicznej ziarna (Kaczyński, 2002). W sezonie wegetacyjnym 2003/04 założono dwa doświadczenie polowe: z mieszańcami pokolenia F_1 oraz mieszańcami pokolenia F_2 (55 kombinacji krzyżówkowych i odmiany rodzicielskie w każdym doświadczeniu) w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Dłóń należącym do Akademii Rolniczej w Poznaniu. Przedplonem była soja. W pierwszym doświadczeniu na poletkach trzyrzędowych o długości 1m wysiano ziarniaki w rozstawie 20×5 cm. W drugim doświadczeniu poletka były pięciorzędowe przy tej samej rozstawie i długości poletek. Obydwa doświadczenia założono w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach. W czasie zbioru wybrano z każdego poletka losowo dziesięć roślin do analiz cech struktury plonu. Policzano liczbę źdźbeł i kłosów z rośliny, liczbę kłosków w kłosie, liczbę ziaren w kłosku, liczbę ziaren z kłosa oraz ustalono masę tysiąca ziaren (MTZ), masę ziaren z kłosa i masę ziaren z rośliny. Obliczenia wszystkich parametrów genetycznych i odziedziczalności

wykonano przy pomocy programu DGH2 opracowanego dla potrzeb doświadczeń genetyczno-hodowlanych (Kala i in., 1996). Program przeprowadza obliczenia według teoretycznych założeń analizy krzyżówek diallelicznych przedstawionych w publikacjach Dobek i wsp. (1983 a, 1983 b).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wielu autorów wykazało, że w kontrolowaniu ważnych cech struktury plonu pszenicy główną składową wariancji genetycznej jest wariancja addytywna (Singh i Rana, 1987; Singh, 1988; Pokhrel i in., 1993; Dere i Yildirim, 2006). Niektóre prace wskazywały także, ostatnio Hassain i wsp. (2008), na istotność efektów dominowania, kierunkowej dominacji i asymetrycznego rozłożenia genów w kształtowaniu liczby kłosków w kłosie, długości kłosa, liczby ziaren z kłosa, masy ziaren z kłosa i MTZ. W naszym doświadczeniu, stwierdzono istotność addytywnego działania genów w kształtowaniu wszystkich badanych cech (tab. 1).

Tabela 1

Ocena komponentów genetycznych cech struktury plonu w potomstwach F₁ i F₂ krzyżówek diallelicznych pszenicy ozimej
Evaluations of genetic components of yield components traits in F₁ and F₂ generations of winter wheat diallel crosses

Pokolenie Generation	Komponenty genetyczne Genetic components	Wysokość rośliny Plant height	Liczba kłosów Number of spikes per plant	Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike
F ₁	dominowanie dominance	X	XX	—	—	—	—
	addytywność additivity	XX	XX	XX	X	XX	XX
F ₂	dominowanie dominance	XX	X	X	—	—	X
	addytywność additivity	XX	XX	XX	XX	XX	XX
Parametry Mathera							
F ₁	D	34,69	0,04	0,94	15,32	70,36	0,078
	H1	20,24	0,48	0,62	0,42	42,62	0,024
	średni stopień dominacji average effect of dominance	0,76	6,12	0,81	0,51	0,77	0,55
F ₂	D	82,90	0,004	1,98	19,79	81,12	0,045
	H1	44,87	0,615	2,27	7,94	44,76	0,20
	średni stopień dominacji average effect of dominance	0,73	11,70	1,07	0,63	0,72	2,10

X — Ocena istotna na poziomie $\alpha = 0,05$; Evaluation significant at $\alpha = 0.05$

XX — Ocena istotna na poziomie $\alpha = 0,01$; Evaluation significant at $\alpha = 0.01$

Obserwowano dużą zgodność wyników otrzymanych na podstawie oceny pokolenia F_1 i F_2 . W obydwu pokoleniach podobny, istotny wpływ na wysokość roślin oraz liczbę kłosów z rośliny, miało dominujące działanie genów. Jedyną różnicą pomiędzy pokoleniami był udział dominującego działania genów w mieszańcach pokolenia F_2 w warunkowaniu liczby kłosów w kłosie i masy ziaren z kłosa (tab. 1). Obliczone parametry Mathera wskazywały na przewagę addytywnego działania genów w kształtowaniu większości cech — ocena parametru D (komponent addytywny) większa od oceny parametru H1 (komponent nieaddytywny) oraz średni stopień dominacji poniżej jedności (tab. 1). Węgrzyn i wsp. (2000) stwierdzili u pszenżyta jarego, że wariancja addytywna była większa od wariancji dominacji w pokoleniu F_1 dla wszystkich cech komponentów plonu, a w pokoleniu F_2 dla liczby ziaren z kłosa i MTZ. Przewagę komponentu nieaddytywnego (H1) stwierdzono w obydwu pokoleniach dla liczby kłosów z rośliny, a w pokoleniu F_2 także dla liczby kłosów w kłosie i masy ziaren z kłosa. Stwierdzana często przewaga nieaddytywnego działania genów w kształtowaniu liczby kłosów z rośliny, wynika prawdopodobnie z dużego wpływu środowiska na te cechy (Drozd, 1993; Węgrzyn i in., 1979). Wartość parametrów D i H1 była większa (z wyjątkiem liczby kłosów z rośliny i masy ziaren z kłosa) w pokoleniu F_2 . W pokoleniu F_2 zaznaczyła się przewaga komponentu nieaddytywnego szczególnie w przypadku liczby kłosów z rośliny oraz masy ziaren z kłosa (tab. 1). Na fakt uwarunkowania plonu ziarna pszenicy przez addytywne i nieaddytywne efekty genów wskazywało także wielu innych badaczy (Menon i dharma, 1995; Bhavasar i in., 1996; Sheikh i in., 2000; Joshi i in., 2004).

Odziedziczalność cech struktury plonu w naszym doświadczeniu przeprowadzonym w 2004 roku była niższa od odziedziczalności otrzymanej w poprzednich latach na podobnych populacjach mieszańcowych (Nawracała i in., 2004). Największą odziedziczalnością w szerokim sensie charakteryzowała się w naszym doświadczeniu MTZ (tab. 2). Podobną odziedziczalność dla MTZ stwierdzili Singh i wsp. (1987) otrzymując współczynniki odziedziczalności w zakresie 67,9–71,3%. Szerszy zakres współczynnika odziedziczalności dla MTZ (26–78%) obserwowali Lonc i wsp. (1983). Podobną odziedziczalnością jak MTZ charakteryzowała się wysokość roślin (tab. 2). Wyższą odziedziczalność dla wysokości roślin otrzymano w wielu doświadczeniach np. obliczona przez Borojevica (1990) odziedziczalność wysokości roślin dla pokolenia F_2 wynosiła — 0,85 a przez Kadłubca (1993) — 0,86. Natomiast dla liczby kłosów z rośliny odziedziczalność niższą niż w naszym doświadczeniu (tab. 2) otrzymał Jedyński (1987) (22,1%). Wyjątkowo niskie współczynniki odziedziczalności stwierdzono dla liczby kłosów w kłosie, dla której to cechy większość autorów podaje bardzo wysoką odziedziczalność (Goldringer i in., 1997). Jednak podobny, niski (31,9%) współczynnik odziedziczalności dla liczby kłosów w kłosie przedstawił Jedyński (1987). Niską odziedziczalnością charakteryzowała się także masa ziaren z kłosa. Wyższe współczynniki odziedziczalności dla masy ziaren z kłosa (88,4–91,0) otrzymali w pokoleniu F_2 Kumbhar i Larik (1989) oraz Lonc i wsp. (1989).

Odziedziczalność w szerokim sensie w pokoleniu F_1 i F_2 była dla większości cech podobna (tab. 2). Wyraźnie wyższą odziedziczalność w pokoleniu F_2 odnotowano dla wysokości roślin i liczby kłosów z rośliny, natomiast niższą dla MTZ (tab. 2).

W doświadczeniu przeprowadzonym przez Nawracałę i wsp. (2004) współczynniki odziedziczalności dla liczby źdźbeł i kłosów z rośliny były podobnie jak w naszym doświadczeniu wyższe w pokoleniu F₂ niż w pokoleniu F₁, jednak dla pozostałych cech struktury plonu odziedziczalność w szerokim sensie była niższa u mieszańców F₂.

Tabela 2

Odziedziczalność w szerokim i wąskim sensie cech struktury plonu w pokoleniu F₁ i F₂ krzyżówek diallelicznych pszenicy ozimej
Heritability in broad and narrow sense of yield components traits in F₁ and F₂ generations of winter wheat diallel crosses

Cecha Trait	Odziedziczalność w szerokim sensie Heritability in broad sense		Odziedziczalność w wąskim sensie Heritability in narrow sense	
	F ₁	F ₂	F ₁	F ₂
Wysokość rośliny Plant height	0,53	0,73	0,31	0,57
Liczba kłosów Number of spikes	0,48	0,61	0,17	0,12
Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	0,37	0,38	0,20	0,10
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	0,54	0,22	0,25	0,09
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	0,75	0,54	0,54	0,31
Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike	0,33	0,37	0,22	0,07

Odziedziczalność w wąskim sensie była o wiele niższa od odziedziczalności w szerokim sensie (tab. 2). Względnie największą odziedziczalnością w wąskim sensie charakteryzowały się te same cechy, które miały także największą odziedziczalność w szerokim sensie tj. wysokość roślin i MTZ. W pokoleniu F₁ odziedziczalność w wąskim sensie była wyższa (z wyjątkiem wysokości roślin) niż w pokoleniu F₂. Stosunkowo wysoka odziedziczalność dla wysokości roślin, była jednak niższa od podanej przez Gamila i Saheala (1983) — (0,92), którzy z kolei dla MTZ otrzymali niższą odziedziczalność w wąskim sensie (0,39) niż w naszym doświadczeniu. Bardzo niską odziedziczalność w wąskim sensie w obydwu pokoleniach stwierdzono dla kłosów z rośliny, czyli cechy w której kształtowaniu stwierdzono istotną dominację i przewagę nieaddytywnego komponentu (tab. 1). W pokoleniu F₂ w przypadku liczby ziaren w kłosie i masy ziaren z kłosa stwierdzono znikomą odziedziczalność. Odwrotnie, w wcześniejszych doświadczeniach Nawracała i wsp. (2004) otrzymali w pokoleniu F₂ dla tych cech wyższą odziedziczalność.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotny wpływ efektów addytywnego działania genów na kształtowanie się badanych cech struktury plonu.
2. Dominacja uwidoczniła się w przypadku wysokości roślin, liczby kłosów z rośliny, liczby kłosków w kłosie i masy ziaren z kłosa.

3. Ocenę komponentu nieaddytywnego wyższą od addytywnego stwierdzono w obydwu pokoleniach w przypadku liczby źdźbeł i kłosów z rośliny oraz w pokoleniu F_2 w wysokości roślin i masy ziaren z kłosa.
4. MTZ, wysokość rośliny i liczba ziaren w kłosku charakteryzowały się największą w obydwu pokoleniach odziedziczalnością w szerokim i w wąskim sensie. W badanej populacji najskuteczniejszą selekcję można prowadzić pod względem tych cech.
5. Największe różnice pomiędzy pokoleniami F_1 i F_2 , stwierdzono w odziedziczalności w szerokim sensie dla liczby ziaren w kłosie, a w odziedziczalności w wąskim sensie dla liczby ziaren w kłosie i masy ziaren z kłosa. Odziedziczalność w wąskim sensie była w pokoleniu F_2 niższa z wyjątkiem wysokości roślin.
6. Ocena komponentów genetycznych: addytywnego, nieaddytywnego oraz dominacji dokonana na podstawie pokolenia F_1 i F_2 była prawie całkowicie zgodna. Podobieństwo tej oceny było większe niż podobieństwo odziedziczalności w szerokim i wąskim sensie obliczonej na podstawie tych pokoleń.

LITERATURA

- Bhavasara V. V., Chavan V. W., Panvar B. B. 1996. Phenotypic stability for grain yield in bread wheat. *Ann. Agric. Res.* 17: 292 — 294.
- Borojevic S. 1990. Principles and methods of plant breeding. Elsevier, Amsterdam — Oxford — New York — Tokyo.
- Bos I., Caligari P. 1995. Selection methods in plant breeding. Chapman & Hall, London.
- Bujak H. 2000. Analiza dziedziczenia cech ilościowych żyta. *Biul. IHAR* 216:43 — 54.
- Dere S., Yildirim M. B. 2006. Inheritance of plant height, tiller number per plant, spike height and 1000-kernel weight in a 8x8 diallel cross population of bread wheat. *Cereal Res. Commun.* 34 (2–3): 965 — 972.
- Dobek A., Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiwicz T. 1983 a. Podstawy i teoretyczne analizy krzyżówek diallelicznych. Część I. Analiza wariancji pełnej tablicy diallelicznej wyników doświadczenia w blokach kompletnych. *Biul. IHAR* 151: 9 — 18.
- Dobek A., Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiwicz T. 1983 b. Podstawy i teoretyczne analizy krzyżówek diallelicznych. Część II. Analiza genetyczna pełnej tablicy diallelicznej wyników doświadczenia w blokach kompletnych. *Biul. IHAR* 151: 19 — 29.
- Drozd D. 1993. Określenie stosunku GCA:SCA u pszenicy jarej i jego interpretacja genetyczna. *Zeszyty Naukowe AR w Wrocławiu. Rolnictwo LVIII* Nr 223: 285 — 290.
- Falconer D. S. 1974. Dziedziczenie cech ilościowych. PWN, Warszawa.
- Gamil K. H., Al-Saheal Y. A. 1983. Estimation of genetic effects for agronomic traits in wheat. *Wheat Information Service* 57: 36 — 41.
- Goldringer I., Brabant P., Gallais A. 1997. Estimation of additive and epistatic genetic variance for agronomic traits in a population of doubled-haploid lines of wheat. *Heredity* 79:60 — 71.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci.* 9:463 — 493.
- Hussain, F., Sial, R.A., Ashraf, M. 2008. Genetic studies for yield and yield related traits in wheat under leaf rust attack. *International Journal of Agriculture and Biology* 10 (5): 531 — 535.
- Jedyński S. 1987. Zmienność i odziedziczalność cech użytkowych pszenicy ozimej. *Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu* Nr 165: 27 — 42.
- Jedyński S., Lenc W. 1983. Odziedziczalność i efekty genowe cech użytkowych mieszańców pszenicy ozimej. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* Z. 290: 193 — 200.
- Joshi S. K., Sharma S. N., Singhania D. L., Sain R. S. 2004. Combining ability in the F_1 and F_2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Hereditas* 141: 115 — 121.
- Kaczyński L. 2001. Pszenica ozima. Lista Opisowa Odmian 2001. COBORU: 19 — 36.

- Kadłubiec W. 1993. Zmienność i genetyczne różnicowanie cech użytkowych linii pszenicy ozimej w siewie punktowym i zwartym. Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej we Wrocławiu Nr 223: 273 — 278.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1996. DGH2 — system analiz statystycznych dla potrzeb Doświadczeń Genetyczno-Hodowlanych wersja 2.0.
- Kumbhar M. B., Larik A. S. 1989. Genetic analysis of some yield parameters in *Triticum aestivum* L. Wheat Information Service 68: 29 — 32.
- Lonc W., Malawko-Murawska Z., Strugała J. 1983. Odziedziczalność i postęp genetyczny cech ilościowych mieszańców F₂ pszenicy ozimej. Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych Z. 290: 159 — 166.
- Lonc W., Białowas S., Chema K., Krupa F. 1989. Zastosowanie taksonomii wrocławskiej do oceny wartości hodowlanej kilku odmian pszenicy ozimej. Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych Z. 382: 119 — 125.
- Menon U., Sharma S. N. 1995. Inheritance studies for yield and yield components traits in bread wheat over the environment. Wheat Information Servis 80: 1 — 5.
- Pokhrel P. R., Burden A. M., Dragautsev V. A. 1993. Harvest index and grain size in wheat. Indian J. Genet. 57: 361 — 365.
- Sheikh S., Singh I., Singh J. 2000. Inheritance of some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). Ann. Agric. Res. 21: 51 — 54.
- Singh K. N. 1988. Combining ability in wheat in normal and sodic soils. Indian J. Genet. 48:99 — 102.
- Singh K. N., Rana R. S. 1987. Influence of soil alkalinity and salinity on estimates of heterosis and gene effects governing some quantitative traits in bread wheat. Indian J. Genet. 47: 76 — 78.
- Singh I., Chowdhury R. K., Pawar I. S., Singh S. 1987. A comparative study of three selection procedures in bread wheat. Wheat Information Service 65: 16 — 18.
- Węgrzyn S., Góral H., Spiss L. 2000. Oszacowanie genetycznych wariancji cech plonowania pszenżyta jarego na podstawie mieszańców F₁ i F₂. Biul. IHAR 216: 137 — 144.

MARZENA IWAŃSKA¹**WIESŁAW MĄDRY**¹**TADEUSZ DRZAZGA**²**ANNA RAJFURA**¹¹Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki SGGW w Warszawie²Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc w Kobierzycach

Zastosowanie miar statystycznych do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie serii doświadczeń przedrejestrowych

Assessment of wide adaptation degree of winter wheat cultivars by some statistical measures using yield data from preregistration trials

W pracy przedstawiono wyniki badań teoretycznych i eksperymentalnych nad metodyką statystyczną oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian. Celem badań teoretycznych było przedstawienie koncepcji stopnia szerokiej adaptacji odmian oraz wyprowadzenie nowych miar statystycznych, a także opis miar standardowych, tj. miary Kanga i średniej genotypowej plonu. Natomiast, celem badań eksperymentalnych było zastosowanie i zbadanie przydatności tych miar, jako kryteriów do selekcji odmian o możliwie dużym stopniu szerokiej adaptacji. W pracy wykorzystano dane dla plonu ziarna z 3 serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą, przeprowadzonych w latach 1994, 2000 i 2006. Stwierdzono, że nowe miary, tj. wskaźnik niezawodności plonowania odmian $R_i(d=0)$ i średnia wartość funkcji niezawodności plonowania MR_i najbardziej adekwatnie, wśród badanych parametrów, oceniają stopień szerokiej adaptacji odmian. Miara porządkowa Kanga YS_i także dobrze odzwierciedla relatywny stopień szerokiej adaptacji odmian, ponieważ porządkuje ona wszystkie badane odmiany oraz te w grupach o najwyższych średnich plonu, podobnie, jak funkcja niezawodności plonowania MR_i i wskaźnik niezawodności plonowania $R_i(d=0)$. Średnia genotypowa plonu nie jest dobrą miarą do odzwierciedlenia stopnia szerokiej adaptacji odmian w grupie tych o najwyższych średnich plonu, ponieważ porządkuje ona obiekty niezgodnie, w stosunku do porządku według nowych miar, tj. wskaźnika $R_i(d=0)$ i średniej wartości funkcji niezawodności plonowania MR_i .

Słowa kluczowe: funkcja niezawodności plonowania odmiany, miara Kanga, YS_i , plon ziarna, pszenica ozima, stopień szerokiej adaptacji odmian, średnia genotypowa

The paper presents results of theoretical and experimental studies on statistical methodology of evaluation of wide adaptation degree of cultivars. The aim of the theoretical study was to present a conceptual framework of wide adaptation degree of cultivars and to develop some new statistical measures as well as describe standard statistical measures of wide adaptation degree including the order Kang's measure, YS_i , and genotypic mean yield. Additionally, the purpose of experimental study was

and assess usefulness of the measures as criteria for selecting cultivars showing relatively high degree of wide adaptation. The experimental study was performed using data for grain yield obtained in three pre-registration cultivar trials with winter wheat in the years 1994, 2000 and 2006. It was found that the new measures as yield reliability index, $R_i(0)$, mean value of yield reliability function, MR_i , evaluate most adequately, among the considered ones, degree of cultivars' wide adaptation. The order Kang's measure, YS_i , also well reflected wide adaptation degree of cultivars because it ordered them similarly to the measures $R_i(d = 0)$ and MR_i in a set of all studied cultivars and those highest yielding ones. Genotypic mean yield was worse measure of wide adaptation degree of those cultivars in the set of highest yielding ones because of ranking different from that for the measures $R_i(d = 0)$ and MR_i .

Key words: genotypic mean yield, grain yield, Kang's measure, YS_i , yield reliability function of cultivar, wide adaptation degree of cultivars, winter wheat, yield reliability function of cultivar

WSTĘP

W wielu krajach jest powszechnie przestrzegana doktryna, według której w praktyce rolniczej preferowane są odmiany ważnych (uprawianych powszechnie) roślin rolniczych o szerokiej adaptacji do zmiennych przestrzennie warunków środowiskowych w rozpatrywanym rejonie uprawy, który jest rozumiany jako populacja pól (miejscowości) w tym rejonie (Allard i Bradshaw, 1964; Annicchiarico, 2002; Lee i in., 2003). Takie odmiany plonują średnio względnie wysoko (w stosunku do innych cennych odmian) i stabilnie w tych zmiennych warunkach środowiskowych (wiernie plonują w rejonie uprawy). Są one nazywane odmianami o dużym stopniu szerokiej adaptacji do różnych warunków środowiskowych. Zatem, najczęściej przed hodowlą roślin stawia się zadanie wytwarzania odmian o dużym stopniu szerokiej adaptacji do danego rejonu uprawy.

Trafny wybór odmian o dużym stopniu szerokiej adaptacji w rejonie uprawy, spośród tych odmian, które są zgłoszone przez hodowców w danym roku do doświadczeń przedrejestrowych, wymaga wnikliwych i wszechstronnych badań ich plonowania w przestrzeni danego rejonu uprawy. Takie badania można podzielić na dwa podstawowe etapy.

Pierwszy etap polega na przeprowadzeniu jednorocznej, wielokrotnej serii doświadczeń przedrejestrowych, w miejscowościach, wybranych możliwie reprezentatywnie z rozpatrywanego rejonu uprawy (zwykle całego kraju), który jest najszerzej rozumianym rejonem uprawy danej rośliny rolniczej. W seriach doświadczeń przedrejestrowych obserwuje się rolniczy plon roślin badanego gatunku roślin np. pszenicy ozimej. W każdej miejscowości zakłada się doświadczenia polowe z dużą liczbą odmian w niekompletnym układzie blokowym, zwykle w 3 lub 4 powtórzeniach. U pszenicy ozimej obserwuje się plon ziarna oraz niektóre cechy rolnicze (wyleganie, porażenie chorobami, długość faz fenologicznych). Jednakże, inne cechy oprócz plonu są obserwowane nie systematycznie.

Natomiast, drugi etap tych badań, nazywany analizą szerokiej adaptacji odmian jest wykonywany za pomocą metod statystycznych na podstawie danych dla plonu z serii doświadczeń przedrejestrowych.

Opracowano wiele metod statystycznych, które z różną efektywnością pozwalają ocenić stopień szerokiej adaptacji odmian na podstawie danych dla plonu odmian w serii doświadczeń przedrejestrowych, rejestranych i porejestranych. Metody te są propono-

wane przez naukowców do możliwie trafnej selekcji takich obiektów hodowlanych, które wiernie plonują w przestrzeni uprawnej, czyli należą do grupy rozpatrywanych odmian o najwyższym, wśród badanych, stopniu szerokiej adaptacji.

Dotychczas, wspomniane metody statystyczne do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian nie znalazły powszechnego zastosowania w praktyce hodowlanej, zarówno w Polsce, jak i zagranicą. Na ogół, selekcja obiektów hodowlanych, dokonywana na podstawie wyników plonowania w serii doświadczeń jest oparta wyłącznie na średniej genotypowej plonu. Biometrycy i hodowcy na świecie i w Polsce, biorąc pod uwagę dotychczasowy dorobek metodyczny i empiryczny, uważają kryterium średniej genotypowej za wielce niewystarczające i ryzykowne przy wyborze odmian o relatywnie najwyższym stopniu szerokiej adaptacji. Badają oni przydatność i skuteczność różnych kryteriów selekcji odmian, łączących ich średnią genotypową plonu i miary stabilności plonowania, w rutynowych pracach selekcyjnych w programach hodowlanych. Z tych badań wyłania się generalny wniosek, że dostępne obecnie metody i kryteria mają zróżnicowaną skuteczność i przydatność do wyboru obiektów hodowlanych o dużym stopniu szerokiej adaptacji.

W niniejszej pracy przedstawiono wyniki badań teoretycznych i eksperymentalnych nad metodyką statystyczną, służącą do modelowania i analizy szerokiej adaptacji odmian roślin uprawnych. Celem badań teoretycznych jest przedstawienie podstaw oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian, obejmujących definicje najważniejszych pojęć oraz wyprowadzone z nich nowe miary statystyczne, a także opis miar standardowych (tradycyjnych). Natomiast, celem badań eksperymentalnych jest ilustracja zastosowania tych miar oraz ocena ich przydatności i skuteczności (określenie zgodności uporządkowania odmian pod względem standardowych i nowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian) na podstawie danych dla plonu ziarna rodów pszenicy ozimej w 15 seriach doświadczeń przedrejestrów, wykonanych w latach 1992–2007. Wyniki badań własnych przedstawiono w dwóch częściach, teoretycznej i eksperymentalnej.

CZĘŚĆ TEORETYCZNA

Definicja (oryginalna) stopnia szerokiej adaptacji odmiany (rodu)

W języku naukowym i w praktycznej hodowli roślin, pojęcia dotyczące analizy szerokiej adaptacji odmian są stosowane w dość ogólnym, intuicyjnym znaczeniu merytorycznym i metodycznym. Aby rozważania metodyczne nad analizą szerokiej adaptacji odmian były lepiej zrozumiałe i użyteczne praktycznie, wprowadzamy definicję pojęcia „stopnia szerokiej adaptacji odmiany”. Pojęcie to ujmuje i uściśla w postaci ilościowej dotychczasowe poglądy i znaczenie różnych terminów, używanych w literaturze naukowej i hodowlanej, odnoszącej się do oceny szerokiej adaptacji odmian (i rodów) roślin uprawnych.

Definicja 1

Stopniem szerokiej adaptacji danej (*i*-tej) odmiany nazywamy prawdopodobieństwo, $R_i(d)$, że jej plon jest wyższy o co najmniej wartość $d \geq 0$ od średnich plonu w środowiskach rejonu uprawy.

Prawdopodobieństwo $R_i(d)$, nazywane funkcją niezawodności plonowania dla i -tej odmiany, jest określone następująco:

$$R_i(d) = P\{(m_i - m) \geq d\}, \quad d \in \langle 0, d_{max} \rangle \quad (1)$$

gdzie: $P(\cdot)$ jest prawdopodobieństwem zdarzenia, m_i jest zmienną losową, określającą plon i -tej odmiany w populacji środowisk (miejscowości rejonu uprawy), m jest zmienną losową, określającą średni plon środowiskowy (z wszystkich badanych odmian) w tej populacji środowisk.

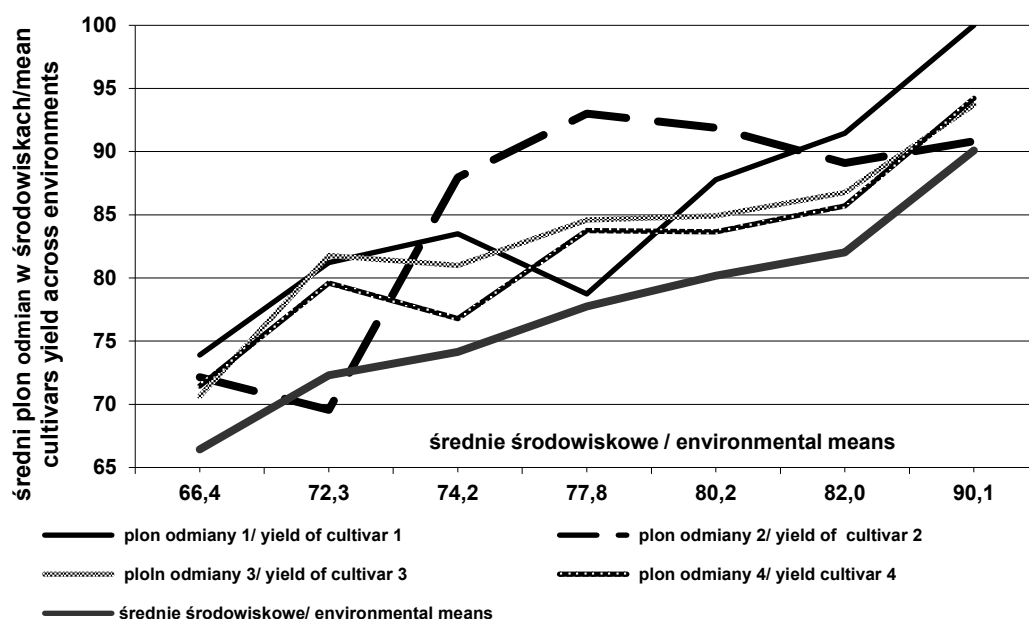
Prawdopodobieństwo $R_i(d)$ jest funkcją parametru d i nazywa się funkcją niezawodności przewagi plonu nad średnią środowiskową dla i -tej odmiany lub krótko, funkcją niezawodności plonowania dla odmiany (Eskridge i in., 1993). Praktyczne posługiwanie się funkcją niezawodności plonowania $R_i(d)$ wymaga jej określania (estymacji) dla różnych wartości d (zwykle kilku), pochodzących z przedziału liczbowego od 0 do d_{max} . Górna wartość d (d_{max}) powinna być wyznaczana, w taki sposób, aby była rozsądnie mniejsza od różnicy między największą średnią genotypową (odmianową) wśród badanych odmian, a średnią ogólną dla serii doświadczeń odmianowych. Prawdopodobieństwo $R_i(d)$ dla konkretnej wartości d nazywa się wskaźnikiem niezawodności przewagi plonu w ilości d nad średnią środowiskową dla i -tej odmiany lub krótko, wskaźnikiem niezawodności plonowania (Eskridge i Mumm, 1992).

Na rysunkach 1a, b, c zilustrowano sens funkcji niezawodności plonowania odmian. Na wszystkich rysunkach przedstawiono reakcję plonowania czterech odmian pszenicy ozimej wybranych z pewnej serii doświadczeń przedrejestrowych w siedmiu miejscowościach. Na osi OX przedstawiono miejscowości w postaci średnich środowiskowych dla plonu, zaś na osi OY przedstawiono plonowanie tych odmian. Każda linia łamana pokazuje plonowanie danej odmiany w miejscowościach (funkcję reakcji plonu na środowiska w miejscowościach). Czarna gruba linia łączy średnie środowiskowe dla plonu i nazywa się funkcją średniej reakcji badanych odmian. Istota sensu funkcji niezawodności plonowania danej odmiany polega na rozpatrywaniu prawdopodobieństwa przekraczania plonu tej odmiany ponad średnią środowiskową o różną wartość d , od 0 do d_{max} . W sytuacji doświadczalnej odpowiednikiem prawdopodobieństwa zdarzenia jest jego częstość. Zatem, na rysunkach 1 a, b, c będziemy rozpatrywać częstość przekraczania plonu każdej odmiany ponad średnią środowiskową o różną wartość d , od 0 do d_{max} . Na rysunku 1a zobrazowano częstość przekraczania plonu każdej z czterech odmian ponad średnią środowiskową, czyli oszacowane wartości $R_i(d = 0)$. Na tej podstawie można określić stopień szerokiej adaptacji tych odmian przy najniższych wymaganiach progowych dla wartości d . Widać, że trzy odmiany (o numerach 1, 2, 3) plonowały we wszystkich 7 miejscowościach powyżej średniej środowiskowej (czarnej grubej linii), czyli częstość przekraczania plonu każdej z odmian ponad średnią środowiskową wynosi 100%. Natomiast odmiana o numerze 4 plonowała w 6 na 7 miejscowości ponad średnią środowiskową, czyli częstość przekraczania jej plonu ponad średnią środowiskową wynosi 86,7%.

Na rysunkach 1b oraz 1c przedstawiono częstość przekraczania plonu każdej z odmian ponad średnią środowiskową o wartość odpowiednio równą $d_1 > 0$ i $d_2 > d_1$, czyli oszacowane wartości wskaźnika niezawodności $R_i(d)$ przy podwyższonych wymaganiach progowych dla

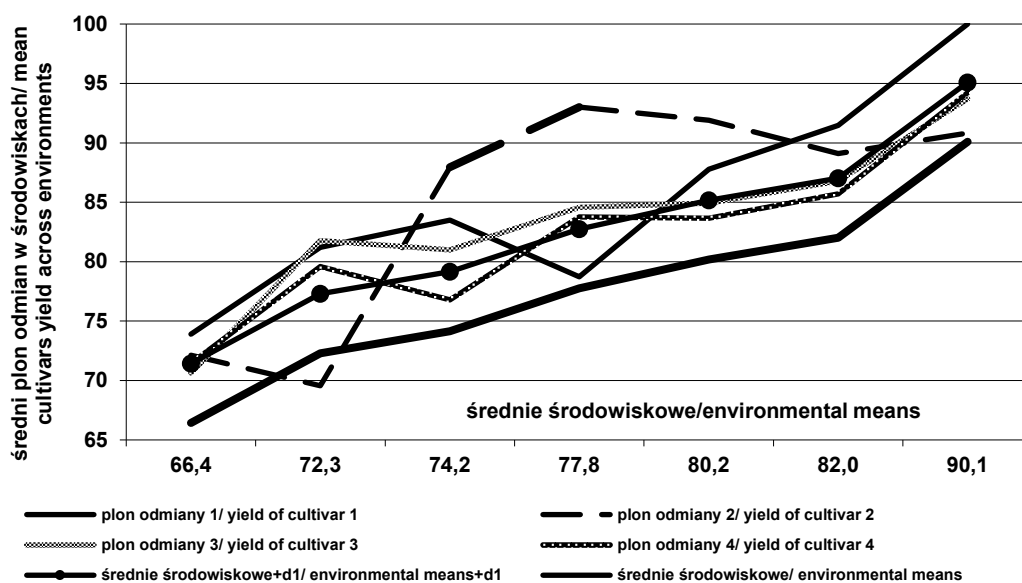
wartości d . Na podstawie wartości d_1 i d_2 określono linie z kropkami, pozwalającą na sprawne śledzenie przekraczania plonu odmian ponad średnią środowiskową o co najmniej d_1 i d_2 .

Zatem, częstość przekraczania plonu tych czterech odmian ponad średnią środowiskową o d_1 jest u tych odmian różna oraz niższa, w porównaniu do sytuacji przy $d = 0$ (rys. 1 b). Odmiana o numerze 1 najczęściej (86,7%) przewyższała plonem średnią środowiskową o co najmniej d_1 , znacznie rzadziej wspomniana przewaga cechowała odmianę 4, 2 oraz 3. Na rysunku 1 c pokazano częstość przekraczania plonu każdej z czterech odmian ponad średnią środowiskową przy jeszcze wyższej wartości progowej $d = d_2$. Widać, że tylko plon odmiany 4 przekroczył średnią środowiskową o d_2 w 3 miejscowościach, czyli częstość przekraczania plonu tej odmiany ponad średnią środowiskową przy zwiększonej przewadze plonowania o d_2 , była większa od zera (równa 42,8%).



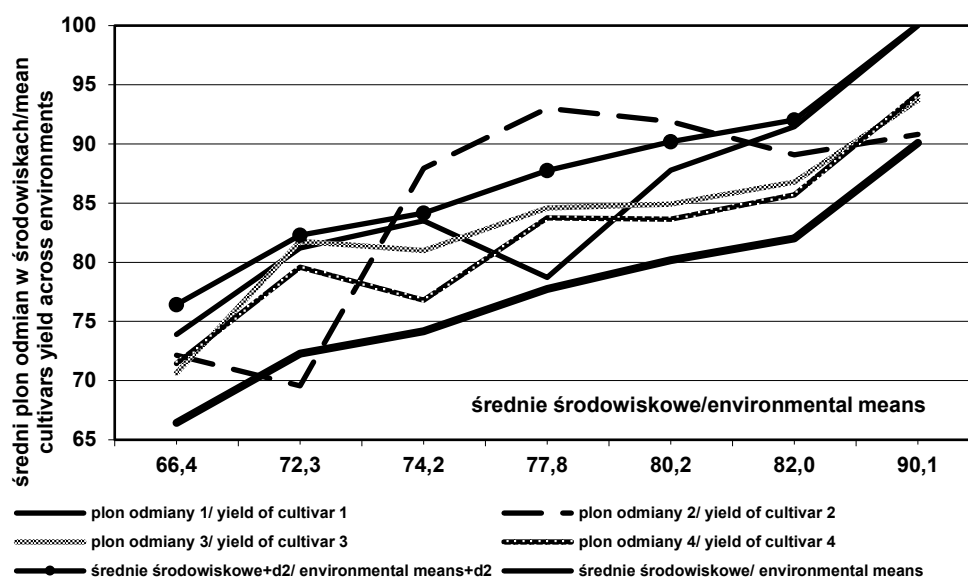
Rys. 1 A. Ilustracja prawdopodobieństwa (częstości) przekraczania plonu odmian ponad średnią środowiskową ($R_i(d = 0)$)

Fig. 1 A. Illustration of probability (frequency) of cultivar yields exceeding above environmental means ($R_i(d = 0)$)



Rys. 1 B. Ilustracja prawdopodobieństwa (częstości) przekraczania plonu odmian ponad średnią środowiskową o d_1 ($R_i(d = d_1)$)

Fig. 1 B. Illustration of probability (frequency) of cultivar yields exceeding d_1 above environmental means ($R_i(d = d_1)$)

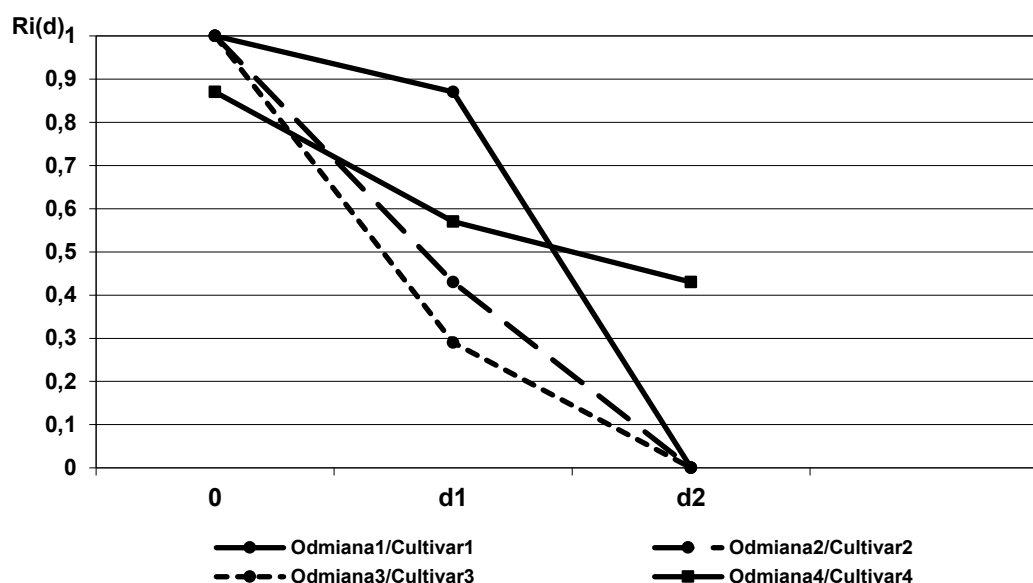


Rys. 1C Ilustracja prawdopodobieństwa (częstości) przekraczania plonu odmian ponad średnią środowiskową o d_2 ($R_i(d = d_2)$)

Fig. 1C. Illustration of probability (frequency) of cultivar yields exceeding d_2 above environmental means ($R_i(d = d_2)$)

Na podstawie ocen wskaźnika niezawodności plonowania odmian przy różnych wartościach d (częstości przewagi o wartość d plonu każdej odmiany ponad średnią środowiskową), można określić empiryczną funkcję niezawodności plonowania (Eskridge i in., 1993). Dla określenia stopnia szerokiej adaptacji odmiany ważna jest zarówno wartość wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$, jak i tempo spadku jej empirycznej funkcji niezawodności, w miarę zwiększania wartości d .

Im mniejsze jest tempo spadku funkcji niezawodności plonowania odmiany, tym większy jest stopień szerokiej adaptacji tej odmiany, jeśli odznacza się ona podobną wartością wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$. Tę interpretację możemy wykorzystać do oceny adaptacji odmian 1, 2 i 3, ponieważ każda z nich odznacza się tą samą wartością $R_i(0) = 1$, zaś mają one w kolejności od 1 do 3, rosnące spadki funkcji niezawodności plonowania (rys. 2).



Rys. 2. Ilustracja oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian na podstawie wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$ i tempa spadku empirycznej funkcji niezawodności $R_i(d)$

Fig. 2. Illustration of evaluating wide adaptation degree of cultivars on the basis of yield reliability index value, $R_i(0)$, and the decrease rate of empirical reliability function, $R_i(d)$,

Zatem, w grupie odmian 1–3, odmiana 1 odznacza się największym stopniem szerokiej adaptacji, zaś odmiany 2 i 3 wykazują coraz mniejszy stopień szerokiej adaptacji.

Natomiast, jeśli porównywane odmiany odznaczają się zarówno różnym tempem spadku funkcji niezawodności plonowania, jak i różnymi wartościami wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$, wówczas ocena porównawcza (ranking) stopnia szerokiej adaptacji takich odmian staje się znacznie trudniejsza. W takich przypadkach przy określaniu stopnia szerokiej adaptacji odmian należy brać pod uwagę jednocześnie obydwa wspomniane kryteria i ich kompensujące zachowanie. Takie podejście przedstawimy dla

wszystkich rozważanych odmian (rys. 2). Na podstawie przebiegu funkcji niezawodności odmian 1 i 4 można uznać, że te odmiany mają podobny stopień szerokiej adaptacji. Z analizy przebiegu tej funkcji niezawodności porównanych odmian 1 i 4 wynika, że te odmiany odznaczają się różnymi wartościami wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$, (tj. odmiana 1 ma wyższą wartość wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$, czyli $R_i(0) = 1$, a odmiana 4 ma niższą wartość $R_i(0) = 0,86$) oraz różnymi tempami spadku funkcji niezawodności plonowania $R_i(d)$, (tj. odmiana 1 posiada rosnące tempo spadku funkcji niezawodności $R_i(d)$, w miarę zwiększających się wartości d , czyli $R_i(d = d_1) = 0,86$ i $R_i(d = d_2) = 0$, a odmiana 4 malejące tempo spadku funkcji niezawodności $R_i(d)$, w miarę zwiększających się wartości d , czyli $R_i(d = d_1) = 0,57$ i $R_i(d = d_2) = 0,43$) (rys. 2). Zatem, o ich ocenie podobnego stopnia szerokiej adaptacji odmian decydują powyższe dwa kryteria stopnia szerokiej adaptacji mimo, że te kryteria różnią się dla każdej z dwóch rozpatrywanych odmian, to jednak, odmiany 1 i 4 kompensują zachowaniem w stosunku do siebie. Na tej podstawie stwierdza się, że odmiany 1 i 4 mają podobny stopień szerokiej adaptacji oraz odmiany te wykazują największy stopień szerokiej adaptacji.

Natomiast, z przebiegu funkcji niezawodności plonowania odmiany 2, stwierdzono, że ma mniejszy stopień szerokiej adaptacji w stosunku do odmian 1 i 4. Odmiana 2 w stosunku do odmian 1 i 4 nie kompensuje zachowaniem zarówno pod względem wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$, ponieważ wykazuje taką samą wartość $R_i(0)=1$ jak odmiana 1, a w stosunku do odmiany 4 ma wyższą wartość $R_i(0)$, tj. odmiana 4 ma $R_i(0) = 0,86$, jak i pod względem tempa spadku funkcji niezawodności plonowania, ponieważ odmiana 2 odznacza się szybszym tempem spadku, w miarę zwiększających się wartości d , czyli posiada $R_i(d = d_1) = 0,43$ $R_i(d = d_2) = 0$. Dlatego też, odmiana 2 w stosunku do odmian 1 i 4 wykazuje mniejszy stopień szerokiej adaptacji.

Natomiast, najmniejszym stopniem szerokiej adaptacji odznacza się odmiana 3 w stosunku do odmian 1 i 2. Stwierdzono, że odmiana 3 w stosunku do odmian 1 i 2 odznacza się taką samą wartością funkcji niezawodności $R_i(0) = 1$ jak odmiany 1 i 2 oraz rosnącym (najszybszym) tempem spadku funkcji niezawodności, przy zwiększających wartościach d , tj. $R_i(d = d_1) = 0,29$ $R_i(d = d_2) = 0$ i na podstawie tych dwóch powyższych kryteriów stwierdzono brak kompensacji zachowania odmiany 3 w porównaniu do odmian 1 i 2 oraz najszybsze tempo spadku, a więc odmiana 3 odznacza się najmniejszym stopniem szerokiej adaptacji.

Wyprowadzenie z podanej definicji prostych miar stopnia szerokiej adaptacji

Zgodnie z definicją 1, stopień szerokiej adaptacji danej odmiany wyrażony jest poprzez jego funkcję niezawodności plonowania $R_i(d)$, która może być opisana poprzez wartość wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)$ oraz tempo spadku, w miarę zwiększania wartości d . Zatem, pojawia się problem sposobu wykorzystania funkcji niezawodności plonowania $R_i(d)$ do porządkowania odmian pod względem stopnia szerokiej adaptacji.

Wobec powyższego, zrozumiąla charakterystyka liczbowa stopnia szerokiej adaptacji odmiany, zgodnie z definicją 1, może być wyrażona za pomocą jednowymiarowych (jedenliczbowych) miar stopnia szerokiej adaptacji odmiany opartych na podstawie funkcji niezawodności plonowania $R_i(d)$. Sformułowano dwie jednowymiarowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmiany:

- 1. Wskaźnik niezawodności plonowania odmiany $R_i(d)$ dla $d = 0$, czyli $R_i(0)$
 - definicja 1 jego oszacowaniem, $\hat{R}_i(d = 0)$, jest iloraz liczby miejscowości (l_i), w których plon odmiany przekroczył średni plon środowiskowy oraz liczby badanych miejscowości (I), czyli:

$$\hat{R}_i(d = 0) = \frac{l_i}{I} \quad (2)$$

- 2. Średnia wartość funkcji niezawodności plonowania, MR_i , w zbiorze wartości $d \in (0, d_{max})$. Miara MR_i jest oparta na kompromisowym uwzględnieniu dwóch wymienionych kryteriów, tj. wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d = 0)$ oraz tempie spadku wartości funkcji niezawodności plonowania $R_i(d)$, wraz ze zwiększaniem przewagi plonowania d . Miara MR_i jest uznawana za najlepszą miarę stopnia szerokiej adaptacji, dlatego że najlepiej odzwierciedla definicję 1 oraz stanowi syntezę wskaźnika niezawodności plonowania przy $R_i(d = 0)$, jak i $R_i(d)$ przy zwiększającym się d . Oszacowaniem tej miary, $M\hat{R}_i$, jest średnia arytmetyczna wskaźników niezawodności plonowania $\hat{R}_i(d = 0)$ dla przyjętych wartości d w zbiorze $d \in (0, d_{max})$.

Standardowe miary stopnia szerokiej adaptacji odmian

W pracy przedstawiamy opis stosunkowo prostych metod (miar) statystycznych nazywanych miarami standardowymi (tradycyjnymi), służącymi do oceny odmian pod kątem stopnia szerokiej adaptacji. Miary standardowe nie przedstawiają liczbowo stopnia szerokiej adaptacji odmiany tj. miary wyprowadzone z definicji 1, jedynie porządkują odmiany wg stopnia szerokiej adaptacji. Zatem, określamy ich miarami stopnia szerokiej adaptacji. Do nich należą:

- 1. średnia genotypowa dla plonu (średnia poprzez miejscowości),
- 2. miara Kanga YS_i (ang. yield-stability measure) jest kryterium łączącym średnią genotypową i stabilność plonowania (Kang, 1993; Rajfura i Mądry, 2001; Mądry, 2002). Ponadto miara Kanga YS_i posiada następujące własności:
 - jeżeli wartość średniej genotypowej poprzez badane środowiska, $\bar{y}_i$, rośnie, to jednocześnie YS_i wzrasta,
 - jeżeli wariancja stabilności $\sigma_{(i)}^2$ maleje, to miara Kanga YS_i wzrasta (Kang, 1993).

Im większa wartość miary Kanga, YS_i , tym odmiana częściej relatywnie wysoko plonuje w różnych środowiskach. Odmiany o największych wartościach miary Kanga uznaje się jako te, które wykazują największy stopień szerokiej adaptacji w rejonie uprawy (Kang, 1993, 1998; Magari i Kang, 1993; Mądry, 2002).

CZĘŚĆ EKSPERYMENTALNA

MATERIAŁ I METODY

Materiał doświadczalny

W badaniach wzięto pod uwagę 15 serii doświadczeń przedrejestrowych z rodami pszenicy ozimej, pochodzącymi z różnych ośrodków hodowlanych w Polsce. Doświad-

czenia te przeprowadzono w latach 1992–2007, których koordynatorem jest Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie. Natomiast w pracy przedstawiono charakterystykę 3 wybranych z 15 serii doświadczeń przedrejestrów, dotyczy ona lat 1994, 2000 i 2006 (tab. 1). Liczba odmian w tych trzech badanych seriach była różna, od 56 do 68. Rozpatrywane odmiany stanowią próbę reprezentatywną z populacji hodowlanej (puli genowej) pszenicy ozimej, z której wyprowadzane są polskie odmiany tego gatunku. Liczba miejscowości w latach zmieniała się od 14 do 7, były one wybierane spośród 15 miejscowości, reprezentujących przestrzeń rolniczą Polski. Liczba powtórzeń 4, a w 2006 została ona zredukowana do 3. W poszczególnych latach stosowano różne odmiany wzorcowe jak: Emika, Almari, Kobra, Elena, Tonacja.

Tabela 1

Charakterystyka serii doświadczeń przedrejestrów z lat 1994, 2000 i 2006
Characteristic of the pre-registration cultivar trials in the years 1994, 2000 and 2006

Wyszczególnienie Specification	1994	2000	2006
Liczba odmian No. of cultivars	58	68	56
Liczba miejscowości No. of locations	14	7	7
Odmiany wzorcowe Check varieties	Emika , Almari	Kobra , Elena	Kobra, Tonacja
Liczba powtórzeń No. of replicates	4	4	3

Pojedyncze doświadczenia jednoczynnikowe były zakładane w układzie bloków niekompletnych w 3 lub 4 powtórzeniach, zależnie od lat badań. Na podstawie zebranych danych dla plonu wykonano analizy wariancji w układzie blokowym w każdej miejscowości. W ten sposób obliczono średnie z powtórzeń dla odmian w doświadczeniach lokalnych (średnie poprawione dla odmian w układach blokowych) oraz średnie kwadraty odchyleń dla błędu doświadczalnego w każdej miejscowości. Przy estymacji średnich poprawionych dla plonu odmian za pomocą metody najmniejszych kwadratów przyjęto restrykcje ważne na efekty odmianowe, aby były one jednoznacznie estymowalne.

Analiza statystyczna

Rozpatrywane metody zastosowano dla średnich plonu ziarna z n powtórzeń (średnich genotypowych, poprawionych w układach blokowych), w każdej miejscowości. Średnie te uporządkowano w klasyfikacji dwukierunkowej krzyżowej o postaci odmiany $\times$ środowiska (miejscowości) z jedną obserwacją w podklasie. Rozważana została seria doświadczeń z i -tymi odmianami w j -tych miejscowościach. Środowiskami były wybrane miejscowości, które stanowią próbę reprezentującą populację pól uprawnych, składających się na rozpatrywany rejon uprawy.

Do statystycznej analizy szerokiej adaptacji odmian z wykorzystaniem tych danych zastosowano model mieszany analizy wariancji, wprowadzony przez Shuklę (Shukla, 1972):

$$\bar{y}_{ij} = m + g_i + e_j + ge_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (3)$$

gdzie: $\bar{y}_i$, jest średnią obserwacji plonu z n powtórzeń dla i -tej odmiany ($i = 1, 2, \dots, J$) w j tym środowisku ($j = 1, 2, \dots, J$), m średnią ogólną, g_i jest stałym efektem głównym i -tej odmiany, e_j jest losowym efektem głównym j -tego środowiska, ge_{ij} jest losowym efektem interakcji i -tej odmiany z j -tym środowiskiem, $\bar{\varepsilon}_{ij}$ jest średnim błędem doświadczalnym dla (i,j) -tej kombinacji odmiany i środowiska.

W dalszych rozważaniach będziemy wykorzystywali średnie plonu i -tych odmian poprzez miejscowości rejonu uprawy, oznaczone za pomocą symbolu m_i i nazywane średnimi genotypowymi. Te średnie genotypowe są określone następująco: $m_i = m + g_i$.

Na podstawie modelu (3) określamy miary stopnia szerokiej adaptacji rodów, tj. średnią genotypową dla plonu (poprzez miejscowości rejonu uprawy), m_i , miarę Kanga, YS_i , wskaźnik niezawodności plonowania odmiany $R_i(0)$, średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, MR_i .

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabelach 2, 3 i 4 podano wyniki ocen rozważanych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian dla trzech serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą, wykonanych w latach 1994, 2000 i 2006.

Z racji na dużą liczbę odmian w każdej z trzech rozpatrywanych serii doświadczeń i ograniczoną objętość pracy, we wszystkich tabelach opierano się tylko na wynikach ocen dla 11 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu oraz na podstawie dwóch odmian wzorcowych. Praca ma charakter metodyczny, nie zawiera, więc pełnych wyników badań.

Do oceny stopnia szerokiej adaptacji wszystkich porównywanych odmian zastosowano następujące miary standardowe, czyli średnią genotypową dla plonu oraz ranking wg średniej genotypowej. Średnia genotypowa pokazuje tylko stopień porządkowania odmian pod kątem ich stopnia szerokiej adaptacji. W tabelach 2, 3 i 4 odmiany przedstawiono w malejącym porządku wartości średnich genotypowych dla plonu ziarna, tj. na pierwszych pozycjach znalazły się odmiany średnio najwyżej plonujące poprzez miejscowości tzn. im niższa jest wartość średniej genotypowej dla odmiany, tym jej numer porządkowy pod względem tego parametru jest coraz wyższy, wskazując malejący stopień szerokiej adaptacji.

Następną miarą standardową wykorzystaną do oceny stopnia szerokiej adaptacji jest miara Kanga YS_i , jak i ranking wg miary Kanga. O ocenie stopnia adaptacji wnioskujemy na podstawie liczb porządkowych (rang) odmian według wartości YS_i . Zatem, im wyższa jest wartość miary YS_i dla odmiany, tym jego numer porządkowy pod względem tego parametru jest coraz niższy, wskazując rosnący stopień szerokiej adaptacji. Jednocześnie, odmiany o rosnących numerach porządkowych względem miary YS_i , posiadają malejący stopień szerokiej adaptacji.

We wszystkich tabelach została policzona i umieszczona dla potrzeb miary Kanga, wariancja stabilności. Parametr ten umożliwia zarówno zidentyfikowanie odmian o nieistotnej wariancji efektów interakcji GE, czyli tych stabilnie plonujących w różnych środowiskach (miejscowościach) jak i odmian o istotnej wariancji efektów interakcji GE, czyli tych niestabilnie plonujących w różnych środowiskach.

Natomiast, oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian dokonano także na podstawie trzech serii doświadczeń za pomocą miar nowych, wyprowadzonych z definicji 1, czyli wskaźnika niezawodności plonowania odmiany $R_i(0)$ i średniej wartości funkcji niezawodności plonowania, MR_i . Miary wyprowadzone z definicji 1, w porównaniu do miar standardowych przedstawiają liczbowo stopień szerokiej adaptacji odmian. W związku z tym, policzono wskaźnik niezawodności plonowania $R_i(d)$, dla $d = 0$, czyli $R_i(0)$, jak i dla $R_i(d)$ przy różnych wartości przewagi wszystkich, tj. $d_1 = 0,25(m_{\max} - m)$; $d_2 = 0,5(m_{\max} - m)$ i $d_3 = 0,75(m_{\max} - m)$; gdzie $(m_{\max} - m)$ jest różnicą między maksymalną średnią genotypową, $m_{\max}$, wśród badanych odmian, a średnią ogólną, m , dla danej serii doświadczeń odmianowych. Im wartość wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$ jest bliższa (równa) jeden, tym plonowanie danej odmiany odznacza się rosnącym (największym) stopniem szerokiej adaptacji przy różnych wartościach przewagi d . Także, policzono średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, MR_i . Im wartość średniej MR_i jest bliska (równa) jeden, tym odmiany wykazują rosnący (największy) stopień szerokiej adaptacji.

Na podstawie wyników znajdujących się w tabelach 2, 3, i 4 z tych trzech serii doświadczeń określono zgodność uporządkowania odmian pod względem standardowych i nowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian (mającą określić skuteczność i przydatność tych miar do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian).

Natomiast, w tabeli 2 z serii doświadczeń przedrejestrowych w roku 1994, stwierdzono, że spośród 11 badanych odmian o najwyższym potencjale plonowania, 10 z nich znalazło się wśród tych, które są na pierwszych 11 pozycjach pod względem miary Kanga, to jednak rangi wspomnianych 10 odmian o najwyższych wartościach miary Kanga były przedstawione w stosunku do rang według ich średniego plonu. Powodem tego było podniesienie miejsc odmian według wartości miary Kanga w stosunku do ich miejsc według średniego plonu, jeśli tylko miały one wyższy stopień stabilności plonowania, niż inne odmiany na wyższych pozycjach dla średniego plonu. I tak właśnie, odmiana SMH_3340, która jest na pierwszym miejscu według średniego plonu, utrzymała się na trzecim miejscu według miary Kanga, ponieważ niestabilnie plonowała (istotna wariancja efektów interakcji GE). Natomiast, odmiana SMH_3539 z piątej pozycji według średniego plonu, znalazł się na pierwszym miejscu według miary Kanga, ponieważ stabilnie plonowała. Na drugim miejscu według miary Kanga znalazła się odmiana AND_387/89, która była czwarta pod względem średniego plonu, dlatego, że stabilnie plonowała, zaś odmiany na miejscach 6–11 według średniego plonu były niestabilne (istotna wariancja efektów interakcji GE). Na miejscu 9 według miary Kanga znalazła się odmiana SOD_301/89, a na 10 pozycji AND_298/89, jednocześnie były na dziewiątym i dziesiątym miejscu pod względem średniego plonu (podobne pozycje pod względem obu kryteriów selekcji odmian warto skojarzyć z istotną wariancją efektów interakcji GE, czyli niestabilnością plonowania).

Zatem, na podstawie serii doświadczeń wykonanej w roku 1994 (tab. 2), wykazano, że kolejność 11 pierwszych odmian pod względem średnich genotypowych dla plonu nie jest taka sama, ani też bardzo podobna do tej kolejności pod względem miary Kanga.

Tabela 2

Ocena średniej genotypowej plonu, wariancji stabilności, miary Kanga oraz miar $R_i(d=0)$ i MR_i dla serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą, wykonanej w roku 1994
 Estimates of genotypic mean yield, stability variance, Kang's measure, $R_i(d=0)$ and MR_i measures for the pre-registration cultivar trials with winter wheat in 1994

Odmiana Cultivar	Średnia genotypowa Genotypic mean yield	Ranking wg śred. gen. Ranking by gen. mean yield	Wariancja stabilności Stability variance	Miara Kanga, YS_i Kang's measure, YS_i	Ranking wg miary YS_i Ranking by Kang's measure YS_i	$\hat{R}_i(0)$	$\hat{R}_i(1,8)$	$\hat{R}_i(3,6)$	$\hat{R}_i(5,4)$	MR_i
SMH_3340	93,5	1	19,9**	56	3	1,00	0,93	0,79	0,71	0,86
AND_387/89	92,3	2	27,5**	55	4	0,93	0,71	0,71	0,43	0,70
AND_3124/7	91,6	3	21,9**	54	5	0,93	0,79	0,57	0,36	0,66
PAB_1331/5	91,2	4	9,7ns	59	2	0,93	0,86	0,64	0,43	0,71
SMH_3539	90,6	5	7,9ns	60	1	0,93	0,86	0,57	0,21	0,64
SMH_3407	90,5	6	18,9**	51	8	0,71	0,64	0,57	0,43	0,59
PAB_964/87	90,4	7	10,5ns	54	6	0,86	0,71	0,50	0,43	0,63
STH_3432	90,2	8	10,4ns	53	7	0,93	0,64	0,50	0,29	0,59
SOD_301/89	90,2	9	17,4**	48	9	0,79	0,79	0,57	0,43	0,64
AND_298/89	89,8	10	27,4**	47	10	0,71	0,64	0,50	0,43	0,57
KOC_4323/8	89,4	11	23,5**	46	12	0,71	0,71	0,43	0,29	0,54
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
OLH_9458	87,1	25	8,4ns	38	19	0,64	0,36	0,14	0,07	0,30
EMIKA*	87,1	26	22,1**	29	28	0,64	0,36	0,36	0,14	0,38
MOB_3195/9	86,9	27	17,2**	28	29	0,57	0,36	0,29	0,14	0,34
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
LAD_174/88	85,5	38	6,6ns	23	33	0,43	0,07	0,07	0,00	0,14
ALMARI*	85,3	39	6,2ns	22	34	0,50	0,07	0,00	0,00	0,14
DAD_185/89	85,1	40	9,3ns	19	37	0,21	0,07	0,07	0,07	0,11
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
SMH_1389/1	79,0	60	62,5**	-9	60	0,14	0,07	0,07	0,07	0,09
BEGRA	74,5	61	12,3*	-10	61	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

^w oznacza odmiany wzorcowe; check cultivars

^{ns} oznacza nieistotną wariancję efektów interakcji GE; non-significant variance of GE interaction effects

* (**) oznacza istotną wariancję efektów interakcji GE przy poziomie istotności $\alpha=0,05$, $0,05 < P < 0,01$ ($\alpha=0,01$, $P < 0,01$); significant variance of GE interaction effects at the level $\alpha=0,05$, $0,05 < P < 0,01$ ($\alpha=0,01$, $P < 0,01$)

W celu pełniejszego zbadania skuteczności w określaniu stopnia szerokiej adaptacji dla tych 11 badanych odmian policzono wskaźniki niezawodności plonowania $\hat{R}_i(d)$ dla $d=0$ przy zwiększającym się d , tj. $d_1 = 0,25(\text{mmax}-\text{m}) = 1,8$; $d_2 = 0,5(\text{mmax}-\text{m}) = 3,6$ i $d_3 = 0,75(\text{mmax}-\text{m}) = 5,4$; gdzie (mmax-m) oraz policzono średnie wartości funkcji niezawodności plonowania, MR_i (tab. 2). Zbadano, że dla 11 badanych odmian z najwyższą wartością miary YS_i , a jego numer porządkowy pod względem tego parametru jest coraz niższy, wskazuje na rosnący stopień szerokiej adaptacji, potwierdzają podobną zgodność uporządkowania najwyższe wartości wskaźnika niezawodności plonowania (bliskie jeden) dla tych samych 11 badanych odmian, jak i najwyższe wartości średniej wartości funkcji niezawodności plonowania, MR_i (bliskie jeden). Natomiast, kolejność 11 pierwszych odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu, a jej numer porządkowy jest coraz niższy, wskazuje rosnący stopień szerokiej adaptacji wykazują podobną (ale gorszą od miary Kanga) zgodność uporządkowania, tych odmian w stosunku do miar nowych definicji 1.

Zatem, miary standardowe (szczególnie miara Kanga) potwierdzają podobną zgodność uporządkowania wszystkich porównywanych 11 odmian względem osiąganych najwyższych wartości w stosunku do nowych miar (wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$, w miarę zwiększania wartości d jak i w stosunku do najwyższych wartości średnich funkcji niezawodności plonowania, MR_i).

W tych tabelach 2, 3 i 4 także odznaczono kolorem szarym odmiany plonujące średnio istotnie powyżej średniej dwóch odmian wzorcowych dla plonu. Odmiany zostały wyznaczone za pomocą dwustronnego testu Dunnetta, opartego na modelu mieszanym łącznej analizy wariancji. Zastosowany test Dunnetta wskazuje, że w 1994 roku; 4, badane odmiany plonowały średnio istotnie powyżej przeciętnej obu wzorców. Do tej grupy należą odmiany: SMH_3340, AND_387/89, AND_3124/7, PAB_1331/5.

Natomiast, na podstawie wyników z serii doświadczeń wykonanych w 2000 roku (tab. 3) wynika, że spośród 11 badanych odmian o najwyższym potencjale plonowania, 9 z nich znalazło się wśród tych, które są na pierwszych 11 pozycjach pod względem miary Kanga, to jednak rangi wspomnianych 9 odmian o najwyższych wartościach miary Kanga były przedstawione w stosunku do rang według ich średniego plonu. Także policzono wskaźniki niezawodności plonowania $\hat{R}_i(d)$ dla $d = 0$ przy zwiększającym się d , tj. $d_1 = 0,25(m_{\max} - m) = 1,9$; $d_2 = 0,5(m_{\max} - m) = 3,8$ i $d_3 = 0,75(m_{\max} - m) = 5,6$; oraz policzono średnie wartości funkcji niezawodności plonowania, $\bar{R}_i(d)$ (tab. 3). W związku z tym porównano 11 badanych odmian pod względem zgodności uporządkowania pod względem miar standardowych i miar stopnia szerokiej adaptacji $R_i(0)$ i MR_i . Odmiana SOD_5/95, która jest na pierwszym miejscu według średniego plonu, utrzymała się na tym samym pierwszym miejscu według miary Kanga, ponieważ stabilnie plonowała (nieistotna wariancja efektów interakcji GE) i jednocześnie odmiana SOD_5/95 osiąga najwyższe wartości (równe i bliskie jeden) wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$, w miarę zwiększania wartości d jak i najwyższe wartości średnich funkcji niezawodności plonowania, MR_i . Natomiast, odmiana KOC_6309/96 z drugiej pozycji według średniego plonu, znalazła się na piątym miejscu według miary Kanga, ponieważ niestabilnie plonowała (istotna wariancja efektów interakcji GE). Odmiana KOC_6309/96 w stosunku do miar nowych osiąga niższe wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0) = 0,86$ i niższe w miarę zwiększania wartości d , czyli $R_i(1,9) = 0,86$, $R_i(3,8) = 0,57$, $R_i(5,6) = 0,57$, jak i niższą średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, $MR_i = 0,71$. Zaś, na drugim miejscu według miary Kanga znalazła się odmiana AND_387/89, która była czwarta pod względem średniego plonu, dlatego, że stabilnie plonowała, ale odmiana AND_387/89 w stosunku do miar nowych osiąga wyższe wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0) = 1,00$ i wyższe w miarę zwiększania wartości d , czyli $R_i(1,9) = 1,00$, $R_i(3,8) = 0,86$, $R_i(5,6) = 0,29$, jak i wyższą średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, $MR_i = 0,79$.

Zatem, na podstawie serii doświadczeń wykonanych w (tab. 3), wykazano, że kolejność 11 pierwszych odmian pod względem średnich genotypowych dla plonu nie jest taka sama, ani też bardzo podobna do tej kolejności pod względem miary Kanga. Natomiast, lepiej miara Kanga niż średnia genotypowa potwierdza podobną zgodność uporządkowania tych 11 odmian względem osiąganych najwyższych wartości w stosunku do nowych miar

(wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$, w miarę zwiększania wartości d jak i w stosunku do najwyższych wartości średnich funkcji niezawodności plonowania, MR_i).

Test Dunnetta wskazuje, że w 2000 roku; 7 badanych odmian (w tabeli 3 wytłuszczono) plonowało średnio istotnie powyżej przeciętnej obu wzorców.

Do tej grupy należą odmiany: SOD_5/95, KOC_6309/96, SOD_3387/92, SZD_323, AND_413/94, SOD_1152/93, STH_549.

Tabela 3

Ocena średniej genotypowej plonu, wariancji stabilności, miary Kanga oraz miar $R_i(d=0)$ i MR_i dla serii doświadczeń przedrejestracyjnych z pszenicą ozimą, wykonanej w roku 2000
Estimates of genotypic mean yield, stability variance, Kang's measure, $R_i(d=0)$ and MR_i measures for the pre-registration cultivar trials with winter wheat in 2000

Odmiana Cultivar	Średnia genotypowa Genotypic mean yield	Ranking wg śred. gen. Ranking by gen. mean yield	Wariancja stabilności stability variance	Miara Kanga, YS_i Kang's measure, YS_i	Ranking wg miary YS_i Ranking by Kang's measure, YS_i	$\hat{R}_i(0)$	$\hat{R}_i(1,9)$	$\hat{R}_i(3,8)$	$\hat{R}_i(5,6)$	$M\hat{R}_i$
SOD_5/95	96,2	1	9,5ns	74	1	1,00	1,00	0,86	0,57	0,86
KOC_6309/6	94,3	2	22,4**	65	5	0,86	0,86	0,57	0,57	0,71
SOD_3387/92	94,0	3	25,1**	64	7	1,00	0,71	0,57	0,43	0,68
SZD_323	94,0	4	25,1**	63	8	0,86	0,86	0,43	0,43	0,64
AND_413/94	93,9	5	3,8ns	70	2	1,00	1,00	0,86	0,29	0,79
SOD_1152/93	93,4	6	34,1**	61	11	0,86	0,57	0,43	0,29	0,54
STH_549	93,2	7	11,7ns	66	3	0,86	0,86	0,71	0,43	0,71
SZD_383	93,0	8	6,3ns	66	4	1,00	0,86	0,71	0,43	0,75
SMH_5089	92,9	9	9,7ns	65	6	1,00	0,71	0,43	0,29	0,61
NAD_414/95	92,8	10	22,5**	56	14	0,86	0,71	0,43	0,43	0,61
NAD_405/95	92,7	11	10,8ns	63	9	0,86	0,86	0,43	0,29	0,61
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
KOBRA ^w	90,9	21	13,7ns	49	21	0,71	0,57	0,14	0,14	0,39
SMH_5090	90,6	22	14,3ns	47	22	0,86	0,57	0,43	0,00	0,46
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
ELENA ^w	82,9	68	11,9ns		-1	66	0,00	0,00	0,00	0,00
SMH_5345	81,4	69	8,3ns		0	65	0,00	0,00	0,00	0,00
BEGRA	80,8	70	15,5*		-5	69	0,00	0,00	0,00	0,00
SMH_4759	80,2	71	92,4**		-10	71	0,14	0,00	0,00	0,04

- Wyjaśnienia jak w tabeli 2; Explanation as in the table 2

W tabeli 4 przedstawiono wyniki ocen tych samych miar stopnia szerokiej adaptacji dla odmian z serii doświadczeń z 2006 roku (tab. 4).

Tabela 4

Ocena średniej genotypowej plonu, wariancji stabilności, miary Kanga oraz miar $R_i(d=0)$ i MR_i dla serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą, wykonanej w roku 2006
 Estimates of genotypic mean yield, stability variance, Kang's measure, $R_i(d=0)$ and MR_i measures for the pre-registration cultivar trials with winter wheat in 2006

Odmiana Cultivar	Średnia genoty- powa genotypic mean yield	Ranking wg śred. gen. Ranking by gen. mean yield	Wariancja stabilności stability variance	Miara Kanga, YS_i Kang's measure, YS_i	Ranking wg miary YS_i Ranking by Kang's measure, YS_i	$\hat{R}_i(0)$	$\hat{R}_i(1,9)$	$\hat{R}_i(3,8)$	$\hat{R}_i(5,7)$	$M\hat{R}_i$
KBP_02.945	85,2	1	9,3ns	62,0	1	1,0	0,9	0,9	0,9	0,89
KBP_02.977	84,9	2	46,2**	53,0	5	0,9	0,7	0,7	0,6	0,71
DED_2097/02	83,6	3	27,5**	52,0	6	0,9	0,7	0,7	0,6	0,71
SZD_651	83,5	4	16,5**	55,0	3	1,0	1,0	0,7	0,4	0,79
STH_1195	83,4	5	39,4**	50,0	7	0,7	0,7	0,7	0,4	0,64
NAD_1-9-7817	83,3	6	3,7ns	57,0	2	1,0	1,0	0,9	0,4	0,82
STH_1637	83,0	7	66,1**	48,0	8	0,7	0,7	0,4	0,4	0,57
MOB_1958/01	82,2	8	2,1ns	55,0	4	1,0	1,0	0,6	0,3	0,71
DED_725/02	81,5	9	52,7**	45,0	11	0,7	0,6	0,6	0,6	0,61
KBP_03.25	81,4	10	54,0**	44,0	13	0,7	0,4	0,3	0,3	0,43
DAD_1334/01	81,2	11	39,3**	43,0	15	0,6	0,6	0,6	0,4	0,54
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
TONACJA"	73,3	48	17,9**	2,0	49	0,3	0,1	0,0	0,0	0,11
STH_1066	72,3	52	18,9**	-3,0	53	0,0	0,0	0,0	0,0	0,00
KOBRA "	72,2	53	6,0ns	4,0	47	0,0	0,0	0,0	0,0	0,00
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
SMH_7639	69,9	58	105,4**	-9,0	58	0,4	0,1	0,0	0,0	0,14
CHD_2212/00-2	69,2	59	151,0**	-10,0	59	0,3	0,1	0,0	0,0	0,11

- Wyjaśnienia jak w tabeli 2; Explanation as in the table 2

Wyniki te potwierdzają, że 11 badanych odmian o najwyższym potencjale plonowania, 8 z nich znalazło się wśród tych, które są na pierwszych 11 pozycjach pod względem miary Kanga, to jednak rangi wspomnianych 8 odmian o najwyższych wartościach miary Kanga były przestawione w stosunku do rang według ich średniego plonu. Także policzono wskaźniki niezawodności plonowania $\hat{R}_i(d)$ dla $d=0$ przy zwiększającym się d , tj. $d_1=0,25(m_{\max}-m)=1,9$; $d_2=0,5(m_{\max}-m)=3,8$ i $d_3=0,75(m_{\max}-m)=5,7$; oraz policzono średnie wartości funkcji niezawodności plonowania, $M\hat{R}_i$ (tab. 4). Odmiana KBP_02.945, która jest na pierwszym miejscu według średniego plonu, utrzymała się na tym samym pierwszym miejscu według miary Kanga, ponieważ stabilnie plonowała (nieistotna wariancja efektów interakcji GE) i jednocześnie odmiana KBP_02.945 osiąga najwyższe wartości (równe i bliskie jeden) wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$, w miarę zwiększania wartości d , jak i najwyższe wartości średnich funkcji niezawodności plonowania MR_i , natomiast odmiana KBP_02.977 z drugiej pozycji według średniego plonu, znalazła się na piątym miejscu według miary Kanga, ponieważ niestabilnie plonowała (istotna wariancja efektów interakcji). Odmiana KBP_02.945 w stosunku do miar nowych osiąga niższe wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0)=0,90$ i niższe w miarę zwiększania wartości d , czyli $R_i(1,9)=0,70$, $R_i(3,8)=0,70$, $R_i(5,6)=0,60$, jak i niższą średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, $MR_i=0,71$. Zaś, na drugim

miejscu według miary Kanga znalazła się odmiana NAD_1-9-7817, która była szósta pod względem średniego plonu, dlatego, że stabilnie plonowała, ale odmiana NAD_1-9-7817w stosunku do miar nowych osiąga wyższe wartości wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(0) = 1,00$ i wyższe w miarę zwiększania wartości d , czyli $R_i(1,9) = 1,00$, $R_i(3,8) = 0,90$, $R_i(5,6) = 0,40$, jak i wyższą średnią wartość funkcji niezawodności plonowania, $MR_i = 0,82$.

Seria doświadczeń z (tab. 4), potwierdziła, że zgodność uporządkowania 11 pierwszych odmian pod względem średnich genotypowych dla plonu nie jest taka sama, ani też bardzo podobna do tej kolejności pod względem miary Kanga. Natomiast, lepiej miara Kanga niż średnia genotypowa potwierdza podobną zgodność uporządkowania tych 11 odmian względem osiąganych najwyższych wartości w stosunku do nowych miar (wskaźnika niezawodności plonowania $R_i(d)$, w miarę zwiększania wartości d jak i w stosunku do najwyższych wartości średnich funkcji niezawodności plonowania, MR_i).

W 2006 roku zastosowany test Dunnetta wskazuje, że; 11 badanych odmian (w tabeli 4 zaznaczono kolorem szarym) plonowało średnio istotnie powyżej przeciętnej obu wzorców. Do tej grupy należą odmiany: KBP_02.945, KBP_02.977, DED_2097/02, SZD_651, STH_1195, NAD_1-9-7817, STH_1637, MOB_1958/01, DED_725/02, KBP_03.25, DAD_1334/01.).

Analiza zgodności rankingu odmian ze względu na wartości miar stopnia szerokiej adaptacji

Empiryczne badanie zgodności uporządkowania odmian pod względem standardowych i nowych miar stopnia szerokiej adaptacji rodów wykonano za pomocą analizy korelacji rang Spearmana (Piepho, 1996) na podstawie danych dla plonu ziarna rodów pszenicy ozimej w 15 seriach doświadczeń przedrejestrowych, wykonanych w latach 1992–2007. W tabeli 5 przedstawiono wyznaczone współczynniki korelacji rang Spearmana, obejmujące 3 serie doświadczeń przedrejestrowych z 1994, 2000 i 2006 roku. Współczynniki korelacji Spearmana wyznaczono dla:

- wszystkich badanych rodów,
- 20 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu,
- 10 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu.

W tabeli 5 podano wyniki współczynników korelacji rang Spearmana wyznaczonych pomiędzy miarami z definicji 1, a miarami standardowymi.

Stwierdzono dla wszystkich badanych rodów, silne korelacje (współczynniki korelacji bliskie 1) pomiędzy średnią genotypową, a każdą nową miarą, tj. $R_i(0)$, MR_i (określenie stosowane do miar z definicji 1) w każdym roku, czyli w 1994, 2000 i 2006. Podobne silne korelacje w każdym roku badań wykazano pomiędzy miarą YS_i , a każdą nową miarą $R_i(0)$, MR_i . Silna korelacja rangowa dla wszystkich badanych odmian wskazuje na dużą zgodność porządkowania odmian pod względem miar standardowych i nowych miar z definicji 1. Oznacza to, że średnia genotypowa i miara YS_i porządkują podobnie wszystkie badane odmiany, jak miary stopnia szerokiej adaptacji $R_i(0)$ i MR_i .

Tabela 5

Współczynniki korelacji rang Spearmana między miarami stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie danych dla plonu z serii doświadczeń przedrejestrowych w latach 1994, 2000 i 2006

Spearman's coefficients of rank correlation between measures of wide adaptation degree of winter wheat cultivars on the basis of data from pre-registration cultivar trials carried out in the years 1994, 2000 and 2006

1994	Średnia genotypowa genotypów c mean yield	Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	$R_i(0)$	2000	Średnia genotypowa genotypów c mean yield	Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	$R_i(0)$	2006	Średnia genotypowa genotypów c mean yield	Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	$R_i(0)$
Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	0,99 ¹			Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	0,99 ¹			Miara Kanga YS_i Kang's measur, YS_i	0,98 ¹		
	0,96 ²				0,86 ²				0,87 ²		
	0,35 ³				0,64 ³				0,64 ³		
	0,95 ¹	0,94 ¹			0,94 ¹	0,94 ¹			0,85 ¹	0,85 ¹	
$R_i(0)$	0,93 ²	0,94 ²		$R_i(0)$	0,73 ²	0,85 ²		$R_i(0)$	0,32 ²	0,63 ²	
	0,10 ³	0,59 ³			0,47 ³	0,94 ³			0,47 ³	0,94 ³	
	0,94 ¹	0,91 ¹	0,93 ¹		0,96 ¹	0,94 ¹	0,95 ¹		0,92 ¹	0,89 ¹	0,91 ¹
MR_i	0,96 ²	0,95 ²	0,93 ²	MR_i	0,87 ²	0,89 ²	0,76 ²	MR_i	0,81 ²	0,89 ²	0,49 ²
	0,49 ³	0,89 ³	0,49 ³		0,71 ³	0,97 ³	0,91 ³		0,71 ³	0,97 ³	0,91 ³

¹ Współczynnik korelacji rang Spearmana dla wszystkich badanych odmian; Spearman's coefficient of rank correlation for all tested cultivars

² Współczynnik korelacji rang Spearmana dla 20 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu; Spearman's coefficient of rank correlation for 20 cultivars with the highest genotypic mean yield

³ Współczynnik korelacji rang Spearmana dla 10 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu; Spearman's coefficient of rank correlation for 10 cultivars with the highest genotypic mean field

Powyższy wynik oceny dla wszystkich badanych odmian jest zbyt generalny i oznacza on, że miary standardowe (przede wszystkim średnia genotypowa) są dobrym kryterium oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian, co stanowi obraz niewystarczająco odpowiadający grupie odmian wyróżnionych pozytywnie pod względem plonowania (zwykle o najwyższych średnich genotypowych dla plonu). Dlatego też, bardziej interesująca może być ocena zgodności uporządkowania 20 lub 10 odmian o najwyższych średnich genotypowych dla plonu. Wyniki z 20 odmian w 1994 roku pokazują, że średnia genotypowa, jak i miara YS_i są silnie skorelowane z miarami $R_i(0)$ i MR_i , czyli uporządkowanie wg średniej genotypowej i miary Kanga jest podobne dla tych 20 odmian jak i dla $R_i(0)$ oraz MR_i . Natomiast, ocena uporządkowania wg średniej i miary Kanga w stosunku do miar $R_i(0)$ i MR_i zmienia się dla tych 20 badanych odmian w 2000 i 2006 roku, ponieważ w roku 2000 ta ocena jest mniej zgodna, a w 2006 roku powyższa ocena wykazuje największą niezgodność uporządkowania dla tych 20 odmian z najwyższą średnią genotypową. Jednak, ocena wykazująca zgodność podobnego uporządkowania tych 20 badanych odmian w 2000 i 2006 roku zdecydowanie jest lepsza wg miary Kanga (wyższe współczynniki korelacji rangowej) niż wg średniej genotypowej w stosunku do miar z definicji 1.

Natomiast w 1994, 2000 i 2006 roku, badano ocenę zgodności uporządkowania dla 10 odmian z najwyższą średnią genotypową dla plonu wykazując dość interesującą ocenę

polegającą na tym, że średnia genotypowa, jest słabo skorelowana z miarami $R_i(0)$ i MR_i , czyli uporządkowanie wg średniej genotypowej jest niezgodne dla tych 10 odmian w stosunku do miar $R_i(0)$ oraz MR_i . Ponadto stwierdzono w każdym roku badań wyraźnie lepszą zgodność uporządkowania grupy tych 10 odmian pod względem miary YS_i niż wg średniej genotypowej, a każdą nową miarą $R_i(0)$ oraz MR_i .

Stwierdzono, że badania grupy 20, a najlepiej 10 odmian o najwyższych średnich genotypowych dla plonu świadczą o tym, że skuteczność i przydatność miar standardowych jest niewystarczająca do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian, polegająca na zgodnym porządkowaniu odmian pod względem miar standardowych, a w szczególności średniej genotypowej w stosunku do nowych miar stopnia szerokiej adaptacji odmian.

WNIOSKI

1. Nowe miary, tj. wskaźnik niezawodności plonowania odmian $R_i(d = 0)$ i średnia wartość funkcji niezawodności plonowania MR_i najbardziej adekwatnie określającą stopień szerokiej adaptacji odmiany w rejonie uprawy i dlatego najbardziej wiarygodnie porządkują one odmiany według stopnia szerokiej adaptacji.
2. Miara porządkowa Kanga YS_i także dobrze odzwierciedla relatywny stopień szerokiej adaptacji odmian, ponieważ porządkuje ona wszystkie rody oraz te w grupach o najwyższych średnich, podobnie, jak funkcja niezawodności plonowania MR_i i wskaźnik niezawodności plonowania $R_i(d = 0)$.
3. Średnia genotypowa plonu nie jest dobrą miarą do odzwierciedlenia stopnia szerokiej adaptacji odmian w grupie tych o najwyższych średnich plonu, ponieważ porządkuje ona obiekty niezgodnie, w stosunku do porządku według nowych miar, tj. wskaźnika $R_i(d = 0)$ i średniej wartości funkcji niezawodności plonowania MR_i .
4. W każdej z trzech badanych serii doświadczeń znajdowały się rody o średnim plonie ziarna istotnie wyższym od średniej dwóch odmian wzorcowych.

LITERATURA

- Allard R. W., Bradshaw A. D. 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Sci.* 4: 503 — 508.
- Eskridge K. M., Mumm R. F. 1992. Choosing plant cultivars based on the probability of outperforming a check. *Theor. Appl. Genet* 84:494 — 500.
- Eskridge K. M., Smith O. S., Byrne P. F. 1993. Comparing test cultivars using reliability functions of test-check differences from on-farm trials. *Theor. Appl. Genet.* 87: 60 — 64.
- Kang M.S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: Consequences for growers. *Agron. J.* 85: 754 — 757.
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Adv. in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Lee E. A., Doerksen T. K., Dannenberg L.W. 2003. Genetic components of yield stability in maize breeding populations. *Crop Sci.* 43:2018 — 2027.
- Magari R., Kang M. S. 1993. Genotype selection via a new yield-stability statistic in maize yield trials. *Euphytica* 70: 105 — 111.

- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Roln. Seria A.* 116: 11 — 24.
- Piepho H. P. 1996. Analysis of genotype-by-environment interaction and phenotypic stability. In: *Genotype-by-environment interaction*. Eds. Kang M. S., Gauch H. G., CRC Press, Boca Raton, Fl.: 151 — 174.
- Rajfura A., Mądry W. 2001. Metoda wyboru genotypów o szerokiej adaptacji wykorzystująca zarówno ich średnie w rejonie jak i stabilność plonowania. *Coll. Biom.* 169 — 182.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.

JAKUB PADEREWSKI¹**WIESŁAW MĄDRY**¹**WIESŁAW PILARCZYK**²**TADEUSZ DRZAZGA**³¹Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki SGGW w Warszawie²Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu³Hodowla Roślin Rolniczych "Nasiona Kobierzyc" Sp. z o.o. w Kobierzycach

Retrospektywne badanie reakcji plonu odmian pszenicy ozimej na warunki środowiskowe w miejscowościach za pomocą łącznej analizy AMMI i skupień: ocena postępu genetycznego w plonowaniu

Retrospective study of yield response to environmental conditions in winter wheat cultivars using combined AMMI and cluster analysis to incomplete data: genetic progress for adaptability

Analizowano dane plonowania odmian pszenicy ozimej w 14 wielokrotnych seriach doświadczeń przedrejestrów, przeprowadzonych w latach 1991–2004. Spośród nich wybrano 21 odmian (odmian testowanych lub wzorców) badanych w stacjach doświadczalnych przynajmniej w 3 latach. Odmiany te były wyhodowane w latach 1982–2004. Obliczono średnie poprawione plonu ziarna poprzez lata dla odmian w stacjach, w niekompletnej klasyfikacji GL za pomocą estymatora BLUE, uzupełniono tę klasyfikację za pomocą metody EM-AMMI, wykonano analizę AMMI (ang. additive main effects and multiplicative interaction) i analizę skupień (grupującą odmiany o podobnym profilu efektów interakcji GL i podobnej średniej genotypowej plonu). Na tej podstawie określono różne rodzaje reakcji plonu jednorodnych grup odmian pszenicy ozimej na zmienne warunki przyrodnicze w miejscowościach, i tym samym, różne rodzaje ich adaptacji. Metoda łącznej analizy AMMI i skupień, z jej modyfikacjami i uzupełnieniami specyficznymi dla danych niekompletnych, zastosowana na danych z niekompletnej wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą okazała się efektywna do badania rodzajów średniej wieloletniej reakcji plonu odmian na warunki środowiskowe w miejscowościach. Uzyskane wyniki badań są świadectwem osiągniętego postępu genetycznego w Polsce pod względem szerokiej adaptacji odmian, podobnie jak to się stało w innych krajach na świecie.

Słowa kluczowe: pszenica ozima, analiza AMMI, analiza skupień, adaptacja odmian, plon

Data for winter wheat grain yield which were analyzed in the paper come from 14 multiple-environment trials (METs), called pre-registration trials, done across the years 1991–2004. Each year,

new tested cultivars entered the trials network but some entries and check-cultivars retained in the network for a few year period. Among them 21 tested and check cultivars, evaluated across at least 3 years period, were taken to these considerations. The entries were released during the years the 1982 to 2004. Adjusted means of grain yield for cultivars in locations across years using BLUE estimator in REML method were calculated. These means constituted an incomplete GL classification. Some missing means in the classification were approximated by the EM-AMMI procedure. The AMMI analysis based on additive main effects and multiplicative interaction fixed model. In the second step of the statistical procedure cluster analysis was performed taking into account estimates of GL interaction effects. This method enables grouping cultivars with similar profiles of GL interaction effects and also similar genotypic means of grain yield. In this way different types of yield response of homogenous cultivar group of winter wheat to variable environmental conditions in locations (types of adaptations) were distinguished. The combined AMMI and cluster analysis including specific modifications for incomplete data was efficient to study patterns of yield response to environmental conditions in winter wheat cultivars using data from incomplete GLY classification obtained in pre-registration trials. As a result of the study, genetic progress was estimated with regard to both yield and its stability and then wide adaptability.

Key words: winter wheat, AMMI analysis, cluster analysis, cultivars, adaptation, grain yield

WSTĘP

Badanie postępu genetycznego (hodowlanego, biologicznego) pod względem plonu i innych najważniejszych cech rolniczych roślin uprawnych w danej skali czasowej i przestrzennej jest konieczne w celu oceny osiągnięć hodowli roślin i jej słabości oraz wytyczenia na przyszłość naukowych i praktycznych priorytetów hodowlanych (Slafer i in., 1993; Lopez-Pereira i in., 1999; Donmez i in., 2001; Trethowan i in., 2002; Fufa i in., 2005; de la Vega i in., 2007 a, b; Sharma i in., 2007; Rodriguez i in., 2008).

Chociaż stosuje się wiele metod badania postępu genetycznego w plonowaniu roślin uprawnych, to jednak najbardziej miarodajne i wiarygodne wyniki uzyskuje się na podstawie wielokrotnej (lub wielokrotnej i wieloletniej), kompletnej serii doświadczeń z odmianami, wytworzonymi w różnych latach w przeciągu dłuższego okresu czasu (Munoz i in., 1998; Austin, 1999; Brancourt-Hulmel i in., 2003; Fufa i in., 2005; De Vita i in., 2007; Giunta i in., 2007).

W ten sposób można ocenić bardziej wszechstronnie charakter postępu genetycznego w plonowaniu danego gatunku roślin, tzn. postęp pod względem stopnia szerokiej i wąskiej adaptacji odmian do zmiennych warunków środowiskowych (Slafer i in., 1993; Munoz i in., 1998; Trethowan i in., 2002; Fufa i in., 2005; Brancourt-Hulmel i in., 2003; Sharma i in., 2007; Rodriguez i in., 2008).

Postęp genetyczny w plonowaniu roślin uprawnych może być także oceniany na podstawie zestawów danych, wybranych z wielokrotnych serii doświadczeń przedrejestrówych i rejestrówych, które były wykonane w wielu latach (Patterson, 1997; Tinker i Yan, 2006; de la Vega i in., 2007 a, b). W takich zbiorach danych powinny znajdować się odmiany, wytworzone w przeciągu dłuższego okresu czasu. Wspomniane dane (średnie z powtórzeń) są uporządkowane w niekompletnej klasyfikacji trójkierunkowej krzyżowej o postaci odmiany $\times$ miejscowości $\times$ lata, oznaczonej symbolem GLY (van Eeuwijk i in., 1995; Patterson, 1997; Piepho i Möhring, 2006; de la Vega i in., 2007 a, b). Nawet przy dużym stopniu niekompletności w klasyfikacji danych typu GLY, można przeprowadzić

skutecznie ich analizę statystyczną (wśród analityków hodowlanych nazywaną często analizą retrospektywną — DeLacy i in., 1996 a, b; Tinker i Yan, 2006) oraz odpowiednie wnioskowanie merytoryczne o odmianach i miejscowościach, opierając się na liniowym modelu mieszanym analizy wariancji. Takie modele są opisane w pracach Elandt (1964), Caliński i wsp. (1987 a, b), Searle (1987), Annicchiarico (2002 b), Piepho i Möhring (2005) oraz Smith i wsp. (2005). Do estymacji parametrów modelu mieszanego stosuje się metodę największej wiarygodności REML (Patterson i Thompson, 1971; Searle, 1987; Searle i in., 1992; van Eeuwijk i in., 1995; Patterson, 1997; Piepho i Möhring, 2005; Smith i in., 2005; Piepho i in., 2008). Ta metoda została oprogramowana dla wymienionych modeli w pakietach komputerowych, takich, jak SAS oraz GenStat (SAS Institute, 2000; GenStat 2002).

W analizie niekompletnych danych w klasyfikacji GLY najpierw estymuje się średnie poprawione plonu dla kombinacji odmiany $\times$ miejscowości (kombinacji GL), stanowiące oceny przeciętnych plonów poprzez lata dla kombinacji GL (van Eeuwijk, 1995; Patterson, 1997; de la Vega i in., 2007 a, b). Następnie można stosować łączną analizę AMMI i skupień na podstawie średnich poprawionych w kompletnej lub niekompletnej klasyfikacji GL (Gauch, 1992, 2006; McLaren, 1996; Alagarswamy i Chandra, 1998; Voltas i in., 1999; Gauch i in., 2008). W ten sposób można wnioskować o różnorodności rodzajów reakcji plonu odmian z różnych okresów hodowli, na przestrzenne warunki środowiskowe w badanym rejonie uprawy. Pozwala to na ocenę postępu genetycznego pod względem plonowania.

Mimo pogorszenia własności statystycznych narzędzi stosowanych przy analizowaniu danych w niekompletnej klasyfikacji trójkierunkowej GLY, wyprowadzane wnioski mają także ważną zaletę merytoryczną. Polega ona na większej miarodajności (sprawdzalności w praktyce rolniczej) ocen plonowania (adaptacji) genotypów i podobieństwa miejscowości w podanym sensie, z powodu uśrednienia plonu poprzez lata badań dla kombinacji GL (Caliński i in., 1987 a, b; Annicchiarico, 1997 a, b, 2002 a, b; Patterson, 1997).

Celem niniejszej pracy jest ilustracja zastosowania łącznej analizy AMMI i skupień danych z niekompletnej wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą oraz ocena jej przydatności do badania rodzajów reakcji plonu odmian na warunki środowiskowe w miejscowościach, czyli rodzajów ich adaptacji, z myślą o charakterystyce postępu genetycznego w plonowaniu tego gatunku roślin w latach 1982–2004.

MATERIAŁY I METODY

Materiał roślinny

Rozpatrywany w tych badaniach materiał doświadczalny pochodził z 14 wielokrotnych serii doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą, przeprowadzonych w latach 1991–2004 przez hodowców, w koordynacji z Instytutem Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie. W każdym roku badano prawie całkowicie inny zestaw rodów, zwanych dalej testowanymi odmianami lub krótko odmianami. Zachowano jednak te same odmiany wzorcowe (wzorcy) przez kilka lat. Liczba badanych obiektów genetycznych

(łącznie testowanych odmian oraz wzorców) wahała się od 47 w roku 1991 do 86 w roku 2003.

Tabela 1

Lista badanych odmian pszenicy ozimej oraz ich hodowców
Tested cultivars of winter wheat and breeding companies which released the cultivars

Genotyp Cultivar	Rok hodowli ^a Year of registration	Hodowca i miejsce wyhodowania Breeding companies and localisation of them
Begra ^B	1982 (S)	DANKO Hodowla Roślin, Choryń k/Kościana
Parada	1987 (S)	Hodowla Roślin Smolice, Smolice k/Krotoszyna
Emika	1985 (S)	Poznańska Hodowla Roślin Tulce, stacja Pasterzowice, Szprotawa
Pob8894/91	1999 (N)	Małopolska Hodowla Roślin, Polanowice
Almari ^B	1989 (S)	Hodowla Roślin Smolice, Smolice k/Krotoszyna
Elena ^B	1995 (P)	Hodowla Roślin Strzelce, Strzelce k/Kutna
Sth8659	1997 (P)	Hodowla Roślin Strzelce, Strzelce k/Kutna
Chd463	1996 (P)	DANKO Hodowla Roślin, Choryń, Choryń k/Kościana
Korweta ^B	1997 (P)	DANKO Hodowla Roślin, Dębina k/Malborka
Chd349	2002 (N)	DANKO Hodowla Roślin, Choryń, Choryń k/Kościana
Koc2769/87	1993 (P)	Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc”, Kobierzyc k/Wrocławia
Dad619	2002 (N)	DANKO Hodowla Roślin, Dańków, Dańków k/Mogielnicy
And166	1994 (P)	Poznańska Hodowla Roślin Tulce, oddział Antoniny, Leszno
Ded315/89	1996 (P)	DANKO Hodowla Roślin, Dębina k/Malborka
Pob858/94	2000 (N)	Małopolska Hodowla Roślin, Polanowice
Kobra ^B	1992 (P)	Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc”, Kobierzyc k/Wrocławia
Sth321	2002 (N)	Hodowla Roślin Strzelce, Strzelce k/Kutna
Tonacja ^B	2001 (N)	Hodowla Roślin Strzelce, Strzelce k/Kutna
Szd383	2003 (N)	Stacja Hodowli Roślin „Modzurów”, Grupa Szelejewo, Modzurów
Mob2355/97	2004 (N)	Stacja Hodowli Roślin „Modzurów”, Grupa Szelejewo, Modzurów
Pob654/95	2004 (N)	Małopolska Hodowla Roślin, Polanowice

^a rok rejestracji odmian rolniczych lub rok zakończenia badań testowanych odmian (rodów) w doświadczeniach przedrejestracyjnych, traktowany jako rok ich wyhodowania: odmiana: (S) stara (wyhodowana przed rokiem 1991), (P) pośrednia wiekowo (wyhodowana w latach 1991–1997), (N) nowoczesna (wyhodowana w latach 1998–2004) year of registration of agronomic cultivars, or the year when testing of cultivars (lines) in pre-registration trials had finished, regarded as the year of release;

^b informacje pochodzą z opracowania „Charakterystyka i technologia uprawy odmian pszenicy ozimej, IHAR Radzików 2003”, natomiast informacje dla pozostałych odmian pochodzą ze stron internetowych spółek hodowlanych i dr. T. Drzazgi

Z trójkierunkowej, bardzo niekompletnej klasyfikacji wszystkich kombinacji GLY, które uczestniczyły w tych 14 seriach doświadczeń, wybrano niekompletną, ale spójną (Searle, 1987) trójkierunkową klasyfikację kombinacji GLY, która obejmowała 21 odmian (odmian testowanych lub wzorców), 15 miejscowości i 14 lat. Wśród 21 badanych odmian znajdowało się 8 odmian wzorcowych (w nawiasach podano rok zbioru plonu w doświadczeniach przedrejestracyjnych), tj. Parada (1991–1993), Emika (1991–1995), Almari (1992–1998), Begra (1991–2001), Elena (1996–2001), Kobra (1999–2004), Korweta (2002–2004) i Tonacja (2002–2004) oraz 13 odmian testowanych (rodów), tj. KOC2769/87 (1991–1993), AND166 (1992–1994), CHD463 (1991, 1995, 1996), DED315/89 (1994–1996), STH8659 (1995–1997), POB8894/91 (1997–1999), POB858/94 (1998–2000), CHD349 (1997, 1998, 2002), DAD619 (1999, 2000, 2002), STH321 (1999, 2001, 2002), SZD383 (2000, 2001, 2003), POB654/95 (2001, 2003, 2004) i MOB2355/97 (2002–2004). Każda z rozpatrywanych odmian uczestniczyła w doświadczeniach przez co

najmniej trzy lata (była badana co najmniej w trzech jednorocznych seriach doświadczeń). Nazwy badanych odmian oraz ich hodowcę i rok wytworzenia podano w tabeli 1. Zostały one wyhodowane w latach 1982–2004, obejmując okres 23 lat.

Stacje doświadczalne i metodyka doświadczeń

Uwzględnione w badaniach 15 stacji doświadczalnych (miejscowości testowych) są położone na terenie Polski (tab. 2).

Tabela 2

Miejscowości testowe dla doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą w latach 1991–2004 Localisations of experiment stations and years when the trials were conducted

Miejscowość Location	Kod Code	Województwo Province	Lata badań ^{a)} Test years	Gleba Soil
Borów	BOA	Łódzkie	1991–1997	bielica — podzolic
Dańków	DAD	Mazowieckie	1991–1999 2001	bielica — podzolic
Dębina	DED	Pomorskie	1991–2004	mada żuławska — marsh
Kobierzyce	KOC	Dolnośląskie	1991–2004	szare ziemie — grey
Kończewice	KOH	Kujawsko Pomorskie	1991–1998	brunatna wyługowana — leached brown
Mikulice	MIB	Podkarpackie	1991–1999	czarnoziem zdegradowany — chernozem (degraded)
Nagrowice	NAD	Wielkopolskie	1991–2004	brunatna — brown
Oleśnica	OLH	Dolnośląskie	1991–1999	bielica — podzolic
Ożańsk	OZH	Podkarpackie	1991–1999	czarnoziem zdegradowany — chernozem (degraded)
Polanowice	POB	Małopolskie	1991–2004	less
Smolice	SMH	Wielkopolskie	1991–2004	bielica — podzolic
Sobótka	SOD	Wielkopolskie	1991–1999	bielica gliniasta — loamy podzolic
Strzelce	STH	Łódzkie	1991–1998 2000–2004	brunatna właściwa — brown
Ułhówek	ULC	Lubelskie	1991–1998	czarnoziem zdegradowany chernozem (degraded)
Szelejewo	SZD	Wielkopolskie	1998–2004	brunatna — brown

^{a)} Lata zbioru roślin badanych odmian w miejscowościach

^{a)} Harvest years for the tested cultivars in the locations listed

Są one zlokalizowane na całym obszarze kraju, jednak ich rozkład przestrzenny nie jest zbliżony do równomiernego. Na przykład na obszarze Polski północnej znajdują się tylko Kończewice — KOH (miejscowość położona na północ od Torunia) i Dębina — DED (położona na północ od Malborka). Wśród rozpatrywanych miejscowości nie ma reprezentacji obszaru Polski północno-zachodniej i północno-wschodniej. Warunki glebowe były znacząco zróżnicowane między miejscowościami, na polach doświadczalnych występował czarnoziem, gleby brunatne, szare ziemie, bielice, less, mady żuławskie (tab. 2).

W każdej miejscowości i roku badań doświadczenia przedrejestrowe wykonano w układzie bloków niekompletnych rozkładalnych, z tymi samymi odmianami w każdej miejscowości w danym roku. W latach 1991–2000 liczba powtórzeń wynosiła 4, zaś w latach 2001–2004 była równa 3. Liczba miejscowości malała, od 14 w roku 1991, do 7 w roku 2004. Wielkość poletek wynosiła 10 m² (1 m × 10 m).



Rys. 1. Rozmieszczenie stacji doświadczalnych
Fig. 1. Localisation of experiment stations

Opis danych dla plonu w trójkierunkowej klasyfikacji GLY

We wspomnianej wyżej niekompletnej klasyfikacji dla kombinacji GLY pomiędzy 21 odmianami, 15 miejscowościami i 14 latami, znajduje się 4410 podklas, spośród których wypełniono danymi (średnimi plonami z powtórzeń) 951 podklas, co stanowi 21,6% wszystkich wymienionych podklas. Spójność w tej trójkierunkowej, niekompletnej klasyfikacji danych GLY została potwierdzona za pomocą pakietu GenStat (GenStat, 2002). W dwukierunkowej klasyfikacji kombinacji GL, otrzymanej z rozpatrywanej klasyfikacji trójkierunkowej GLY, która zawiera 315 podklas, określono liczbę lat badań dla każdej kombinacji GL, która wynosiła od 0 do 11. Średnia liczba lat badań dla 315 podklas w klasyfikacji GL wynosiła 3,02. Rozpatrywane tutaj dane w klasyfikacji GLY były wcześniej wykorzystywane w pracy Mądrego i wsp. (2006) do oceny komponentów wariancyjnych efektów trójczynnika losowego analizy wariancji.

Modelowanie danych i ich analiza statystyczna

Zastosowano klasyczną zasadę dwustopniowej analizy danych z wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń odmianowych (Annicchiarico, 2002 b; Piepho i Möhring, 2005; Smith i in., 2005). Zgodnie z nią, w pierwszym etapie dla obserwacji plonu, pochodzących z doświadczeń pojedynczych w każdej miejscowości i każdym roku, wykonano analizę wariancji dla układu bloków niekompletnych. W ten sposób obliczono średnie poprawione dla odmian w każdym środowisku (miejscowości w danym roku) oraz

średnie kwadraty dla błędu (Annicchiarico, 2002 b). Analizy wariancji danych z doświadczeń pojedynczych zostały wykonane przez IHAR, oddział w Krakowie, za pomocą programu AWABONS, w ramach koordynacji prowadzenia doświadczeń przedrejestrów z pszenicą ozimą. W drugim etapie, wykonano wielostronną analizę średnich poprawionych z powtórzeń, zebranych w niekompletnej, spójnej klasyfikacji trójkierunkowej GLY, zgodnie z mieszanym modelem ANOVA, traktując odmiany i miejscowości jako czynniki stałe, zaś lata jako czynnik losowy (van Eeuwijk i in., 1995; Annicchiarico, 1997 a, 2002 a, b; Piepho i Möhring, 2005; Smith i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006 a; Benesi i in., 2008). Założenie, które traktuje odmiany i miejscowości jako czynniki stałe jest uzasadnione przez dwie okoliczności. Po pierwsze, badane odmiany nie stanowią próby reprezentatywnej z hipotetycznej populacji materiałów hodowlanych w Polsce. Także miejscowości nie są reprezentatywne dla określonego rejonu uprawy. Po drugie, w niniejszej pracy rozpatrzono stały model AMMI dla średnich plonu dotyczących kombinacji GL.

Najpierw, za pomocą metody REML estymowano średnie poprawione plonu w klasyfikacji GL, stanowiące nieobciążone oceny przeciętnych plonów poprzez lata dla kombinacji GL (van Eeuwijk, 1995; Patterson, 1997; Smith i in., 2005; de la Vega i in., 2007 a, b). Z racji przyjęcia założenia, że odmiany i miejscowości są czynnikami stałymi, oceny średnich plonów dla kombinacji GL wyznaczono za pomocą estymatora BLUE (Searle i in., 1992; van Eeuwijk i in., 1995). Klasyfikacja GL średnich poprawionych plonu była niekompletna. Zatem, brakujące dane (średnie poprawione) w niekompletnej klasyfikacji GL uzupełniono metodą EM-AMMI (Gauch i Zobel, 1990; Caliński i in., 1992). Tak powstała kompletna (uzupełniona) klasyfikację średnich poprawionych GL dla plonu analizowano za pomocą modelu AMMI, stosując łączną analizę AMMI i skupień (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Annicchiarico, 1997 a, b, 2002 b; Voltas i in., 1999).

Wszystkie obliczenia numeryczne wymagane przy zastosowaniu rozpatrywanych metod statystycznych w tej pracy wykonano za pomocą własnych aplikacji, przygotowanych w środowisku R (R Development Core Team, 2007) przez pierwszego autora.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji średnich poprawionych dla plonu ziarna w uzupełnionej klasyfikacji GL na podstawie modelu AMMI

Dla średnich poprawionych plonu ziarna w uzupełnionej klasyfikacji GL (tab. 3) wykonano analizę wariancji na podstawie modelu stałego AMMI (tab. 3). Stwierdzono, że 20,29% sumy kwadratów odchyłeń dla plonu w kombinacjach GL było wyjaśnione przez efekty główne odmian, zaś 65,75% tej sumy kwadratów wynikało z efektów głównych miejscowości. Pozostałe 13,96% zmienności plonowania w tych kombinacjach przypadało na efekty interakcji GL. Wyniki te są empirycznym potwierdzeniem ogólnej prawidłowości, polegającej na tym, że kluczowym źródłem zmienności plonu różnych gatunków roślin uprawnych w przestrzeni rolniczej jest przeciętny wpływ środowisk, czyli miejscowości i lat (Annicchiarico, 2002 b). Sumę kwadratów dla interakcji GL rozłożono

na składniki przyporządkowane interakcyjnemu składowemu głównemu, z których pierwsze cztery stanowiły łącznie 72,1% wymienionej sumy kwadratów (odpowiednio: 31,31%, 19,23%, 12,73% i 9,84% dla każdej z kolejnych składowych), a równocześnie 10,06% sumy kwadratów plonu w kombinacjach GL.

Wykorzystując przybliżony średni kwadrat dla efektów interakcji GLY o postaci:

$$\text{approx}(\tilde{S}_{\text{GLY}}^2/K) = \frac{(\hat{\sigma}_e^2/\tilde{n} + \hat{\sigma}_{\text{GLY}}^2)}{\tilde{K}}$$

gdzie $\hat{\sigma}_e^2$ jest wspólną (łączną) oceną wariancji błędu, $\hat{\sigma}_{\text{GLY}}^2$ jest oceną wariancji efektów interakcji GLY, $\tilde{n}$ jest średnią liczbą powtórzeń w doświadczeniach pojedynczych w obrębie rozpatrywanych kombinacji GLY, $\tilde{K}$ jest średnią liczbą lat badań dla rozpatrywanych kombinacji GL, można obliczyć przybliżone funkcje testowe testu Golloba (Gollob, 1968) i testu FR (Cornelius i in., 1993, 1996). W rozpatrywanych badaniach $\tilde{n} = 3,765$, $\tilde{K} = 3,023$, zaś oceny komponentów wariancyjnych z pracy Mądrego i wsp. (2006) są następujące: $\hat{\sigma}_e^2 = 21,8$, $\hat{\sigma}_{\text{GLY}}^2 = 17,9$.

$$\text{Zatem } \text{approx}(\tilde{S}_{\text{GLY}}^2/K) = \frac{(\hat{\sigma}_e^2/\tilde{n} + \hat{\sigma}_{\text{GLY}}^2)}{\tilde{K}} = (21,8/3,77 + 17,9)/3,02 = 7,84.$$

Na poziomie istotności 0,05 wykazano istotność tylko pierwszej interakcyjnej składowej głównej IPC1 za pomocą testu FR, podczas, gdy według testu Golloba stwierdzono cztery pierwsze interakcyjne składowe główne jako istotne (tab. 3). Z uwagi na przybliżenie oceny średniego kwadratu dla efektów interakcji GLY, również te wnioski należy traktować jako orientacyjne. Stwierdzono jednak zbieżne wyniki zastosowania dwóch kryteriów poszukiwania istotnych (w sensie statystycznym i merytorycznym) interakcyjnych składowych głównych, tj. wynik testowania za pomocą testu Golloba i wynik kryterium pozostawienia tyłu składowych głównych, aby zawierały łącznie ponad 70% sumy kwadratów zmienności efektów interakcji GL (Casler i van Santen, 2000; de la Vega i in., 2001; Putto i in., 2008; Sipaseuth Basnayake i in., 2009). Wobec tego uznajemy, że pierwsze cztery interakcyjne składowe główne, jako istotne statystycznie i wyjaśniające 72% zmienności efektów interakcji GL w obrębie rozpatrywanych genotypów i miejscowości, powinny być pozostawione w modelu AMMI(s). W ten sposób zdecydowano się na wybór modelu AMMI(4) do oceny efektów interakcji GL, czyli do wyznaczania ocen AMMI(4) tych efektów. Rozważany model AMMI(4) wyjaśniał 96,11% zmienności plonowania kombinacji GL. Wobec tego, pozostałe 3,89% zmienności całkowitej plonowania tych kombinacji (stanowi to 27,9% zmienności efektów interakcji GL) uznano jako wynik wpływu błędu doświadczalnego i efektów interakcji GLY na średnie poprawione dla kombinacji GL.

Otrzymane wyniki analizy wariancji wskazują, że w genetycznym uwarunkowaniu zmienności plonu ziarna pszenicy ozimej w obrębie badanych odmian, dużo większe znaczenie miały efekty główne odmian, niż efekty interakcji GL (opisane pierwszymi czterema interakcyjnymi składowymi głównymi). Na zróżnicowanie zdolności adaptacyjnej genotypów (zróżnicowanie ich reakcji pod względem plonowania) większy

wpływ miały średnie genotypowe niż efekty interakcji GL (określające kształt reakcji plonu badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe).

Tabela 3

Analiza wariancji plonu ziarna pszenicy ozimej na podstawie warstwowego modelu stałego AMMI dla średnich poprawionych w uzupełnionej klasyfikacji GL, dotyczącej 21 odmian badanych w 15 miejscowościach

Analysis of variance of winter wheat grain yield on the basis of the fixed AMMI model for adjusted means in the GL classification for 21 cultivars tested across 15 locations

Źródło zmienności Source	Sumy kwadratów Sum of squares	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	F _{emp}	P-value
Genotypy (G)	4844,82	20,3% ^a	20	242,24	
Miejscowości (L)	15699,07	65,8% ^a	14	1121,36	
Interakcja GL	3332,14	14,0% ^a	280	11,90	1,52 0,0013 **
Test Golloba					
IPC1	1009,94	30,3% ^b	33	30,60	3,90 0,0000 **
IPC2	640,69	19,2% ^b	31	20,67	2,63 0,0000 **
IPC3	424,04	12,7% ^b	29	14,62	1,86 0,0076 **
IPC4	327,92	9,8% ^b	27	12,15	1,55 0,0498 *
IPC5	254,83	7,6% ^b	25	10,19	1,30 0,1660 ^{NS}
Reszta ⁽⁺⁾	674,73	20,2% ^b	135	5,00	
Test F _R					
IPC1	3332,14	280	11,90	1,52	0,0013 **
IPC2	2322,20	247	9,40	1,20	0,0979 ^{NS}
IPC3	1681,51	216	7,78	0,99	0,5228 ^{NS}
IPC4	1257,47	187	6,72	0,86	0,8517 ^{NS}
IPC5	929,55	160	5,81	0,74	0,9739 ^{NS}
Przybliżony średni kwadrat dla efektów interakcji GLY		181	7,84		

** istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; * istotne na poziomie $\alpha = 0,05$, ^{NS} nieistotne na poziomie $\alpha = 0,05$

** significant at $\alpha = 0,01$; * significant at $\alpha = 0,05$, ^{NS} not significant at $\alpha = 0,05$

^a udział sumy kwadratów dla efektów głównych G i L oraz interakcji GL w sumie kwadratów dla kombinacji GL

^a percentage share of the sum of squares for the main G and L effects and GL interaction effects in the sum of squares for the GL combinations

^b udział procentowy sumy kwadratów dla danej IPC w sumie kwadratów dla efektów interakcji GL

^b percentage share of the sum of squares for a given IPC in the sum of squares for the GL interaction effects

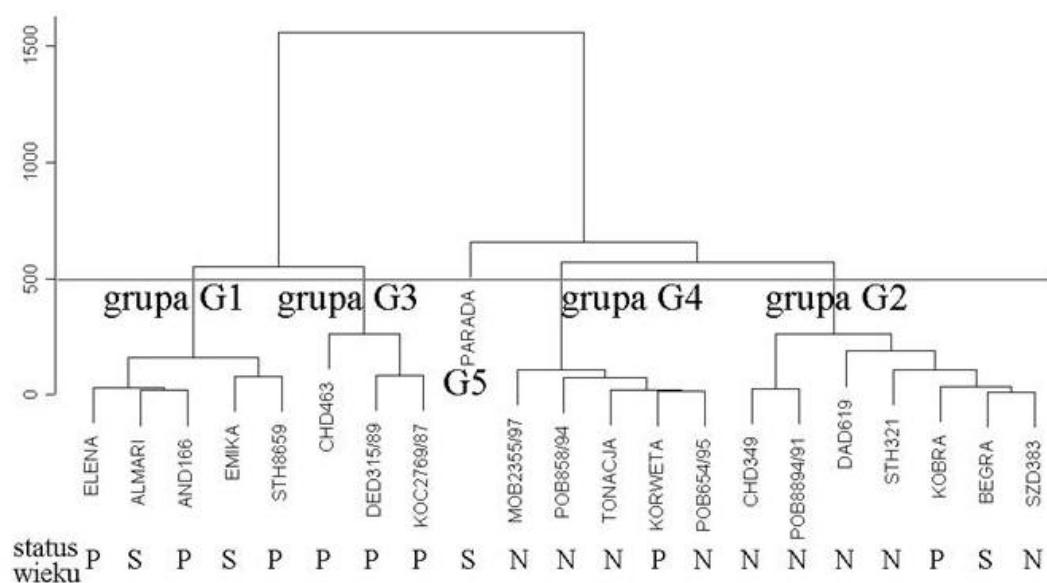
⁽⁺⁾ suma interakcyjnych składowych głównych od IPC6 do IPC14

⁽⁺⁾ sum of the interaction principal components from IPC6 to IPC14

Grupowanie odmian podobnych pod względem kształtu reakcji plonowania na środowiska w miejscowościach za pomocą analizy skupień metodą Warda. Oceny AMMI(4) efektów interakcji GL utworzono na podstawie 4 istotnych interakcyjnych składowych głównych. W dalszej części pracy będą one zawsze nazywane ocenami efektów interakcji GL.

Genotypowe profile ocen efektów interakcji GL wykorzystywane są do opisu kształtów reakcji plonu ziarna genotypów na warunki środowiskowe w badanych miejscowościach i do grupowania genotypów podobnych pod względem tych kształtów. Wyniki grupowania genotypów (podobnych pod względem kształtu reakcji plonu na warunki środowisk) za pomocą analizy skupień metodą Warda, w której miarą podobieństwa był kwadrat

odległości Euklidesa dla genotypowych profili ocen efektów interakcji GL, przedstawiono w postaci dendrogramu (rys. 2).



Dendrogram wykonany w programie R (R Development Core Team 2007)

S – odmiana stara, P – odmiana pośrednia wiekowo, N – odmiana nowoczesna

Dendrogram produced with the R program (R Development Core Team 2007)

S – old cultivar, P – intermediate-age cultivar, N – modern cultivar

Rys. 2. Dendrogram z analizy skupień, wykonanej metodą Warda, dla genotypowych profili ocen efektów interakcji GL, przedstawiający grupowanie odmian pszenicy ozimej o podobnym kształcie reakcji plonu ziarna na warunki środowiskowe w miejscowościach

Fig. 2. A dendrogram, produced by Ward's method of cluster analysis, for genotypic profiles of the estimates of the GL interaction effects showing winter wheat cultivars in groups that have similar patterns of grain-yield response to environmental conditions in locations

Badane odmiany podzielono na 5 grup jednorodnych pod względem ich kształtu reakcji plonu na środowiska w miejscowościach. Średnie grupowe efektów interakcji, obliczone przy uwzględnieniu podziału genotypów na 5 grup zachowują (wyjaśniają) 69,4% całkowitej zmienności (sumy kwadratów) ocen AMMI(4) efektów interakcji GL, zaś w obrębie grup pozostaje 30,6% całkowitej zmienności tych ocen efektów interakcji GL. Kierując się wskazaniem i przykładem innych autorów (Casler i van Santen, 2000; de la Vega i in., 2001; Putto i in., 2008; Sipaseuth Basnayake i in., 2009), uznano, że wydzielenie 5 grup odmian, wyjaśniających około 70% całkowitej sumy kwadratów ocen AMMI(4) efektów interakcji GL, jest dobrym kompromisem między minimalizacją liczby grup jednorodnych oraz ich zwięzłości pod względem podobieństwa kształtu reakcji plonu odmian na środowiska.

Grupowanie genotypów podobnych pod względem funkcji reakcji plonu na środowiska, czyli rodzaju zdolności adaptacyjnej. Grupy odmian o podobnych profilach efektów interakcji GL dla plonu ziarna (o podobnych kształtach reakcji plonu na środowiska w

miejscowościach) nie muszą być jednorodne pod względem genotypowych efektów głównych (średnich genotypowych plonu). Wynika stąd, że odmiany w danej grupie G1-G5 mogą być istotnie zróżnicowane pod względem średnich genotypowych plonu. O funkcji reakcji plonu danej odmiany na środowiska decyduje zarówno kształt reakcji plonu na środowiska (genotypowy profil efektów interakcji GL), jak i średnia genotypowa. Zatem, w obrębie każdej jednorodnej grupy odmian G1-G5, wydzielono podgrupy odmian jednorodnych pod względem średnich genotypowych dla plonu. Można więc uznać, że odmiany w każdej takiej podgrupie jednorodnej mają podobne (nieistotnie zróżnicowane) funkcje reakcji plonu na środowiska w miejscowościach.

Do podziału średnich genotypowych odmian w obrębie każdej grupy G1-G5 na rozłączne podgrupy jednorodne zastosowano metodę niehierarchicznej analizy skupień, opracowaną przez Calińskiego i Corstena (1985). Wymaga ona oceny średniego kwadratu dla błędu doświadczalnego. Chociaż w niniejszych badaniach nie dysponowano taką oceną, zastosowano wymienioną metodę, stosując kryterium intuicyjne dla określenia takich podgrup.

Dla każdej możliwej liczby podgrup odmian l w danej grupie G1-G5, o wartościach od 1 do liczby odmian w tej grupie, wyznaczono optymalny podział na l takich podgrup, aby zmienność wewnątrzgrupowa dla średnich genotypowych (suma kwadratów odchyleń średnich plonu odmian od średnich podgrup) była najmniejsza (spośród wszystkich możliwych podziałów na l podgrup). Wtedy zmienność międzygrupowa opisywana przez średnie podgrup odmian jest możliwie największa (dla podziałów na l podgrup) zaś podgrupy odmian są najbardziej jednorodne pod względem średniej genotypowej. Dla każdej możliwej liczby podgrup w obrębie danej grupy odmian G1-G5 wyznaczono sumy kwadratów, średnie kwadraty odchyleń oraz odchylenia standardowe wewnątrz podgrup dla średnich genotypowych plonu. Te parametry są miarami zmienności średnich genotypowych w obrębie podgrup. Im mniejsza jest wartość każdego z tych parametrów dla danej liczby podgrup, tym większy jest stopień jednorodności średnich genotypowych w obrębie tych podgrup. Wewnątrzgrupowe odchylenie standardowe średnich genotypowych dla danej liczby podgrup informuje o dokładności przybliżenia tych średnich dla poszczególnych odmian w podgrupach przez średnie podgrup. Uznano, że takie odchylenie standardowe może być podstawą wyznaczenia liczby podgrup odmian jednorodnych pod względem średniej plonu. W obrębie każdej grupy odmian G1-G5 wydzielono taką liczbę podgrup jednorodnych, dla których wewnątrzgrupowe odchylenie standardowe średnich genotypowych było bliskie $1 \text{ dt} \cdot \text{ha}^{-1}$ lub mniejsze. Oznacza to, że średnie genotypowe plonu ziarna w wydzielonych podgrupach różnią się przeciętnie od średnich dla podgrup o około $1 \text{ dt} \cdot \text{ha}^{-1}$ (ok. 1,3% średniej ogólnej dla badanych odmian), czyli na tyle mało, że intuicyjnie uznano tę zmienność wewnątrzgrupową średnich genotypowych za rezultat zmienności losowej efektów interakcji GLY. Wyniki postępowania przy podziale średnich odmianowych dla plonu na różną liczbę rozłącznych podgrup jednorodnych w obrębie każdej grupy odmian G1-G5, za pomocą niehierarchicznej analizy skupień (Caliński i Corsten, 1985), przedstawiono w tabeli 4.

Tabela 4

Miary zmienności średnich genotypowych (odmianowych) plonu ziarna pszenicy ozimej w obrębie wydzielanych podgrup jednorodnych za pomocą niehierarchicznej analizy skupień Calińskiego i Corstena (1985)

Measures of variation in genotypic (cultivar-specific) means for winter wheat grain yield within homogeneous subgroups distinguished with the Caliński and Corsten's (1985) non-hierarchical cluster analysis

Liczba podgrup Number of subgroups	Suma kwadratów odchyłeń w obrębie podgrup odmian Sum of squares within subgroups of cultivars	Średni kwadrat odchyłeń w obrębie podgrup odmian a Mean squares within subgroups of cultivars a	Odchylenie standardowe w obrębie podgrup odmian b Standard deviation within subgroups of cultivars b
grupa G1			
1	14,970	2,994	1,730
2 c	4,857	0,971	0,986
3	0,312	0,062	0,250
4	0,027	0,005	0,073
5	0,000	0,000	0,000
grupa G2			
1	152,450	21,779	4,667
2	34,959	4,994	2,235
3	14,501	2,072	1,439
4 c	2,211	0,316	0,562
5	0,179	0,026	0,160
6	0,036	0,005	0,072
7	0,000	0,000	0,000
grupa G3			
1 c	3,426	1,142	1,069
2	0,746	0,249	0,499
3	0,000	0,000	0,000
grupa G4			
1	30,557	6,111	2,472
2 c	3,206	0,641	0,801
3	0,961	0,192	0,439
4	0,100	0,020	0,142
5	0,000	0,000	0,000

^a Iloraz sumy kwadratów odchyłeń w obrębie danej grupy odmian G1-G5 i liczebności grupy

^a Ratio of the sum of square deviations within a given group of cultivars, G1-G5, and the size of the group

^b Pierwiastek kwadratowy ze średniego kwadratu odchyłeń w obrębie grup odmian

^b Square root of the mean square deviations within the groups of cultivars

^c Pogrubioną czcionką podano wyniki dla liczby wydzielonych podgrup odmian jednorodnych pod względem średnich genotypowych plonu

^c Figures in bold are the results for the number of separated subgroups of cultivars homogeneous in terms of the genotypic means of yield

Wydzielone jednorodne podgrupy odmian i ich średnie plonu przedstawiono w tabeli 5. Każda podgrupa odmian jednorodnych pod względem średnich plonu jest grupą jednorodną pod względem funkcji reakcji plonu odmian na warunki środowiskowe w miejscowościach, czyli rodzaju zdolności adaptacyjnej do tych środowisk.

Tabela 5

Średnie genotypowe plonu ziarna dla badanych odmian pszenicy ozimej oraz jednorodnych podgrup tych odmian w obrębie każdej grupy G1-G5

Grain-yield genotypic means for the studied winter wheat cultivars and homogeneous subgroups of these cultivars within each of the G1-G5 groups

Grupa odmian G1-G5 Group of cultivars	Podgrupa odmian ^a Subgroup of cultivars ^a	Odmiana Cultivar	Średnia genotypowa plonu Grain-yield genotypic mean	Średni plon dla odmian w podgrupie ^b Mean yield for cultivars in subgroup ^b
G1	1A	AND166	81,16	77,61
	1B	STH8659	78,56	
	1B	Elena	78,33	
	1B	Almari	77,79	
	1B	Emika	75,76	
G2	2A	SZD383	85,03	84,76
	2A	STH321	84,49	
	2B	Kobra	82,52	81,35
	2B	DAD619	80,90	
	2B	CHD349	80,64	
	2C	POB8894/91	76,71	76,71
G3	2D	Begra	70,58	70,58
	3A	DED315/89	82,00	80,72
	3A	KOC2769/87	80,78	
	3A	CHD463	79,38	
G4	4A	POB654/95	86,31	85,71
	4A	MOB2355/97	85,87	
	4A	Tonacja	84,95	
	4B	POB858/94	82,00	80,94
	4B	Korweta	79,88	
G5	5A	Parada	73,98	73,98

^a Odmiany zaliczone do podgrupy jednorodnej ze względu na średnie genotypowe plonu w obrębie danej grupy G1-G5 są oznaczone numerem grupy oraz tą samą literą

^a Cultivars that are in the same homogeneous subgroup because of the grain-yield genotypic means within a given group, G1-G5, are denoted by the group number and the same letter

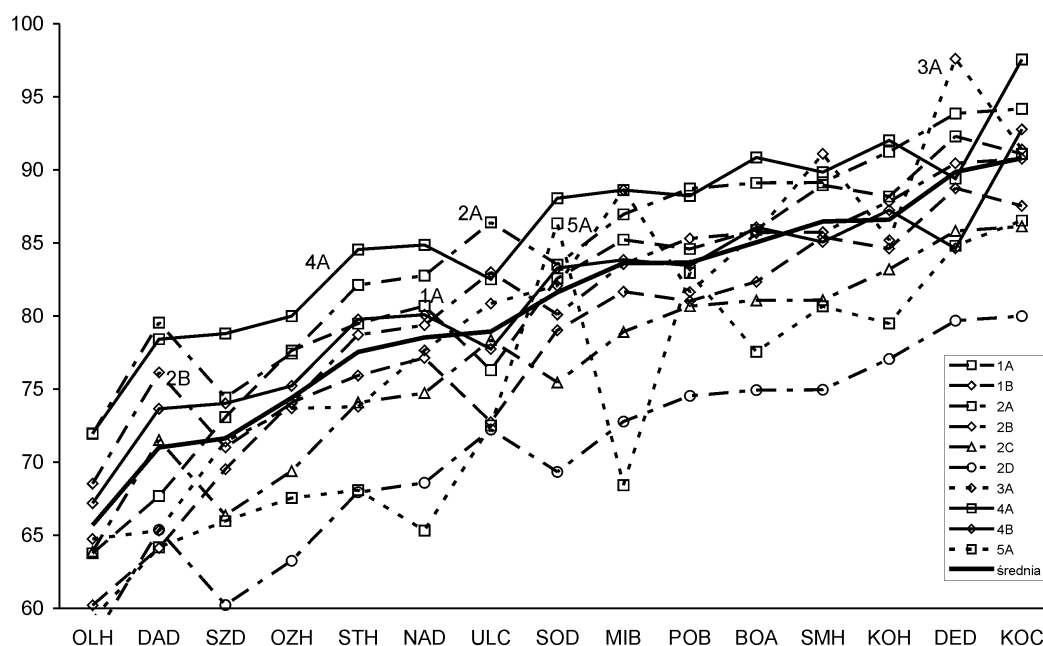
^b Średni plon odmian zaliczonych do podgrupy jednorodnej ze względu na średnie genotypowe plonu w obrębie danej grupy G1-G5

^b Mean yield of the cultivars that are in the same homogeneous subgroup because of the grain-yield genotypic means within a given group, G1-G5

Interpretacja rodzajów reakcji plonu jednorodnych podgrup odmian na środowiska w miejscowościach, czyli rodzajów zdolności ich przystosowania do zmiennych środowisk. Na wykresie 3 przedstawiono empiryczne funkcje reakcji plonu ziarna jednorodnych podgrup odmian pszenicy ozimej (podanych w tabeli 5) na warunki środowiskowe w badanych miejscowościach. Funkcja środowiskowej reakcji plonu każdej podgrupy odmian, oznaczona odpowiednim symbolem wziętym z tabeli 5, została określona przez przyporządkowanie poszczególnym miejscowościom średnich plonów odmian w danej podgrupie. Średnie plony genotypów w danej podgrupie w określonym środowisku zostały obliczone za pomocą sumy ocen średniej ogólnej, efektu głównego miejscowości, średniej efektów głównych dla odmian w podgrupie oraz średniej efektów interakcji GL odmian w podgrupie i danej miejscowości. Miejscowości na osi poziomej zostały ułożone w kolejności rosnących średnich środowiskowych plonu (Hausmann i in., 2000; Sivapalan i

in., 2000; Bänziger i Cooper, 2001; de la Vega i in., 2001; Samonte i in., 2005; Zhang i in., 2006 a, b; Sipaseuth Basnayake i in., 2009). Linia ciągłą na rysunku 3 przedstawiono średnią reakcję plonu wszystkich odmian na warunki środowiskowe w miejscowościach. Linia ta powstała przez przyporządkowanie miejscowościom średnich środowiskowych plonu (średnich plonu wszystkich badanych odmian w miejscowości).

Poniżej przedstawiono charakterystykę różnych rodzajów środowiskowej reakcji plonowania wydzielonych podgrup odmian w podanych na rysunku 3, czyli rodzajów ich zdolności adaptacji do zmiennych środowisk.



Rys. 3. Reakcja plonu jednorodnych podgrup odmian pszenicy ozimej na warunki środowiskowe w badanych miejscowościach

Fig. 3. Yield response of homogeneous subgroups of winter wheat cultivars to environmental conditions in the locations studied

Odmiany o szerokiej adaptacji do różnych warunków środowiskowych w miejscowościach. Na podstawie rysunku 3 można stwierdzić, które podgrupy odmian wykazały się szeroką adaptacją do zmiennych warunków środowiskowych w przestrzeni rolniczej kraju. Zgodnie z ideologią przyjmowaną w hodowli roślin (Allard i Bradshaw, 1964; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Trethowan i in., 2002; Fufa i in., 2005; Samonte i in., 2005; Sharma i in., 2007; Rodriguez i in., 2008), odmianami o szerokiej adaptacji są nazywane te obiekty, które plonują przeciętnie w latach powyżej średniej środowiskowej (średniej dla miejscowości) w znaczącej większości miejscowości w danym rejonie uprawy, reprezentowanym przez badane stacje doświadczalne. O stopniu szerokiej

adaptacji odmiany decyduje zarówno częstość (prawdopodobieństwo) jej plonowania powyżej średniej środowiskowej, jak i wielkość tej przewagi plonu.

Szeroką adaptację wykazały odmiany zaliczone do podgrup z najwyższymi średnimi plonami w obrębie grup G1, G2 i G4, w których znajdują się odmiany plonujące umiarkowanie stabilnie (rys. 3). Odmiany w podgrupie 4A (POB654/95, MOB2355/97 i Tonacja), wyhodowane w roku 2001 i 2004, plonowały powyżej średniej środowiskowej w 14 spośród 15 badanych miejscowości. Ich plon był najwyższy (lub równy z innymi podgrupami odmian) w 10 z 15 miejscowości, wyraźniej przeważając nad innymi odmianami w miejscowościach o niskim potencjale plonowania. Zatem podgrupa 4A zawiera odmiany o wysokim stopniu szerokiej adaptacji, które mogą być zalecane do różnorodnych środowisk w przestrzeni rolniczej Polski, reprezentowanej przez stacje doświadczalne (z wyłączeniem obszaru Polski północno-zachodniej i północno-wschodniej).

Odmiany w podgrupie 2A (SZD383 i STH321), wyhodowane w roku 2002 i 2003, plonowały w każdej miejscowości powyżej średniej środowiskowej, zaś najwyższej w 4 środowiskach, przy czym często były na drugim miejscu (8 razy), niewiele ustępując odmianom w grupie najwyższej plonujących w danej miejscowości. Odmiany w podgrupie 2A wyróżniają się również wysokim stopniem szerokiej adaptacji.

Odmiana w jednoelementowej grupie 1A, wyhodowana w roku 1994, plonowała w 12 miejscowościach powyżej średniej środowiskowej, ale jej przewaga była znacznie mniejsza, niż dla odmian z podgrup 4A i 2A. Poniżej średniej środowiskowej plonowała ona w miejscowościach OLH, DAD (miejscowości o najniższym potencjale plonowania) i ULC (miejscowość o przeciętnym potencjale plonowania), które są położone na podobnej szerokości geograficznej w południowym pasie Polski i na różnej długości geograficznej (zbliżoną szerokość geograficzną ma miejscowość KOC, w której średni plon tego genotypu nieznacznie tylko przekroczył średnią środowiskową).

Odmiany z podgrupy 4B (POB858/94 i Korweta), wyhodowane w roku 1997 i 2000, plonowały powyżej średniej środowiskowej w 11 miejscowościach z przewagą podobną jak dla rodu AND166 z grupy 1A. Tylko w miejscowości DED średni plon tej podgrupy odmian okazał się znacząco niższy od średniej środowiskowej (różnica wyniosła 5,26 dt·ha⁻¹). Zatem można uznać, że odmiany w podgrupach 1A i 4B są obiektami o podobnym stopniu szerokiej adaptacji.

Również odmiany z podgrupy 2B (DAD619, CHD349 i Kobra), wyhodowane w roku 1992 i 2002, plonowały powyżej średniej środowiskowej w 9 z 15 miejscowości, plonując w 4 miejscowościach tuż poniżej średniej środowiskowej (różnica nie przekraczała 0,7 dt·ha⁻¹). Dlatego odmiany z podgrupy 2B uznano za posiadające stosunkowo mniejszy stopień szerokiej adaptacji niż odmiany w podgrupach 1A i 4B.

Odmiany o największym stopniu szerokiej adaptacji, zwłaszcza z podgrup 2A i 4A, mogą być dobrymi wzorcami, które można proponować do serii doświadczeń przedrejestrowych w kolejnych latach testowania odmian (rodów) pszenicy ozimej (Samonte i in., 2005). Wśród tych proponowanych dobrych wzorców znajduje się także nowoczesna odmiana Tonacja z 2001 roku.

Odmiany o wąskiej adaptacji. Rysunek 3 jest także źródłem informacji o wąskiej (specyficznej) adaptacji niektórych odmian. Odmiany z podgrupy 3A (DED315/89, KOC2769/87 i CHD463), wyhodowane w latach 1993–1996, plonowały powyżej średniej środowiskowej w pięciu miejscowościach o wysokim i przeciętnie wysokim średnim plonie, zaś najwyżej tylko w trzech miejscowościach o wysokim średnim plonie. W warunkach mniej urodzajnych odmiany te plonowały poniżej średniej środowiskowej. Można je określić jako odmiany intensywne, czyli przystosowane relatywnie lepiej do bardziej urodzajnych warunków środowiskowych (głównie glebowych). Ich duża niestabilność plonowania i przez to mała przewidywalność sprawia, że są to odmiany zalecane tylko do specyficznych środowisk (o warunkach podobnych jak w miejscowościach DED, SMH czy MIB), w których ich przewaga plonowania nad średnią środowiskową była bardzo znacząca.

Odmiany relatywnie źle przystosowane do badanych warunków Polski. Przykładem odmian relatywnie źle przystosowanych do warunków Polski reprezentowanych przez rozpatrywane stacje doświadczane jest odmiana Begra z podgrupy 2D, wyhodowana w 1982 roku. Plonowała ona najslabiej prawie we wszystkich miejscowościach, zawsze znacząco poniżej średnich środowiskowych rozpatrywanych miejscowości. Także odmiana testowana POB8894/91 z podgrupy 2C, wyhodowana w 1999 roku, plonowała wyraźnie poniżej średnich środowiskowych w każdej miejscowości (tylko w miejscowości DAD przekroczyła nieznacznie średnią środowiskową), choć wyżej niż Begra.

Odmiany z podgrupy 1B (Elena, Almari, Emika wyhodowane w latach 1985–1995 oraz STH8659 wyhodowana w roku 1997) plonowały stabilnie, ale poniżej (stosunkowo niewiele) średniej środowiskowej w każdej miejscowości.

Odmiana Parada (jednoelementowa grupa 5A) wykazała relatywnie wysoki plon tylko w miejscowości SOD, niższy jednak od średniego plonu podgrupy genotypów o szerokiej adaptacji 4A, natomiast w pozostałych miejscowościach plonowała znacząco poniżej ich średnich.

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

Podsumowując wyniki badań nad reakcją plonu rozpatrywanych odmian pszenicy ozimej na zmienne warunki środowiskowe w szerokiej skali przestrzennej i czasowej, stwierdzono, że wszystkie odmiany nowoczesne, wyhodowane w Polsce w latach 2000–2004, odznaczają się szeroką adaptacją (dużym stopniem szerokiej adaptacji). Takiej własności rolniczej nie stwierdzono u odmian starych i pośrednich wiekowo, z wyjątkiem odmiany AND166, wyhodowanej w roku 1994. Większość starych i pośrednich wiekowo odmian była relatywnie źle przystosowana do badanych warunków środowiskowych w przestrzeni kraju, na co wykazuje ich względnie (w stosunku do innych badanych odmian) niskie lub bardzo niskie plonowanie we wszystkich stacjach doświadczalnych. Oznacza to, że nowoczesne polskie odmiany pszenicy ozimej są bardziej produktywne (plonujące) od starych odmian nie tylko w urodzajnych warunkach, ale też mniej sprzyjających. Podobne własności mają także niektóre nowe odmiany pszenicy wyhodowane w krajach europejskich i innych (Austin, 1999; Brancourt-Hulmel i in., 2003; Fufa i in., 2005).

Uzyskane wyniki badań są świadectwem osiągniętego postępu genetycznego w Polsce pod względem średniego plonowania odmian pszenicy ozimej w warunkach krajowych i stabilności plonowania w okresie 23 lat (1982–2004), co zadecydowało o poprawie stopnia szerokiej adaptacji nowych odmian, podobnie jak to się stało w innych krajach na świecie (Trethowan i in., 2002; Brancourt-Hulmel i in., 2003; Fufa i in., 2005; Sharma i in., 2007).

Metoda łącznej analizy AMMI i skupień, z jej modyfikacjami i uzupełnieniami specyficznymi dla danych niekompletnych, zastosowana na danych z niekompletnej wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą okazała się efektywna do badania rodzajów średniej wieloletniej reakcji plonu odmian na warunki środowiskowe w miejscowościach, rozlokowanych na większości obszaru Polski. Przez to, zastosowana metodyka statystyczna pozwoliła określić różne rodzaje wspomnianej środowiskowej reakcji plonu odmian, opisujące rodzaje ich adaptacji w przestrzeni kraju.

LITERATURA

- Alagarswamy G., Chandra S. 1998. Pattern analysis of international sorghum multi-environment trials for grain-yield adaptation. *Theor. Appl. Genet.* 96: 397 — 405.
- Allard R. W., Bradshaw A. D. 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Sci.* 4: 503 — 508.
- Annicchiarico P. 1997 a. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype location interaction in variety trials repeated over years. *Theor. Appl. Genet.* 94: 1072 — 1077.
- Annicchiarico P. 1997 b. Joint regression vs. AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica* 94: 53 — 62.
- Annicchiarico P. 2002 a. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmers'. 165–183. W Kang M.S. (Ed.) *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*. CABI, Wallingford, UK.
- Annicchiarico P. 2002 b. Genotype-environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. *FAO Plant Production and Protection Paper No. 174*. Food and Agriculture Organization, Rome.
- Annicchiarico P., Perenzin M. 1994. Adaptation Patterns and Definition of Macro-environments for Selection and Recommendation of Common-wheat Genotypes in Italy. *Plant Breeding* 113: 197 — 205.
- Austin R. B. 1999. Yield of wheat in the United Kingdom: recent advances and prospects. *Crop Sci.* 39: 1604 — 610.
- Bänziger M., Cooper M. 2001. Breeding for low input conditions and consequences for participatory plant breeding: Examples from tropical maize and wheat. *Euphytica* 122: 503 — 519.
- Benesi I. R. M., Labuschagne M. T., Herselman L., Mahungu N. M., Saka J. K. 2008. The effect of genotype, location and season on cassava starch extraction. *Euphytica* 160: 59 — 74.
- Brancourt-Hulmel M., Doussinault G., Lecomte C., Bérard P., Le Buanec B., Trottet M. 2003. Genetic improvement of agronomic traits of winter wheat cultivars released in France from 1946 to 1992. *Crop Sci.* 43:37 — 45.
- Caliński T., Corsten L. C. A. 1985. Clustering Means in ANOVA by Simultaneous Testing. *Biometrics* 41: 39 — 48.
- Caliński T., Czajka S., Denis J. B., Kaczmarek Z. 1992. EM and ALS algorithms applied to estimation of missing data in series of variety trials. *Biul. Oceny Odmian* 24–25: 7 — 31.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oceny Odmian* 17–18: 7 — 33.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oceny Odmian* 17 — 18:35 — 71.

- Carr P. M., Kandel H. J., Porter P. M., Horsley R. D., Zwinger S. F. 2006. Wheat cultivar performance on certified organic fields in Minnesota and North Dakota. *Crop Sci.* 46: 1963 — 1971.
- Casler M.D., van Santen E. 2000. Patterns of variation in a collection of meadow fescue accessions. *Crop Sci.* 40: 248 — 255.
- Charakterystyka i technologia uprawy odmian pszenicy ozimej. 2003. IHAR Radzików.
- Chauhan Y. S., Wallace D. H., Johansen C., Singh L. 1998. Genotype-by-environment interaction effect on yield and its physiological bases in short-duration pigeonpea. *Field Crops Research* 59: 141 — 150.
- Cornelius P. L. 1993. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. *Crop Sci.* 33: 1186 — 1193.
- Cornelius P. L., Crossa J., Seyedsadr M. 1996 Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. W Kang M. S., Gauch H. G. (Eds.), *Genotype by Environment Interaction*. CRC Press, Boca Raton: 199 — 234.
- DeLacy, I. H., K. E. Basford, M. Cooper J. K., Bull C.G., McLaren. 1996 a. Analysis of multi-environment trials — an historical perspective. In M. Cooper and G. L. Hammer (ed.) *Plant adaptation and crop improvement*. CAB International. Wallingford, UK: 39 — 124.
- DeLacy, I. H., K. E. Basford, M. Cooper, Fox P.N. 1996 b. Retrospective analysis of historical data sets from multi-environment trials—theoretical development. In: M. Cooper and G.L. Hammer (ed.) *Plant adaptation and crop improvement*. CAB International. Wallingford, UK: 243 — 267.
- de la Vega A. J., Chapman S.C., Hall A. J. 2001. Genotype by environment interaction and indirect selection for yield in sunflower I. Two-mode pattern analysis of oil and biomass yield across environments in Argentina. *Field Crops Res.* 72: 17 — 38.
- de la Vega A.J., DeLacy I.H., Chapman S.C. 2007a. Changes in agronomic traits of sunflower hybrids over 20 years of breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100:73 — 81.
- de la Vega A.J., DeLacy I.H., Chapman S.C. 2007b. Progress over 20 years of sunflower breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100:61 — 72.
- De Vita P., Li Destri O., Nigro F., Platani C., Riefolo C., Di Fonzo N., Cattivelli L. 2007. Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. *Europ. J. Agronomy* 26: 39 — 53.
- Donmez E., Sears R. G., Shroyer J. P., Paulsen G. M. 2001. Genetic gain in yield attributes of winter wheat in the Great Plains. *Crop Sci.* 41: 1412 — 1419.
- Elandt R. 1964. *Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczalnictwa rolniczego*. PWN, Warszawa.
- Fufa H., Baenziger P.S., Beecher B. S., Graybosch R. A., Eskridge K. M., Nelson L. A. 2005. Genetic improvement trends in agronomic performances and end-use quality characteristics among hard red winter wheat cultivars in Nebraska. *Euphytica* 144:187 — 198.
- Gauch H. G. 1992. *Statistical analysis of regional yield trials. AMMI analysis of factorial designs*. Elsevier Science, New York.
- Gauch H. G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46:1488 — 1500.
- Gauch H. G., Piepho H. P., Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Sci.* 48: 866 — 889.
- GenStat. 2002. *The guide to Genstat. Release 6.1*. VSN International. Oxford, UK.
- Giunta F., Motzo R. Pruneddu G. 2007. Trends since 1900 in the yield potential of Italian-bred durum wheat cultivars. *Europ. J. Agron.* 27: 12 — 4.
- Gollob H. 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33:73 — 115.
- Hausmann B. I. G., Obilana A. B., Ayiecho P. O., Blum A., Schipprack W., Geiger H. H. 2000. Yield and yield stability of four population types of grain sorghum in a semi-arid area of Kenya. *Crop Sci.* 40: 319 — 329.
- Kaya Y., Akcura M., Ayranci R., Taner S. 2006. Pattern analysis of multi-environment trials in bread wheat. *Commun. Biometry and Crop Sci.* 1:63 — 71.
- Lopez-Pereira M.L., Sadras V.O., Trapani, N. 1999. Genetic improvement of sunflower in Argentina between 1930 and 1995. I. Yield and its components. *Field Crops Res.* 62: 57 — 166.

- Mądry W., Talbot M., Ukalski K., Drzazga T., Iwańska M. 2006. Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej. Biul. IHAR 240/241: 13 — 31.
- McLaren C. G. 1996. Methods of data standardization used in pattern analysis and AMMI models for the analysis of international multi-environment variety trials. In: Cooper M., Hammer G. L., Eds. Plant adaptation and crop improvement. Wilingford, UK, CAB International: 225 — 242.
- Munoz P., Voltas J., Araus J. L., Igartua E., Romagosa I. 1998. Changes over time in the adaptation of barley releases in north-eastern Spain. Plant Breeding 117: 531 — 535.
- Patterson H. D. 1997. Analysis of series of variety trials. In R.A. Kempton, P.N. Fox (ed.) Statistical methods for plant variety evaluation. Chapman and Hall, London: 139 — 161.
- Patterson H. D., Thompson R. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. Biometrika 58: 545 — 554.
- Piepho, H. P., Möhring J. 2005. Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. Crop Sci. 45: 1151 — 1159.
- Piepho, H. P., Möhring J. 2006. Selection in cultivar trials — is it ignorable? Crop Sci. 46:192 — 201.
- Putto C., Patanothai A., Jogloy S., Pannangpetch K., Boote K. J., Hoogenboom G. 2008. Determination of efficient test sites for evaluation of peanut breeding lines using the CSM-CROPGRO-peanut model. Field Crops Research.
- R Development Core Team. 2007. R: A language and environment for statistical computing. R: Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- Rodriguez M., Rau D., Papa R., Attene G. 2008. Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.): different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. Euphytica (w druku, Online 1573–5060).
- Samonte S.O., Wilson L.T., McClung A.M., Medley J.C. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. Crop Sci. 45: 2414 — 2424.
- SAS Institute. 2001. SAS system for Windows. v. 8.2. SAS Inst., Cary, NC.
- Searle S. R. 1987. Linear models for unbalanced data. J. Wiley & Sons, New York.
- Searle S. R., Casella G., McCulloch C.E. 1992. Variance components. Wiley, New York.
- Sharma R. C., Ortiz-Ferrera G., Crossa J., Bhatta M. R., Sufian M. A., Shoran J., Joshi A. K., Chand R. Singh G., Ortiz R. 2007. Wheat grain yield and stability assessed through regional trials in the Eastern Gangetic Plains of South Asia. Euphytica 157: 457 — 464.
- Sipaseuth Basnayake J., Fukai S., Inthapanya P., Changphengxay M. 2009. Consistency of genotypic performance of lowland rice in wet and dry season in Lao PDR. Field Crops Research 111: 47 — 54.
- Sivapalan S., O'Brien L., Ortiz-Ferrera G., Hollamby G. J., Barclay I., Martin P. J. 2000. An adaptation analysis of Australian and CIMMYT/ICARDA wheat germplasm in Australian production environments. Aust. J. Agric. Res. 51: 903 — 915.
- Slafer G. A., Satorre E. H., Andrade F. H. 1993. Increases in grain yield in wheat from breeding and associated physiological changes. In: Slafer, G. A. (Ed.). Genetic Improvement of Field Crops. Marcel Dekker, New York: 1 — 68.
- Smith A. B., Cullis B. R., Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. J. Agr. Sci. Cam. 143: 449 — 462.
- Tinker N. A., Yan W. 2006. Information systems for crop performance data. Can. J. Plant Sci. 86: 647 — 662.
- Tollenaar M., Lee E. A. 2002. Yield potential yield, yield stability and stress tolerance in maize. Field Crops Research 75: 161 — 170.
- Trethowan R. M., van Ginkel M., Rajaram S. 2002. Progress in breeding wheat for yield and adaptation in global drought affected environments. Crop Sci. 42: 1441 — 1446.
- van Eeuwijk F. A. 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. Euphytica 84: 1 — 7.
- Voltas J., Romagosa I., Lafarga A., Armesto A.P., Sombrero A., Araus J. L. 1999. Genotype by environment interaction for grain yield and carbon isotope discrimination of barley in Mediterranean Spain. Australian Journal of Agricultural Research 50: 1263 — 1271.

- Zhang Y., He Z., Zhang A., van Ginkel M., Ye G. 2006 a. Pattern analysis on grain yield of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars grown in China and CIMMYT. *Euphytica* 147: 409 — 420.
- Zhang Y., He Z., Zhang A., van Ginkel M., Pena R. J., Ye G. 2006 b. Pattern analysis on protein properties of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars sown in China and CIMMYT. *Australian Journal of Agricultural Research* 57: 811 — 822.
- Zobel R. W., Wright M. J., Gauch H. G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80: 388 — 393.

HANNA SZAJSNERKatedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Ocena efektu stymulacji laserowej nasion pszenicy w zależności od ich wilgotności*

Estimation of laser stimulation effect on wheat seedlings depending on grain moisture

Materiał do badań stanowiły dwie odmiany pszenicy: Kobra — forma ozima, i Olimpia — forma jara. Doświadczenie dwuczynnikowe laboratoryjne prowadzono na wałkach Künzla w kabinie kiełkowniczej. Celem pracy była ocena cech morfologicznych: długości korzeni zarodkowych, koleoptyli i pierwszego liścia siewek uzyskanych z poszczególnych wariantów. Pierwszy czynnik stanowiły zróżnicowane dawki światła lasera półprzewodnikowego, drugim były czasy pęcznienia ziarniaków, oceniano również interakcję dawka $\times$ długość imbibicji. Otrzymane wyniki poddano analizie statystycznej. Bardziej podatną formą na zastosowane czynniki okazała się pszenica ozima Kobra niż forma jara Olimpia. Na uzyskane efekty stymulacji cech morfologicznych siewek, istotny wpływ wywarły zarówno dawka światła laserowego jak i długość imbibicji.

Słowa kluczowe: cechy morfologiczne siewek, pszenica jara, pszenica ozima, światło laserowe

Seeds of two cultivars of common wheat were subjected to four doses of semiconductor laser light after imbibition lasting 0, 30, 60, 90 or 120 min. Lengths of radicle, coleoptile and first leaf were measured as the variables. Significant effects on length of the seedling organs were found for cultivars, laser radiation doses and the imbibition times, as well as for interactions between the studied factors. The winter cultivar Kobra proved to be more susceptible to the treatments than the spring cultivar Olimpia.

Key words: laser light, seedling morphology, spring wheat, winter wheat

WSTĘP

Nieliczne dojrzałe nasiona są zdolne do kiełkowania bezpośrednio po zbiorach. Jedną z przyczyn spoczynku nasion, obok światła, temperatury i inhibitorów jest zmniejszenie zawartości wody poniżej 10% s.m., co ma miejsce podczas końcowych etapów dojrzewania. Spoczynek względny, przyczyną którego było niewystarczające uwodnienie ustępuje w czasie imbibicji nasienia (Kopcewicz i Lewak, 2002). Istotny wpływ na kiełkowanie i wschody oraz wzrost i rozwój roślin ma zwiększenie uwilgotnienia nasion przed ich

* Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2005–2008 jako projekt badawczy nr 2PO6R 062 29

wysiewem. Proces kiełkowania związany jest z pobieraniem wody przez nasiona, które wchłaniając wodę pęcznieją, a uwodnienie łupiny nasiennej zwiększa jej zdolność przepuszczania tlenu niezbędnego do oddychania zarodka. Jednocześnie uwodnienie protoplastów komórek nasienia powoduje aktywację układów enzymatycznych, która umożliwia wykształcenie się korzonka zarodkowego (Pietruszewski, 1999). Podczas hydratacyjnego kondycjonowania nasion następuje indukcja wczesnych etapów kiełkowania. Nasiona poddane wstępnej hydratacji na ogół szybciej i równomierniej kiełkują (Górecki i Grzesiuk, 1994). Efektem pobudzania nasion rzepaku, pszenicy ozimej i jęczmienia jarego, polegającego na ich kontrolowanym uwodnieniu jest skrócenie czasu kiełkowania i przyspieszenie wschodów roślin (Podlaski, 1992, 1994).

Światło laserowe, jedna z metod uszlachetniania nasion, jest czynnikiem fizycznym, który nie powoduje niekorzystnych zmian w środowisku przyrodniczym (Pabis, 2000). Stwierdzono, że promieniowanie laserowe ma korzystny wpływ na jakość materiału siewnego i cechy siewek, przyspieszając kiełkowanie nasion i wczesne fazy rozwojowe roślin (Dziamba i Koper, 1992; Drozd i Szajsner, 1999; Szajsner, 2003).

Nasiona zbyt wysuszone są niewrażliwe na działanie światła lub ich wrażliwość jest bardzo mała. Podczas pęcznienia wrażliwość ta wzrasta, osiąga maksimum i ponownie słabnie (cyt. za Grzesiuk, 1967).

Celem pracy była ocena wpływu różnego uwilgotnienia ziarniaków pszenicy na ujawnienie się efektu przedsięwziętej biostymulacji laserowej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiła pszenica ozima odmiany Kobra o wartości technologicznej klasy B — chlebowa oraz pszenica jara odmiany Olimpia — grupa jakościowa A. Doświadczenia laboratoryjne dwuczynnikowe założono metodą serii niezależnych w trzech powtórzeniach stosując wałki Künzla, jeden wałek stanowił jedno powtórzenie. Wałki zostały umieszczone w komorze kiełkowniczej, w stałej temperaturze i wilgotności. Po 12 dniach oceniano cechy morfologiczne: długość korzeni zarodkowych, koleoptyli i pierwszego liścia otrzymanych siewek. Pierwszym czynnikiem doświadczenia były dawki promieniowania lasera półprzewodnikowego o mocy 200 mW, a drugim czasy pęcznienia nasion. Zastosowano cztery zróżnicowane dawki (jedno — D_1 , trzy — D_3 , pięć — D_5 i siedmiokrotne — D_7 naświetlanie dawką podstawową) oraz wariant kontrolny (bez naświetlania). Czas imbibicji — pęcznienia, czyli intensywnego pobieranie wody przez koloidy nasienia rośliny w pierwszej fazie kiełkowania, co prowadzi do zwiększenia jego świeżej masy i objętości (proces fizyczny, bez udziału enzymów) wynosił t_1 - 30, t_2 - 60, t_3 - 90 i t_4 - 120 minut oraz wariant kontrolny t_0 — bez moczenia. Otrzymane wyniki, które są średnią z pomiarów cech morfologicznych 30 siewek opracowano statystycznie stosując test F, a w przypadku wystąpienia istotnych różnic test Duncana. W celu wybrania optymalnej kombinacji w stosunku do kontroli zastosowano test t-Studenta.

WYNIKI I DYSKUSJA

Dotychczas w literaturze występują nieliczne prace dotyczące prób połączenia czynników uszlachetniających materiał siewny, jakimi są promieniowanie laserowe i przedsiewne zwiększanie wilgotności nasion. Przeprowadzona analiza wariancji dla długości korzeni zarodkowych pszenicy ozimej odmiany Kobra wykazała istotne zróżnicowanie długości imbibicji oraz ich interakcję z dawkami światła laserowego. W porównaniu z wariantem kontrolnym (t0) długość imbibicji ziarniaków istotnie, stymulująco wpłynęła na korzenie zarodkowe. Grupę o najwyższych wartościach stanowiły długości korzeni otrzymanych po czasie imbibicji ziarniaków przez 60 (t2) i 120 minut (t4) (tab. 1). Interakcja dawek z czasami wykazała przynależność wariantu kontrolnego, dla każdej zastosowanej dawki światła laserowego, do grupy jednorodnej o niższych lub najniższych wartościach. Porównując średnie dla interakcji na poziomie czasów pęcznienia stwierdzono istotne zróżnicowanie tylko dla t0 i t1, przy czym korzenie wytworzone przez nasiona kontrolne, w obu tych wariantach należały do grupy o niższych wartościach tej cechy (tab. 2).

Tabela 1

Grupy jednorodne dla średnich czasów imbibicji nasion — cechy morfologiczne siewek pszenicy ozimej odmiany Kobra
Homogeneous groups for time of grain imbibition — morphological characters of winter wheat cultivar Kobra seedlings

Czas imbibicji nasion- Time of grain imbibition	Długość (mm) – Length (mm)					
	korzeń zarodkowy radicle		koleoptyl coleoptile		pierwszy liść first leaf	
t0	191,1	D	47,5	C	227,9	B
t1	230,6	B C	52,1	B	232,6	A B
t2	247,1	A	59,1	A	237,3	A
t3	221,8	C	51,4	B	235,6	A B
t4	239,1	A B	51,6	B	240,6	A
NIR — LSD	11,5		2,4		7,6	

A, B, C, D — Grupy jednorodne dla cech morfologicznych siewek

A, B, C, D — Homogeneous groups for seedlings morphological characters

Tabela 2

Grupy jednorodne dla długości korzeni zarodkowych pszenicy ozimej odmiany Kobra — interakcja
Homogeneous groups for radicle length of winter wheat cultivar Kobra — interaction

Czas imbibicji nasion Time of grain imbibition	Kontrola Control	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇
t0	161,1 C d	203,7 A B c	184,6 B C c	193,8 A B c	212,5 A b
t1	223,8 B b c	233,1 A a B b	232,7 A a B b	252,3 A a	211,1 B b
t2	244,6 A b	253,9 A a	245,7 A a	246,1 A a	245,4 A a
t3	216,4 A c	220,5 A b c	217,0 A b	218,6 A b c	236,7 A a b
t4	254,8 A a	238,6 A a b	229,7 A a b	238,0 A a b	234,4 A a b
NIR —LSD			25,5		

A,B,C — Grupy jednorodne dla czasów, Homogeneous groups for times

a, b, c — Grupy jednorodne dla dawek, Homogeneous group for doses

Dla pszenicy jarej odmiany Olimpia przeprowadzona analiza wariancji nie wykazała istotnego zróżnicowania dla badanych zmienności. Podobne wyniki otrzymano w pracy nad odmianą pszenicy jarej Helia. Przeprowadzona analiza wariancji dla długości korzeni zarodkowych wykazała istotną interakcję dawek światła lasera z czasami pęcznienia, najwyższy efekt osiągnięto po dwukrotnym naświetlaniu nasion (Szajsner i in., 2004).

Tabela 3

Grupy jednorodne dla długości koleoptyla pszenicy ozimej odmiany Kobra (mm) — interakcja
Homogeneous groups for coleoptile length of winter wheat cultivar Kobra (mm) — interaction

Czas imbibicji nasion Time of grain imbibitiong	Kontrola Control	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇
t0	47,6 A b	47,1 A b	47,1 A b	47,8 A b	47,9 A b
t1	48,7 B b	49,1 B b	50,3 B b	50,9 B b	61,5 A a
t2	49,5 b	D 56,7 a	C 66,2 A a	59,9 a B C	63,1 A a B
t3	50,1 B b	49,4 B b	48,4 B b	49,2 B b	59,6 A a
t4	60,3 A a	48,0 B b	50,2 B b	51,1 B b	48, B b
NIR — LSD	5,4				

A,B,C — Grupy jednorodne dla czasów, Homogeneous groups for the times

a, b, c — Grupy jednorodne dla dawek, Homogeneous groups for the doses

Dla długości koleoptyla zarówno w przypadku odmiany Kobra jak i Olimpia otrzymano istotne zróżnicowanie dawek światła lasera, czasów pęcznienia oraz interakcję (dawka promieniowania × długość imbibicji). U odmiany Kobra istotne wydłużenie koleoptyla otrzymano po zastosowaniu dawki D₇ (56,2mm) w stosunku do kontroli (51,2mm), natomiast odmiana Olimpia zareagowała wydłużeniem koleoptyla po zastosowaniu dawki D₅ (tab. 4). Długości koleoptyli odmiany Kobra, utworzyły trzy grupy jednorodne dla różnych czasów imbibicji, wariant kontrolny (bez moczenia) stanowił trzecią grupę o najniższych wartościach tej cechy (tab. 1). Dla odmiany Olimpia również uzyskano trzy grupy, lecz efekt stymulacji otrzymano tylko po zastosowaniu czasu t3 (tab. 5). Rozpatrując wyniki otrzymane dla interakcji można stwierdzić, że najefektywniejszy okazał się czas pęcznienia nasion t2. Dla każdej dawki z wyjątkiem wariantu kontrolnego, długości koleoptyli otrzymane po jego zastosowaniu należały do grupy o istotnie wyższych wartościach. Porównując średnie na poziomie czasów pęcznienia ziarniaków, można zaobserwować brak wpływu dawek dla czasu t0, dla pozostałych czasów najlepsze wyniki osiągnięto stosując dawkę D₇ (tab. 3). U pszenicy jarej odmiany Olimpia efekt współdziałania czasów pęcznienia ziarniaków z ich naświetlaniem był mniejszy. Istotny wpływ obserwowano tylko dla czasu t2 (stymulacja po D₅ i D₇) i t3 — stymulacja po zastosowaniu dawek D₅ i D₁ (tab. 6). We wcześniejszych badaniach własnych Szajsner (2003) porównując reakcję różnych form pszenicy na biostymulację laserową stwierdziła większą wrażliwość na promienie laserowe pszenicy ozimej niż jarej.

Tabela 4

Grupy jednorodne dla dawek — długość koleoptyli i siewek odmiany pszenicy jarej Olimpia (mm)
Homogeneous groups for the doses — coleoptile and seedlings length of spring wheat Olimpia (mm)

Dawka promieniowania Dose of radiation	Długość (mm) — Length (mm)					
	koleoptyl — coleoptile			pierwszy liść — first leaf		
Kontrola — Control	41,8		B	161,8		B
D ₁	43,0	A	B	160,7		B
D ₃	41,9		B	168,3	A	B
D ₅	44,5	A		171,4	A	
D ₇	43,1	A	B	168,1	A	B
NIR — LSD		1,9			8,7	

A,B,C — Grupy jednorodne dla cech morfologicznych siewek

A,B,C — Homogeneous groups for seedlings morphological characters

Tabela 5

Grupy jednorodne dla średnich czasów imbibicji nasion pszenicy jarej odmiany Olimpia —długość koleoptyla i siewki
Homogeneous groups for time of grain imbibition for the cultivar Olimpia — coleoptile and seedlings length

Czas moczenia nasion Time of grain wetting	Długość (mm) — Length (mm)					
	koleoptyl — coleoptile			pierwszy liść — first leaf		
t0	42,7		B	163,7		B
t1	40,7		B	166,6	A	B
t2	42,7		B	160,5		B
t3	50,1	A		174,7	A	
t4	38,2		C	166,5	A	B
NIR — LSD		1,9			8,7	

A,B,C — Grupy jednorodne dla cech morfologicznych siewek

A,B,C — Homogeneous groups for seedlings morphological characters

Tabela 6

Grupy jednorodne dla długości koleoptyla pszenicy jarej odmiany Olimpia (mm) – interakcja
Homogeneous groups for coleoptile length of spring cultivar Olimpia (mm) – interaction

Czas imbibicji nasion Time of grain imbibition	Kontrola Control	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇
t0	45,5 A a	42,6 A B b c	41,1 A B b c	40,3 B b	43,8 A a B b
t1	42,6 A a b	38,8 A c d	39,5 A b c	39,8 A b	42,6 A b
t2	36,5 B c	44,1 A B b	43,8 A a B b	44,5 A b	44,6 A a b
t3	45,5 a C	51,9 a B	47,7 a B C	57,4 A a	47,9 a B C
t4	38,9 A b c	37,6 A d	37,5 A c	40,4 A b	36,8 A c
NIR — LSD				4,4	

A,B,C — Grupy jednorodne dla czasów, Homogeneous groups for the times

a, b, c — Grupy jednorodne dla dawek, Homogeneous groups for the doses

Według Podleśnego (2000) istotny wpływ na proces kielkowania oraz wzrost i rozwój roślin, oprócz czynników pogodowych, może mieć wilgotność początkowa naświetlanych nasion. Badania własne potwierdzają wyniki uzyskane przez Podleśnego. Na podstawie

pomiaru długości pierwszego liścia siewek wytworzonych przez odmianę Kobra wykazano istotny wpływ jedynie zastosowanych czasów pęcznienia ziarniaków, stymulacja wystąpiła po zastosowaniu t4 i t2 w stosunku do kontroli (bez moczenia)- tab. 1. U pszenicy jarej odmiany Olimpia przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie dawek, czasów oraz interakcję dawek światła lasera z czasami pęcznienia. Przewidywane naświetlanie ziarniaków promieniami lasera dawką D₅ wywołało stymulację długości pierwszego liścia (tab. 4). Najefektywniejszy spośród zastosowanych czasów pęcznienia okazał się t3 powodując stymulację długości liścia o 10,9 mm w stosunku do kontroli (tab. 5). Stwierdzona interakcja wykazała, że tylko dla dawki D₅ zastosowany czas pęcznienia ziarniaków równy 60 minut wywołał stymulację długości liścia w porównaniu z kontrolą. Porównanie średnich długości liścia na poziomie czasów imbibicji pozwoliło stwierdzić istotny wpływ dawki D₇ i D₅ dla czasu t1 oraz dawki D₅ dla czasu t2 (tab. 7).

Tabela 7

Grupy jednorodne dla długości pierwszego liścia pszenicy jarej odmiany Olimpia (mm) — interakcja
Homogeneous groups for first leaf length of spring wheat cultivar Olimpia (mm) — interaction

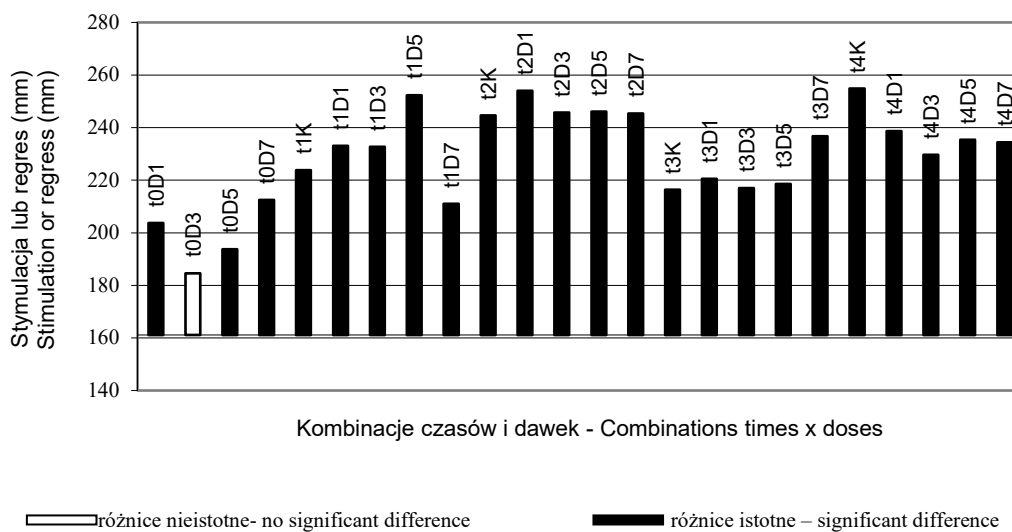
Czas imbibicji nasion Time of grain imbibition	Kontrola Control	D ₁	D ₃	D ₅	D ₇
t0	168,9 A a b	160,4 A a b	168,7 A a b	155,2 A b	165,4 A a
t1	147,8 B b c	149,4 B b	167,0 A a B b	172,3 A a b	180,3 A a
t2	144,3 B c	152,1 B b	165,0 A a B b	181,5 A a	159,6 a B
t3	170,4 A a	177,6 A a	180,9 A a	173,6 A a b	170,7 A a
t4	170,0 A a	164,0 A a b	159,8 A b	174,3 A a b	164,5 A a
NIR — LSD					16,4

A,B,C — Grupy jednorodne dla czasów, Homogeneous groups for the times

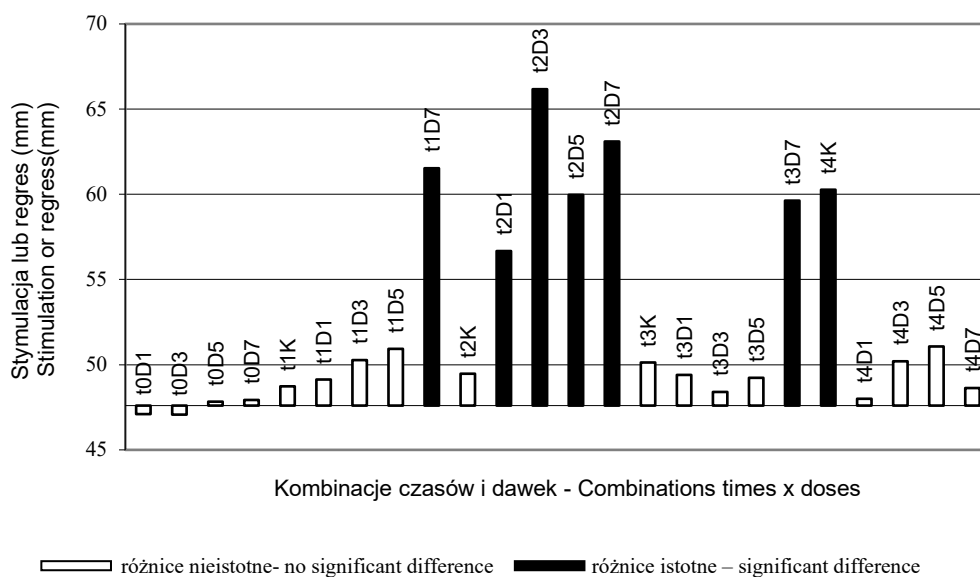
a, b, c — Grupy jednorodne dla dawek, Homogeneous groups for the doses

Lipski (2001), w swych badaniach nad biostymulacją laserową kukurydzy w zależności od stopnia uwilgotnienia nasion, także stwierdził większą skuteczność oddziaływania promieniowania laserowego na nasiona, w których podwyższona wilgotność sprzyja rozpoczęciu procesów fizjologicznych.

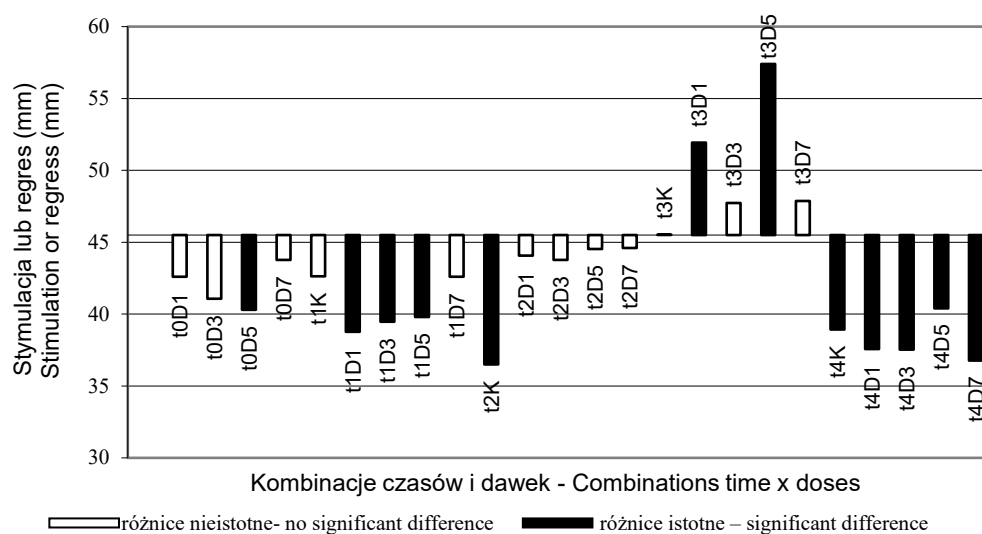
Dla odmiany Kobra porównanie średnich wartości, dla zastosowanych kombinacji i kontroli, testem t Studenta pozwoliło wykazać stymulujący wpływ, na długość korzeni zarodkowych, wszystkich zastosowanych wariantów (połączenie dawek światła z czasami pęcznienia ziarniaków) z wyjątkiem kombinacji nasion nie poddanych imbibicji i naświetlonych dawką D₃ (rys. 1).



Rys. 1. Porównanie średnich dla długości korzenia zarodkowego pszenicy ozimej odmiany Kobra w stosunku do kontroli (t0K= 161,1 mm) testem t -Studenta
Fig. 1. Comparison for means of radicle length of winter wheat cultivar Kobra with control (t0K=161.1 mm) t -Studenta test

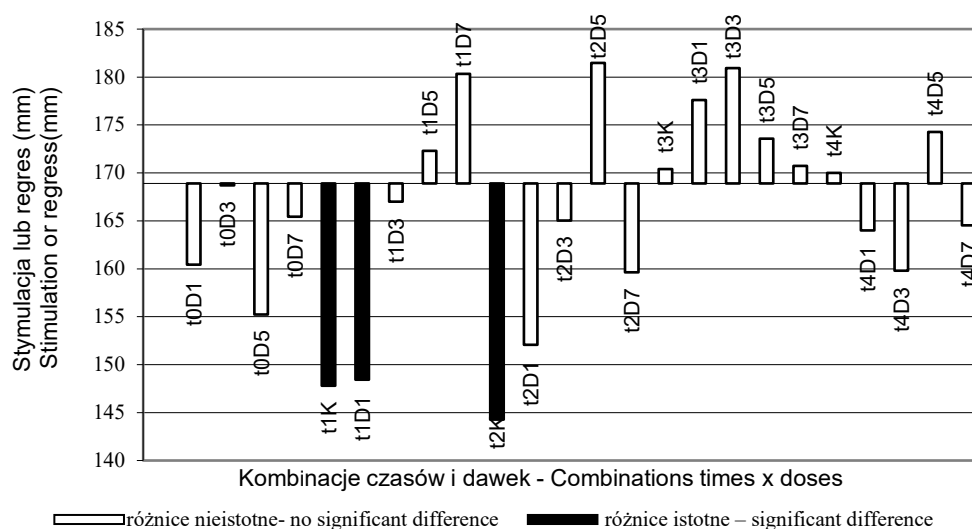


Rys. 2. Porównanie średnich dla długości koleoptyla pszenicy ozimej odmiany Kobra w stosunku do kontroli (t0K= 47,6 mm) testem t -Studenta
Fig. 2. Comparison for means of coleoptile length of winter wheat cultivar Kobra with control (t0K= 47.6 mm) t -Studenta test



Rys. 3. Porównanie średnich dla długości koleoptyla pszenicy jarej Olympia w stosunku do kontroli (t0K=45,5mm) testem t Studenta

Fig. 3. Comparison for means of coleoptile length of spring wheat cultivar Olympia with control (t0K=45.5 mm) t -Studenta test



Rys. 4. Porównanie średnich dla długości pierwszego liścia pszenicy jarej odmiany Olympia w stosunku do kontroli (t0K=168,9mm) testem t Studenta

Fig. 4. Comparison for means of first leaf length of spring wheat cultivar Olympia with control (t0K=168.9 mm) t -Studenta test

Dla długości koleoptyla otrzymano siedem wariantów lepszych od kontroli, przy czym najwyższy efekt stymulacji (66,2 mm) otrzymano po zastosowaniu t2D₃ – czyli moczenia przez 60 minut w połączeniu z trzykrotnym naświetlaniem, w porównaniu z kontrolą (47,6 mm) – rys.2. Dla pszenicy jarej odmiany Olimpia stymulację uzyskano w kombinacjach t3D₁ (51,9 mm) i t3D₅ (57,4 mm) porównując z kontrolą – 45,5 mm (rys. 3). Długość pierwszego liścia u odmiany Olimpia wykazała jedynie efekt redukcji po zastosowaniu kombinacji t1K, t1D₁ oraz t2K (rys. 4).

WNIOSKI

1. Reakcja ziarniaków zarówno pszenicy ozimej, jak i jarej na równoczesne zastosowanie różnych czasów imbibicji i promieniowania laserowego była zróżnicowana w zależności od kombinacji dawki promieniowania laserowego i czasu pęcznienia nasion.
2. Istotny stymulujący wpływ zastosowania kombinacji dwóch czynników uszlachetniających stwierdzono dla odmiany Kobra w odniesieniu do długości korzenia zarodkowego i koleoptyla. Zastosowanie testu t-Studenta pozwoliło stwierdzić, że dla długości korzenia zarodkowego u odmiany Kobra, stymulujące okazały się wszystkie warianty z wyjątkiem t0D₃. Natomiast dla długości koleoptyla najkorzystniejsze okazały się warianty połączenia różnych dawek promieniowania laserowego z czasem imbibicji równym 60 minut.
3. Pszenica jara odmiany Olimpia zareagowała wydłużeniem koleoptyla jedynie po zastosowaniu dwóch kombinacji: czas imbibicji wynoszący 90 minut i naświetlania jedno- (t3D₁) oraz pięciokrotnego (t3D₅).
4. Forma ozima pszenicy — odmiana Kobra, wykazała większą podatność na zastosowane połączenie uwadniania i naświetlania ziarniaków niż forma jara — odmiana Olimpia.

LITERATURA

- Dziamba S., Koper R. 1992. Wpływ naświetlania laserem nasion na plon ziarna pszenicy jarej. *Fragm. Agron.* 1(33): 88 — 93.
- Drozd D., Szajsner H. 1999. Influence of pre-sowing laser radiation on spring wheat characters. *Inter. Agroph.* Vol. 13, nr1: 79 — 87.
- Górecki R., Grzesiuk S. 1994. Światowe tendencje i kierunki uszlachetniania materiałów nasiennych. *Materiały Konferencyjne Olsztyn – Kortowo*: 9 — 25.
- Grzesiuk S. 1967. *Fizjologia nasion*. PWRiL, Warszawa.
- Kopcewicz J., Lewak S., 2002. *Fizjologia roślin*. PWN, Warszawa.
- Lipski S. 2001. Efektywność biostymulacji laserowej kukurydzy (*Zea mays* L.) w zależności od stopnia uwilgotnienia nasion. I Międzynarodowa Konferencja Naukowa. Oddziaływanie pól elektromagnetycznych na środowisko rolnicze: 51 — 56.
- Pabis J. 2000. Uszlachetnianie materiału siewnego. *Nasiennictwo*. T 1. Red. Duczmal K.W., Tucholska H. PWRiL, Poznań: 205 — 275.
- Pietruszewski S. 1999. Magnetyczna biostymulacja materiału siewnego pszenicy jarej. *Rozprawa habilitacyjna*. Rozprawy Naukowe AR Lublin.
- Podlaski S. 1992. Nowoczesne sposoby poprawy materiału siewnego. 1. MVS. 2. Pobudzanie nasion. *Hod. Rośl. Nasien. Biul. Branż.* 1: 18 — 25.

- Podlaski S. 1994. Uszlachetnianie materiałów nasiennych roślin rolniczych. Materiały Konferencyjne Olsztyn – Kortowo: 25 — 30.
- Podleśny J. 2000. Biostymulacja nasion światłem laserowym i jej wpływ na wzrost, rozwój i plonowanie roślin. Postępy Nauk Rolniczych 6: 27 — 39.
- Szajsner H. 2003. Porównanie reakcji form jarych i ozimych pszenicy zwyczajnej na przedsięwną biostymulację laserową. Acta Agroph. 2 (3): 639 — 643.
- Szajsner H., Drozd D., Bieniek J. 2004. Ocena efektu połączenia dwu sposobów poprawy wartości siewnej nasion pszenicy. Acta Agroph. 4 (3): 809 — 813.

ZBIGNIEW SEGIT**KRYSTYNA SZWED-URBAŚ**Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Zróżnicowanie genetyczne cech użytkowych pszenicy twardej

Genetic differentiation of some utility traits of spring durum wheat

W latach 2002–2005 przeprowadzono doświadczenia z 20 liniami *Triticum durum* Desf., wyselekcjonowanymi z kilku kombinacji krzyżowań. Doświadczenie założono w GD Czesławice k. Nałęczowa w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Powierzchnia poletek wynosiła 2 m². Wzorcem była pszenica zwyczajna cv. Torka. Przedmiotem obserwacji i pomiarów były następujące cechy: porażenie roślin chorobami i odporność na wyleganie, długość okresu wegetacji, wysokość roślin, długość osadki kłosowej i liczba kłosek w kłosie, zbiżność kłosa, liczba i masa ziaren z kłosa, masa 1000 ziaren, masa hektolitra, zawartość białka ogółem w ziarnie. Otrzymane dane opracowano statystycznie analizą wariancji, a najmniejsze istotne różnice obliczono wg Tukeya przy poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Obliczono również współczynniki zmienności fenotypowej i współczynniki korelacji pomiędzy analizowanymi cechami ilościowymi. Stwierdzono dość duże zróżnicowanie badanych linii pod względem analizowanych cech. Linie pszenicy twardej odznaczały się krótszym okresem wegetacji, krótszym i bardziej zbitym kłosem oraz mniejszą liczbą ziaren w kłosie w porównaniu do pszenicy zwyczajnej. Natomiast większość badanych linii miała wyższą masę ziaren z kłosa i MTZ oraz wyższą zawartość białka w ziarnie od odmiany Torka. Plon z m² był dla wszystkich linii *T. durum* istotnie niższy od wzorca, przy czym trzy linie miały dość zadawalający plon ziarna, na poziomie 70% cv. Torka. Plon ziarna był istotnie dodatnio skorelowany jedynie ze zbiżnością kłosa i masą ziaren z kłosa. Korelacje z pozostałymi cechami są nieistotne.

Słowa kluczowe: pszenica twarda, jakość ziarna, plon

Experiments with 20 *Triticum durum* Desf. lines selected from several crossbreeding combinations were carried out in the years 2002–2005. The experiment was set in the Experiment Farm Czesławice near Nałęczów, in randomized blocks design in three replications. Each plot was of 2 m² area. Common wheat (Torka cv.) was the standard. The following traits were observed and measured: disease infestation, resistance to lodging, vegetation period length, plant height, rachis length, number of spikelets in ear, ear density, number and weight of grains per ear, 1000 grain weight, test weight and total protein content in grain. The data were statistically processed by means of variance analysis, and the least significant differences were calculated using Tukey's test at the significance level $\alpha = 0.05$. Phenotypic variability coefficients and correlation coefficients between the analyzed quantitative traits were also calculated. A remarkable differentiation of the studied lines in reference to the analyzed traits was observed. The durum wheat lines were distinguished by shorter vegetation period, shorter and denser ear, as well as lower number of grains per ear as compared to common wheat. Majority of studied

lines had higher weight of grains per ear, higher 1000 grain weight, and higher protein content in grain than the Torka cv. for all *T. durum* lines yield per 1 m² was significantly lower than that of the standard; however, three lines achieved quite satisfactory grain yields (70% of Torka cv.). Grain yield was significantly positively correlated only with ear density and grain weight per ear. Correlations with other traits appeared to be insignificant.

Key words: durum wheat, grain quality, yield

WSTĘP

Produkcja makaronu w Polsce oparta jest w znacznym stopniu na importowanej pszenicy twardej. Dotyczy to szczególnie dużych i średnich wytwórni makaronów, które chcąc sprostać kryteriom jakości muszą do produkcji używać ziarna *T. durum*. Do Polski importuje się każdego roku z Ameryki, Azji czy krajów europejskich znaczne ilości ziarna tego gatunku. Jest to import dość kosztowny, dlatego też wzrasta zainteresowanie uprawą pszenicy twardej w kraju. W niektórych ośrodkach hodowlanych podjęto więc prace mające na celu otrzymanie rodzimych odmian *T. durum*. Niezbędne jest przy tym dysponowanie materiałem o szerokiej zmienności genetycznej, umożliwiającej wybór interesujących form dla krajowego programu hodowli. Przebadanie tych form pod względem wartości różnych cech w warunkach glebowo-klimatycznych naszego kraju jest niezmiernie istotne, gdyż zakres produktywności genotypów jest w znacznym stopniu determinowany przez warunki środowiskowe.

Celem niniejszej pracy jest ocena zmienności niektórych cech użytkowych wyselekcjonowanych linii pszenicy twardej w warunkach Lubelszczyzny.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 20 nowych linii *T.durum* otrzymanych w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin UP w Lublinie. Wzorcem była pszenica zwyczajna cv. Torka. Doświadczenie przeprowadzono w GD Czesławie k. Nałęczowa w latach 2002–2005 w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Siew wykonano ręcznie na poletkach o powierzchni 2 m². Rozstawa roślin w rzędzie ok. 1,5–2,0 cm, odległość między rzędami 20 cm. Stanowisko i nawożenie było jednakowe we wszystkich latach badań. Nie stosowano żadnych zabiegów chemicznych, z wyjątkiem oprysku na chwasty.

Przedmiotem badań i obserwacji były następujące cechy: porażenie roślin chorobami i odporność na wyleganie, długość okresu wegetacji, wysokość roślin, długość osadki kłosowej i liczba kłosków w kłosie, zbitość kłosa, liczba i masa ziaren z kłosa, MTZ, masa hektolitra, zawartość białka ogółem oraz plon z 1 m². Ocenę wylegania i zdrowotności roślin przeprowadzono wg COBORU w skali 9-stopniowej, gdzie nota 9 — oznacza brak wylegania i porażenia przez choroby, 1 — pełne wyleganie i całkowite porażenie.

Wyniki opracowano statystycznie podając NIR, średnie dla obiektów, wartości skrajne między latami badań oraz współczynniki zmienności. Obliczono również współczynniki korelacji między analizowanymi cechami ilościowymi.

WYNIKI

Średnie wartości analizowanych cech użytkowych badanych linii oraz NIR podano w tabeli 1.

Tabela 1

Średnie wartości analizowanych cech dla badanych linii *T. durum* i odmiany Torka
Mean values of the analyzed traits for the studied *T. durum* lines and cv. Torka

Linia /Odmiana Line /Cultivar	Liczba dni: wzchody- dojrzałość Number of days: emergence -maturity	Wysokość roślin Plant height (cm)	Długość osadki kłosowej Spike rachis length (cm)	Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	Zbiorność kłosa Spike density (D)	Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike (g)	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)	Zawartość białka ogółem w ziarnie Total protein content (%)	Masa hektolitra Test weight [kg/hl]	Plon Yield (kg/m ²)
LGR 517/99/4	103,3	84,0	6,5	16,4	23,8	38,9	1,84	48,0	13,2	76,4	0,410
LGR 514/99/3	103,4	82,3	5,7	16,4	27,2	38,0	1,84	48,8	13,2	77,4	0,343
LGR 2424/98/5	103,0	81,7	5,3	16,1	28,3	36,5	2,03	55,8	13,1	76,5	0,473
LGR 2428/98/4	103,2	84,9	6,2	16,8	25,5	37,4	1,80	48,5	13,3	76,8	0,373
LGR 2424/98/9	102,1	79,2	5,0	15,8	29,5	34,1	1,85	54,6	13,5	77,9	0,442
LGR 534/99/4	101,6	98,1	5,3	15,5	27,5	35,4	1,67	47,2	14,7	78,4	0,401
LGR 546/99/1	100,3	80,2	5,1	14,9	27,7	38,9	1,91	48,8	12,7	75,0	0,421
LGR 552/99/2	101,0	79,7	5,5	15,7	27,1	41,4	1,86	45,5	12,7	76,0	0,398
LGR 2452/98/1	100,4	80,2	5,0	15,2	28,5	35,1	1,68	48,7	13,2	75,7	0,346
LGR 2451/98/5	100,9	80,6	5,0	14,9	27,8	41,4	1,96	47,4	12,5	75,3	0,433
LGR 559/99/3	104,3	104,3	5,1	15,8	29,2	38,6	1,94	50,2	14,3	79,0	0,488
LGR 557/99/1	101,9	74,3	4,9	16,2	31,3	41,1	1,86	45,6	12,8	77,7	0,454
LGR 2470/98/5	104,8	107,2	5,1	15,4	28,1	36,4	1,84	50,5	14,7	78,1	0,486
LGR 2466/98/5	101,5	76,6	5,0	16,3	31,2	40,2	1,80	45,0	12,8	76,5	0,457
LGR 2478/98/3	101,5	68,9	5,0	15,4	29,0	38,5	1,70	44,1	12,9	75,2	0,378
LGR 576/99/5	103,4	102,7	5,0	16,0	30,0	35,7	1,71	47,7	14,2	79,1	0,466
LGR 576/99/4	104,1	103,5	4,9	15,6	29,8	37,2	1,83	49,0	14,3	79,3	0,504
LGR 579/99/8	103,9	99,0	4,8	14,9	29,1	29,9	1,45	48,5	15,1	79,2	0,386
LGR 578/99/4	103,5	96,5	4,8	14,9	29,3	36,3	1,79	49,5	14,5	79,1	0,482
LGR 579/99/6	103,5	97,2	5,1	15,3	28,1	30,0	1,52	50,9	14,4	78,8	0,392
Torka	108,8	101,9	8,0	18,5	22,4	41,9	1,78	41,5	12,4	77,8	0,712
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	0,75	3,98	0,24	0,81	1,61	2,27	0,14	1,85	0,68	1,28	0,066

Uwzględniając średnie ogółem badanych obiektów stwierdzono, że wszystkie linie *T. durum* odznaczały się krótszym okresem wegetacji (wynoszącym od 100,3–104,8 dnia) w porównaniu do pszenicy zwyczajnej (średnia 108,8 dnia). Cztery linie dojrzały wcześniej o prawie 8 dni. Warto jednak dodać, że długość okresu wegetacji zależy w dużej mierze od przebiegu warunków pogodowych w poszczególnych latach badań czego wyrazem są duże różnice omawianej właściwości pomiędzy latami (tab. 3).

Jedną z ważniejszych cech w hodowli pszenicy jest wysokość roślin oraz związana z nią odporność na wyłeganie. W badanym materiale stwierdzono dość znaczną zmienność omawianego parametru CV = 12,9% (tab. 3). Większość (14) linii *T. durum* była istotnie niższa od cv. Torka, jedynie linia LGR 2470/98/5 była istotnie wyższa. Dwanaście linii

miało średnią wysokość poniżej 85 cm z czego trzy linie mieściły się w przedziale 69–77 cm (tab. 1). Znalazło to odzwierciedlenie w ocenie wylegania. Linie te uzyskały bardzo wysokie noty — średnio 8,6 (tab. 2). Można przyjąć, że linie o krótkiej słomie odznaczają się lepszą odpornością na wyleganie. Współczynnik korelacji między tymi cechami osiągnął wartość -0.49. Potwierdzają to także wcześniejsze badania autorów (Szwed-Urbaś i Segit, 1996) jak również badania Wojasa i Węgrzyna (2001) prowadzone na materiałach kolekcyjnych ozimej pszenicy zwyczajnej. Wymienieni autorzy podają, że wysokość roślin odgrywa bardzo istotną rolę w kształtowaniu się odporności na wyleganie. Zależy to także od elastyczności źdźbła. Przykładem są dwie najwyższe linie: LGR 2470/98/5 i LGR 559/99/3 o bardzo elastycznym źdźbale, które w niewielkim stopniu uległy wylegnięciu — oceny 7,2 i 7,3 (tab. 2).

Tabela 2

Ocena wylegania i porażenia roślin przez choroby grzybowe
Lodging and fungal disease infestation (9 — the highest resistance score)

Linia / Odmiana Line / Cultivar	Wyleganie Lodging	Mączniak właściwy Powdery mildew	Septorioza kłosów Glume blotch of ears	Fuzarioza kłosów Fusarium blight of ears
LGR 517/99/4	8,3	5,2	7,7	8,7
LGR 514/99/3	7,3	3,7	7,5	8,3
LGR 2424/98/5	6,9	5,4	7,0	8,2
LGR 2428/98/4	8,1	4,9	7,6	8,6
LGR 2424/98/9	5,9	6,0	7,0	7,5
LGR 534/99/4	4,8	7,4	6,8	8,0
LGR 546/99/1	7,0	8,3	7,4	7,7
LGR 552/99/2	6,4	4,6	6,3	7,9
LGR 2452/98/1	6,0	5,8	6,7	8,3
LGR 2451/98/5	7,2	8,8	7,8	6,9
LGR 559/99/3	7,3	8,6	7,6	8,5
LGR 557/99/1	8,6	8,0	7,6	8,1
LGR 2470/98/5	7,2	8,9	7,8	8,7
LGR 2466/98/5	8,6	7,8	7,1	8,2
LGR 2478/98/3	8,6	5,2	6,8	8,1
LGR 576/99/5	6,7	8,2	7,8	9,0
LGR 576/99/4	6,3	8,5	8,0	9,0
LGR 579/99/8	6,0	7,0	6,9	9,0
LGR 578/99/4	6,6	8,8	7,9	9,0
LGR 579/99/6	5,8	6,9	7,1	9,0
Torka	8,3	8,2	6,3	9,0

Wyraźne zróżnicowanie ocenianych linii dotyczyło cech budowy kłosa, a w szczególności długości osadki kłosowej i zbitości kłosa. Analizowane linie *T durum* odznaczały się istotnie krótszym i bardziej zbitym kłosem w porównaniu z cv. Torka. Osadka większości linii pszenicy twardej miała długość rzędu 5 cm przy 8 cm dla cv. Torka (tab. 1). Znacznie mniejsza była również liczba kłosków osadzonych na osadce przy czym wartości maksymalne uzyskane dla tych cech sugerują, że możliwe jest otrzymanie genotypów o dłuższym kłosie z większą liczbą kłosków (tab. 3). Kłosa o długości ok. 7,0 cm z ponad 18 kłoskami wystąpiły również we wcześniejszych badaniach (Szwed-Urbaś, 1997; Szwed-Urbaś i Segit, 2004). Oceniając zbitość, kłosa pszenicy twardej można określić jako zbite ($D=25,1-35,0$) natomiast cv. Torka jako średnio zbite ($D = 20,1-25,0$).

Znacznym zakresem zmienności odznaczała się także liczba ziaren z kłosa (CV = 8,4%). Większość ocenianych linii miała istotnie niższą liczbę ziaren w kłosie w porównaniu z pszenicą zwyczajną (tab. 1), warto jednak odnotować duże różnice w wynikach pomiędzy latami (tab. 3). Genotypy których kłosy zawiązały ponad 50 ziaren w kłosie zaobserwowano także we wcześniejszych badaniach autorów. W analizowanym materiale na uwagę zasługują linie LGR 557/99/1, LGR 2451/98/5 i LGR 552/99/2, które przy istotnie krótszym kłosie (4,9–5,5 cm przy 8,0 cm dla cv. Torka) zawiązały prawie taką samą liczbę ziarniaków co pszenica zwyczajna.

Tabela 3

Średnie ogółem, wartości skrajne oraz współczynniki zmienności dla analizowanych cech *T. durum*
Total mean values, extreme values, and variability coefficients for the analyzed traits of *T. durum*

Cecha Trait	Średnia Mean	Wahania pomiędzy latami badań Oscillations between study years	CV [%]
Liczba dni: wschody-dojrzałość Number of days: emergence-maturity	102,6	95,0–115,0	1,3
Wysokość roślin Plant height (cm)	88,1	66,9–112,1	12,9
Długość osadki kłosowej Spike rachis length [cm]	5,2	4,0–7,1	8,4
Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets per spike	15,7	13,1–19,1	3,6
Zbitość kłosa Spike density (D)	28,4	20,8–34,3	6,1
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	37,0	27,0–42,9	8,4
Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike (g)	1,79	1,29–2,24	7,6
Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)	48,7	37,9–60,5	5,7
Zawartość białka ogółem w ziarnie Total protein content (%)	13,7	11,7–16,9	5,9
Masa hektolitra Test weight [kg/hl]	77,4	73,8–80,7	1,9
Plon Yield (kg/m ²)	0,427	0,272–0,557	11,2

Istotną cechą jest masa ziaren z kłosa. Trzy linie charakteryzowały się wyższą wartością tej cechy w porównaniu z wzorcem. Najwyższą masę ziaren z kłosa miała linia LGR 2424/98/5 (2,03 g) przy jednocześnie najwyższej masie 1000 ziaren (55,9 g), (tab. 1). Wysokimi maksymalnymi wartościami masy ziaren z kłosa charakteryzowały się linie *T. durum* oceniane przez autorów w latach 1993–1995 oraz 1996–2000 (Szwed-Urbaś i Segit, 1996, 2004). Z badań tych wynika, że odpowiedni dobór komponentów rodzicielskich może prowadzić do otrzymania form o masie ziaren z kłosa dochodzącej do 3,0–4,0 g.

Zawartość białka ogółem w ziarnie wynosiła od 12,5% do 15,1% i była u większości linii pszenicy twardej (14) wyższa od wzorca. Zawartość tego składnika na poziomie 13–15% wydaje się być jak najbardziej odpowiednia dla przemysłu makaronowego (Obuchowski, 1997). Odmienne poglądy wyraża Dexter (Zawadzki, 2007), który uważa, że

zawartość białka powyżej 12% ma negatywny wpływ na barwę semoliny. Wyniki uzyskiwane w Niemczech wskazują jednak, że przy zawartości białka ok. 16% pszenica twarda może odznaczać się bardzo wysokim wskaźnikiem barwy żółtej. Pod tym względem niemieckie odmiany pszenicy twardej zajmują przodujące miejsce w UE (Kostecki, 2003; Jurga, 2004). W cytowanych wcześniej badaniach własnych zawartość białka ogółem w ziarnie dochodziła nawet do 20%.

Stosunkowo mała zmienność cechuje masę hektolitra. Obliczony dla tej cechy współczynnik zmienności fenotypowej (CV) wynosi zaledwie 1,9%. Większość badanych linii *T. durum* miała masę hektolitra zbliżoną do wyników uzyskanych dla pszenicy zwyczajnej. Dwie linie miały istotnie wyższy poziom omawianej cechy od cv. Torka. Są to, wymieniana już wcześniej linia LGR 576/99/4 oraz linia LGR 579/99/8. Warto przy tym dodać, że zdecydowana większość analizowanych genotypów miała wartość masy hektolitra wymaganą przez przemysł (tab. 1 i 3).

Dużej zmienności w stosunku do wzorca podlegał plon z m², a wszystkie linie *T. durum* pod względem tej cechy ustępowały cv. Torka. Trzy linie LGR 576/99/4, LGR 559/99/3 i LGR 2470/98/5 odznaczały się dość zadowalającym plonem wynoszącym ok. 70% wzorca. Są to jednakże linie stosunkowo wysokie. Wspomniana wcześniej linia LGR 2424/98/5 plonowała na poziomie 66% wzorca. Plony rzędu 76% plonu pszenicy zwyczajnej osiągał Rachoń i Szumiło (2002) oceniając krajowe i zagraniczne linie i odmiany pszenicy twardej. W doświadczeniu porównawczym z 6 liniami *T. durum* przeprowadzonymi przez autorów uzyskano plony rzędu 44–54 dt·ha⁻¹, co stanowiło około 68–85% plonu pszenicy zwyczajnej (dane niepublikowane). W krajach europejskich (Francja, Niemcy) uzyskiwane plony pszenicy twardej stanowią często ok. 65–70% plonu pszenicy zwyczajnej i wygląda na to, że jest to produkcja opłacalna (Seibel, Sievert, 1997; Tyburcy, 2006).

Ocenę porażenia poszczególnych linii przez choroby grzybowe przedstawia tab. 2. Z notowanych chorób zwraca uwagę przede wszystkim znaczny stopień porażenia roślin mączniakiem właściwym i septoriozą kłosów. Ośiem linii było prawie wolne od porażenia mączniakiem (noty > 8,0) oraz w słabym stopniu uległy porażeniu septorią (noty 7,4–8,0). Mniejsze zróżnicowanie dotyczy porażenia kłosów przez *Fusarium*. Prawie wszystkie linie (z wyjątkiem LGR 2451/98/5) uzyskały noty powyżej 7,0. Na uwagę zasługują cztery linie (LGR 2470/98/5; LGR 576/99/5; LGR 576/99/4; LGR 578/99/4), które ze względu na ocenę porażenia mogą być bardzo dobrym donorem odporności na oceniane choroby.

Współczynniki korelacji dla badanych cech ilościowych zestawiono w tabeli 4. W większości przypadków były to korelacje słabe i nieistotne. Na uwagę zasługuje wysoce istotna współzależność między masą ziaren z kłosa a liczbą ziaren w kłosie. Nie stwierdzono natomiast, w odróżnieniu do wcześniejszych badań (Szwed-Urbaś i Segit, 1996, 2004) istotnej współzależności z wysokością roślin. Plon z m² wykazuje istotną współzależność jedynie z masą ziaren z kłosa i zbitością. Korelacje z pozostałymi cechami były nieistotne. Zawartość białka w ziarnie wysoce dodatnio skorelowana była z okresem wegetacji i wysokością roślin natomiast korelacje z liczbą ziaren w kłosie oraz masą ziaren z kłosa są ujemne.

Tabela 4

Współczynniki korelacji dla badanych cech ilościowych *T.durum*
Correlation coefficients for the studied quantitative traits of *T. durum*

Cechy Traits	Liczba dni: wschody- dojrzałość Number of days: emergence- maturity	Wysokość roślin Plant height (cm)	Długość osadki kłosowej Spike rachis length (cm)	Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	Zbitość kłosa Spike density (D)	Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike (g)	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)	Zawartość białka ogółem w ziarnie Total protein content (%)	Masa hektolitra Test weight (kg/hl)
Wysokość roślin Plant height (cm)	0,740**									
Długość osadki kłosowej Spike rachis length (cm)	0,119	-0,155								
Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	0,201	-0,221	0,650**							
Zbitość kłosa Spike density (D)	-0,024	0,041	-0,863**	-0,187						
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	-0,399	-0,482*	0,206	0,298	-0,040					
Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike (g)	-0,121	-0,270	0,211	0,286	-0,086	0,734**				
Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)	0,375	0,271	0,018	-0,016	-0,075	-0,474*	0,243			
Zawartość białka ogółem w ziarnie Total protein content (%)	0,707**	0,895**	-0,247	-0,290	0,118	-0,718**	-0,540*	0,272		
Masa hektolitra Test weight (kg/hl)	0,758**	0,813**	-0,264	-0,022	0,324	-0,558*	-0,377	0,274	0,867**	
Plon Yield (kg/m ²)	0,398	0,438	-0,359	-0,047	0,461*	0,181	0,454*	0,278	0,257	0,417

* r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0.05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0.01$; Significant at $\alpha = 0.01$

WNIOSKI

1. Przeprowadzone badania wykazały, że pod względem analizowanych cech oceniane linie charakteryzują się stosunkowo szerokim zakresem zmienności.
2. Większość ocenianych linii może stanowić interesujący materiał wyjściowy do dalszych prac hodowlanych.
3. Linia LGR 2424/98/5 odznaczająca się stosunkowo korzystnym układem większości analizowanych cech może być bardzo dobrym materiałem na nową odmianę jarej pszenicy twardej.

LITERATURA

- Jurga R. 2004. Produkcja pszenicy durum i jej jakość w Unii Europejskiej. *Przegl. Zboż. Młyn.* 4: 34 — 35.
- Kostecki Z. 2003. Światowa sytuacja na rynkach pszenicy *durum*. *Przegl. Zboż. Młyn.* 5: 26 — 28.
- Obuchowski W. 1997. Technologia przemysłowej produkcji makaronu. Wyd. AR Poznań.
- Rachoń L., Szumiło G. 2002. Plonowanie i jakość niektórych polskich i zagranicznych odmian i linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). *Pam. Puł.* 130: 619 — 624.
- Seibel W., Sievert D. 1997. Internationale Durumweizensituation in den Getreidewirtschaftsjahren 1994/1995 i 1995/1996. *Getreide Mehl und Brot.* 51.1: 10 — 14.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 1996. Wartość ważniejszych elementów plonowania *Triticum durum* z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. *Biul. IHAR* 200: 291 — 297.
- Szwed-Urbaś K. 1997. Wyniki oceny materiałów kolekcyjnych *Triticum durum* Desf. w 1996 r. *Biul. IHAR.* 203 : 115 — 127.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2004. Charakterystyka wybranych cech ilościowych u mieszańców pszenicy twardej. *Annales UMCS. Sec. E*, 59, 1: 101 — 113.
- Tyburcy A. 2006. Charakterystyka zbiorów pszenicy i żyta w 2006 r. w wybranych krajach Europy. *Przegl. Zboż. Młyn.* 12: 8 — 9
- Wojas T., Węgrzyn S. 2001. Źródła genetyczne cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) w kolekcji roboczej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin. *Biul. IHAR.* 218/219: 39 — 48.
- Zawadzki K. 2007. Wpływ zawartości białka w pszenicy *durum* na jej własności przemiałowe. *Przegl. Zboż. Młyn.* 2: 9 — 10.

ROMUALD DOLIŃSKI**ZBIGNIEW SEGIT****AGNIESZKA SURMACZ-MAGDZIAK**

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Ocena odporności na porastanie i spoczynek poźniwny ziarniaków pszenicy twardej

Evaluation of sprouting resistance and post-harvest grain dormancy of durum wheat

Materiał doświadczalny stanowiły 32 linie *Triticum durum* Desf. i jedna wzorcowa odmiana *Triticum aestivum* L. Kłosa zebrane w polu moczo w wodzie (15 minut) i umieszczano w komorze wilgotnościowej. Odporność na porastanie oceniano po 3 i 7 dobach. Kłosa suszono w suszarce, a następnie młócono ręcznie oddzielając ziarniaki porośnięte od nie porośniętych. W tym samym czasie oznaczano kiełkowanie nasion na bibule w szalkach Petriego. Ocenę tą powtórzono po 4 i 8 tygodniach. W ostatnim terminie wykonano też kiełkowanie w 10^{-4} M roztworze kwasu abscysynowego. Wrażliwość na ABA podano w procentach jako iloraz różnicy średnich wartości energii kiełkowania w wodzie i ABA przez wartość dla wody. W warunkach komory wilgotnościowej wzorcowa odmiana pszenicy zwyczajnej wykazała się dużą odpornością na porastanie. Stwierdzono duże zróżnicowanie linii pszenicy twardej pod względem jawnego porastania ziarna ($W = 99\%$ po 3 dobach i $W = 50,7\%$ po 7 dobach). Najodporniejsze linie porastały na poziomie wzorcowej odmiany *T. aestivum* L. (w pierwszym terminie 13, a w drugim 1). Dla porastania ziarna otrzymaliśmy u *T. durum* wysokie wartości współczynników odziedziczalności w szerokim znaczeniu ($h^2 = 0,93$ i $0,92$). Oceny jawnego porastania po 3 i 7 dobach nawilżania kłosów były skorelowane z energią kiełkowania ($r_{xy} = 0,408$ i $0,608$) oznaczaną w tym czasie w szalkach Petriego. U większości badanych form pszenicy twardej jawne porastanie ziarna w kłosach było wyraźnie mniejsze od kiełkowania w szalkach. U trzech linii porastanie w kłosach było większe od kiełkowania na bibule. Korelacje pomiędzy porastaniem ziarna w kłosach i współczynnikami wrażliwości na ABA, oznaczanymi po zaniku spoczynku poźniwnego, były w naszych badaniach nie istotne.

Słowa kluczowe: *Triticum durum* Desf., linie, odporność na porastanie, poźniwny spoczynek nasion

The experimental material consisted of 32 lines of *Triticum durum* Desf. and one standard variety of *Triticum aestivum* L.. Ears harvested in the field were soaked in water (15 minutes) and placed in moist chamber. The resistance to sprouting was evaluated after 3 and 7 days. The ears were dried in dryer and threshed manually with separation of sprouted grains from those not sprouted. Simultaneously, the germination of grains was measured on a filter paper in Petri dishes. This evaluation was repeated after 4 and 8 weeks. Last time sprouting in 10^{-4} M solution of abscisic acid was carried out. Grain responsiveness to ABA was given in percentage as the quotient of the result of subtraction of average values of germination energy in water and ABA, and the value in water. Under

the moist chamber conditions the standard of common wheat variety showed high resistance to sprouting. The results proved a high variability of durum wheat lines with regard to visible grain sprouting ($W = 99\%$ after 3 days and $W = 50.7\%$ at the second notice). The most resistant lines of *T. durum* sprouted on the level of standard *T. aestivum* variety (at the first time 13 lines, at the second time 1). Heritability coefficients in broad sense estimated for grain sprouting were very high ($h^2 = 0.93$ and 0.92 – respectively for the 3 days and the 7 days results). The estimations of visible sprouting of moistened ears after 3 and 7 days were correlated with germination energy ($r_{xy} = 0.408$ and 0.608) which were evaluated at the same time in Petri dishes. In majority of the studied lines of durum wheat the visible grain sprouting in ears was distinctly lower than germination ability determined in Petri dishes. In three lines sprouting in ear was higher than germination on a filter paper. The correlation coefficients between grain sprouting in ears and ABA responsiveness coefficients, assessed after post-harvest period, were in our study not significant.

Key words: *Triticum aestivum*, lines, sprouting resistance, post-harvest seed dormancy

WSTĘP

Przedżniwne porastanie ziarna występuje w wielu rejonach świata i dotyczy wszystkich gatunków zbóż. Według szacunkowej oceny w warunkach klimatycznych Polski corocznie 5–10% wyprodukowanego ziarna zbóż wykazuje mniej lub bardziej widoczne uszkodzenia porostowe (Weidner, 1992). Jest to zjawisko negatywne, powodujące znaczne straty ekonomiczne. Mąka z porośniętego ziarna nie nadaje się do produkcji pieczywa, a w przypadku pszenicy twardej do produkcji makaronu. Chleb upieczony z takiej mąki ma gumowato-kleistą strukturę i ciemno zabarwioną skórkę, a makaron rozpada się w czasie gotowania. Główną wadą mąki otrzymanej z porośniętego ziarna jest wysoka zawartość enzymu α -amylazy, który w czasie porastania ziarna i później podczas procesu fermentacji ciasta (produkcji makaronu) powoduje wytwarzanie dużej ilości niepożądanych monosacharydów. Negatywny wpływ na jakość mąki mają również inne enzymy hydrolityczne, jak: lipazy, proteazy, β -amylazy a także enzymy katalizujące rozszczepianie wiązań α -1,6 w amylopektynie (Duffus, 1987; cyt. za Weidner, 1992).

W Polskim Rejestrze Odmian nie ma pszenicy twardej (COBORU, 2006), ziarno używane do produkcji makaronów jest importowane. Wcześniejsze badania przeprowadzone w Akademii Rolniczej w Lublinie wykazały, że pszenica twarda może być u nas uprawiana, najlepsze krajowe linie plonują na poziomie zapewniającym opłacalność uprawy (Szwed-Urbaś, Segit, 1996; 2004; Rachoń i in., 2002; Segit, Szwed-Urbaś, 2006). W naszych warunkach klimatycznych poważnym problemem przy uprawie tego zboża może być jednak porastanie ziarna. Wieloletnia pobieżna ocena prowadzona przez autorów na licznych (około 400 form) kolekcyjnych materiałach, pochodzących z całego świata, wykazała ogólnie dużą skłonność *T. durum* Desf. do przedżniwnego porastania ziarna. Jednak nawet w sprzyjających porastaniu okresach wegetacji obok form porastających obserwowano stosunkowo nieliczne genotypy (około 2–5%) nie porastające.

Hodowla odmian pszenicy odpornych na porastanie jest bardzo trudna gdyż jest to złożona cecha ilościowa, którą należy korzystnie połączyć z wieloma innymi cechami decydującymi o wartości gospodarczej odmiany (ilość i jakość plonu ziarna, odporność na choroby, suszę itd.). Według McCaig i DePauw (1992) oraz Gut i wsp. (1997)

rozpoczynając taką hodowlę należy dysponować szerokim materiałem wyjściowym o wysokiej odporności, daje to większą szansę na wyprowadzenie nie porastającego mieszańca.

Celem naszych badań była wstępna ocena wyselekcjonowanych linii pszenicy twardej pod względem odporności na porastanie.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań były 32 linie *T. durum* Desf. otrzymane w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie (Szwed-Urbaś i Segit, 1996). Wzorcem była pszenica zwyczajna odm. Bombona, charakteryzująca się dobrą odpornością na porastanie i dużą liczbą opadania (COBORU, 2006). Materiał do badań stanowiły kłosa i ziarno zebrane w fazie pełnej dojrzałości z poletek doświadczalnych (2 m²) założonych w Gospodarstwie Doświadczalnym, w Czesławicach k/Nałęczowa. Kłosa wiązano w pęczki (6 × 10), moczono przez 15 minut w wodzie i umieszczano w komorze wilgotnościowej utrzymującej stałą temperaturę 20°C i wysoką wilgotność powietrza (ok. 90%). Dodatkowo każdego dnia wszystkie kłosa 2-krotnie zwilżano wodą. Odporność na porastanie ziarna w kłosach oceniano po 3 i 7 dniach. Kłosa wyjęte z komory suszono w suszarce w temperaturze 60°C i młócono ręcznie licząc ziarniaki nie porośnięte i porośnięte w stopniu widocznym (pęknięte pericarpium).

Równolegle z oceną porastania w kłosach oznaczano energię i zdolność kiełkowania ziarniaków na bibule zwilżonej wodą, w szalkach Petriego (3 × 100 ziarniaków) umieszczonych w termostacie w temperaturze 24°C. Ocenę kiełkowania nasion w szalkach powtórzono 2 razy, to znaczy po 4 i po 8 tygodniach liczonych od czasu zbioru kłosów i ziarniaków. W ostatnim terminie wykonano także ocenę kiełkowania w 10⁻⁴ molowym roztworze kwasu abscysynowego (ABA). Wrażliwość na egzogenny inhibitor kiełkowania obliczano jako iloraz różnicy średnich wartości energii kiełkowania w wodzie i ABA przez średnią wartość dla wody.

Wyniki badań opracowano statystycznie. Istotność różnic pomiędzy średnimi wartościami cech badanych linii liczono metodą Tukeya. Obliczono współczynniki korelacji fenotypowych pomiędzy jawnym porastaniem ziarna w kłosach, a energią i zdolnością kiełkowania oraz wrażliwością na ABA oznaczonymi na szalkach. Dla każdej z cech oszacowano odziedziczalność w szerokim znaczeniu wykorzystując sumy kwadratów odchyłeń dla obiektów i całości doświadczenia ($h^2 = nS^2_{ob.} / nS^2_y$).

WYNIKI I DYSKUSJA

Najprostszą metodą oceny odporności zbóż na porastanie jest określanie procentowej zawartości porośniętych ziarniaków w kłosach pozostawionych dłużej w polu. W naszych warunkach klimatycznych jest ona jednak zawodna. Daje niepowtarzalne wyniki gdyż genetyczne różnice w odporności ujawniają się tylko w warunkach sprzyjających porastaniu. W Polsce warunki meteorologiczne w okresie rozwoju i dojrzewania ziarna zbóż zmieniają się z roku na rok, w niektórych latach zbiory mogą być całkowicie

pozbawione zmian wywołanych porastaniem, podczas gdy w innych uszkodzenia mogą być bardzo duże (Weidner, 1992; Masojć, 1996).

Według wielu autorów selekcję w kierunku genotypów zbóż odpornych na porastanie można prowadzić w warunkach prowokacyjnych. W badaniach wykonanych na pszenicy, życie i pszenżycie obserwowano duże zróżnicowanie odmian i rodów hodowlanych pod względem jawnego porastania. Odmiany uznawane przez rolników za wzorce pod względem odporności na porastanie nie porastały też w warunkach prowokacyjnych (Catapan i in., 1990; Gut i in., 1997; Doliński, Kociuba, 1999; Wu, Carver, 1999; Wojas, Gut, 2002).

W naszych badaniach linie *T. durum* różniły się istotnie pod względem porastania ziarna w warunkach prowokacyjnych (tab. 1). Po trzech dobach przetrzymywania kłosów w komorze wilgotnościowej średnia wartość porastania obliczona dla wszystkich obiektów wynosiła 16,7%. Współczynnik zmienności dla tego terminu wynosił 99,0%. Porastanie na poziomie zbliżonym do wzorcowej odmiany Bombona stwierdzono u 13 linii. Poziom porastania mniejszy od 35 % wykazywało 29 linii. Pozostałe 3 linie porosły zdecydowanie mocniej przekraczając granicę 50%. Po 7 dobach prowokacji zmienność fenotypowa była znacznie mniejsza i wynosiła 50,7%, zaś średnia wartość porastania wzrosła do 51,5%. W tym terminie dla 10 linii stwierdzono porastanie ziarna poniżej 35%, co według Gut i wsp. (1997) może stanowić kryterium odporności na porastanie. Analizując porastanie w kłosach w obu terminach stwierdzono, że tylko linia CGR 899/62a odznaczała się porastaniem zbliżonym do cv. Bombona.

Główną przyczyną przedźniwnego porastania zbóż jest zupełny brak lub szybkie zanikanie spoczynku ziarniaków. Wielu autorów uważa, że na porastanie są narażone szczególnie odmiany wczesne, które dłużej pozostają w polu po dojrzeniu niż odmiany późniejsze (Upadhyay i Paulsen, 1988; DePauw i McCaig, 1991; Masojć, 1996; Wojas i Gut, 2002). W badaniach wykonywanych w warunkach prowokacyjnych różnice w porastaniu ocenianych genotypów mogą być związane z różnicami w terminach dojrzewania (Witkowska, Witkowski, 1992). W naszych badaniach wszystkie linie *T. durum* dojrzewały w tym samym terminie.

Z literatury poświęconej problemowi porastania zbóż wynika, że u pszenicy duży wpływ na skłonność do porastania ma budowa kłosa, a szczególnie te cechy, które decydują o dostępie wody opadowej do ziarniaków i zdolności szybkiego wysychania po powtarzających się krótkotrwałych opadach. Kłos pochylony o dużych ściśle przylegających i pokrytych woskowym nalotem plewach może w znacznym stopniu ograniczać dostęp wody do ziarniaków. Wolno wysychają kłosy typu „club” które mają ściśle upakowane kłoski i dłużej utrzymują wodę (Masojć, 1996).

W naszych badaniach linie *T. durum* nie różniły znacząco pod względem budowy kłosów. Były one ościste, zbite, plewy szczelnie otulały ziarniaki. Kłosy odmiany *T. aestivum* Bombona nie miały ości, plewy otulały ziarno słabiej. Według nas jedną z przyczyn ogólnie silnego porastania ziarna pszenicy twardej w Polsce mogą być nietypowe dla tego gatunku warunki uprawy. Na świecie *T. durum* jest uprawiana głównie w rejonach suchych i ciepłych. U nas w okresie wegetacji są stosunkowo niższe temperatury i większa wilgotność co sprzyja porastaniu.

Tabela 1

Sklonność do porastania, spoczynek poźniwny oraz wrażliwość na ABA ziarniaków *T. durum*
Sprouting susceptibility, postharvest grain dormancy and responsiveness to ABA of *T. durum*

Odmiana/Linia Variety/Line	Porastanie (%) Sprouting (%)		Energia i zdolność kiełkowania (%) Energy and capacity of germination (%)								Wrażliwość na ABA (%) Response to ABA (%)
			w czasie żniw in harvest time		po 4 tyg. after 4 weeks		po 8 tyg. after 8 weeks		z ABA with ABA		
	3 dni 3 days	7 dni 7 days	3 dni 3 days	7 dni 7 days	3 dni 3 days	7 dni 7 days	3 dni 3 days	7 dni 7 days	3 dni 3 days	7 dni 7 days	
Bombona	1,8	7,2	11,0	35,3	97,0	99,3	98,7	100,0	62,7	99,3	36,5
LGR 896/23	2,0	28,7	13,0	60,0	38,0	88,3	54,3	94,3	11,0	70,7	79,8
LGR 896/64a	2,2	28,3	15,7	77,0	43,7	92,3	78,0	99,3	18,0	77,7	76,9
LGR 899/62a	2,2	9,5	11,3	65,7	30,3	98,0	75,3	99,0	24,0	92,0	68,1
LGR 626b/99/3	3,7	40,8	26,3	96,0	36,0	94,3	51,7	99,7	21,7	90,3	58,1
LGR 631/99/4	4,8	86,7	36,3	86,3	57,0	96,3	70,3	98,7	38,0	99,0	46,0
LGR 534/99/4	5,0	52,5	28,7	86,7	42,0	98,0	55,0	98,0	21,7	88,3	60,6
LGR 576/99/4	5,3	43,7	23,3	39,7	39,7	77,7	76,3	98,0	31,7	81,7	58,5
LGR 629/99/3	5,7	52,7	25,7	84,3	55,3	97,3	87,7	98,7	30,3	88,7	65,4
LGR 645/99/8	6,5	83,3	42,7	96,3	69,7	98,7	51,7	98,3	15,0	93,3	71,0
LGR 626b/99/4	7,0	30,3	21,3	68,3	26,3	91,3	48,7	97,3	18,0	91,7	63,0
LGR 2424/98/9	9,8	58,5	41,3	89,0	74,3	98,3	87,7	98,7	41,7	88,3	52,5
LGR 900/3a	10,0	25,7	21,0	84,0	41,0	98,0	82,3	98,7	22,3	84,7	72,9
LGR 1359/33	10,5	31,5	22,3	75,3	61,3	96,3	81,3	99,0	36,7	86,0	54,9
LGR 1359/8	11,3	32,8	49,7	70,0	81,7	87,7	95,0	98,0	40,0	80,7	57,9
LGR 629/99/2	11,3	58,2	21,7	78,7	32,3	94,3	42,3	98,0	20,7	96,0	51,2
LGR 626a/99/1b	11,5	20,8	30,3	74,3	74,3	95,7	90,7	98,7	35,7	86,7	60,7
LGR 657/99/3	12,3	40,8	30,0	70,0	61,0	97,3	63,0	97,3	27,3	91,7	56,6
LGR 579/99/8	13,2	37,0	24,7	56,7	55,0	89,7	84,0	99,0	35,0	94,0	58,3
LGR 635/99/7b	14,3	63,3	29,3	91,7	62,7	97,7	71,0	98,0	22,0	94,0	69,0
LGR 635/99/10	14,8	84,5	61,7	92,3	66,7	99,0	74,3	98,0	25,3	93,3	65,9
LGR 578/99/4	14,8	26,8	32,0	57,7	76,7	96,0	92,0	97,7	56,7	89,0	38,4
LGR 2424/98/5	15,5	77,0	43,3	81,0	49,3	92,7	69,0	95,3	19,7	96,7	71,5
LGR 576/99/6	15,7	40,8	27,3	60,3	42,0	82,0	86,7	97,7	43,0	90,3	50,4
LGR 664/99/1	15,8	39,7	34,7	79,0	60,0	93,7	78,0	97,3	31,0	71,7	60,3
LGR 639/99/2	19,5	75,3	35,7	90,3	65,0	97,7	95,7	99,0	60,7	98,7	36,6
LGR 579/99/6	25,7	60,5	43,3	70,7	71,3	92,7	76,0	96,0	37,3	92,3	50,4
LGR 559/99/3	30,0	99,2	45,3	91,3	78,7	97,0	95,0	99,7	40,7	91,3	57,2
LGR 2470/98/5	31,2	30,8	40,3	82,7	56,3	88,0	83,0	95,0	41,0	82,7	50,6
LGR 2424/98/2	31,5	53,2	53,0	86,7	58,7	97,0	77,7	100,0	22,7	93,7	70,8
LGR 626b/99/1	58,5	93,8	26,0	50,0	51,7	61,0	65,0	72,7	22,3	43,3	65,6
LGR 609/99/3	62,2	90,8	41,0	67,7	53,0	66,0	68,7	76,7	20,7	46,3	69,6
LGR 520/99/4	67,0	96,2	40,7	51,7	51,0	65,0	48,3	64,0	11,7	76,7	75,9
Średnia — Mean	16,7	51,5	31,8	74,1	56,3	91,3	74,4	95,6	30,5	86,1	60,0
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}	9,1	15,2	9,9	12,7	10,7	4,1	11,9	3,2	9,8	5,1	
W (%)	99,0	50,7	38,3	21,5	29,2	11,0	21,0	8,5	43,0	15,0	
h ²	0.93	0.92	0.85	0.86	0.90	0.95	0.87	0.96	0.87	0.96	

Odporność na porastanie dziedziczy się u zbóż w sposób ilościowy. W badaniach wykonanych na pszenicy ozimej współczynniki odziedziczalności oszacowane dla tej cechy wahały się w granicach 0,40–0,85% (Upadhyay, Paulsen, 1988; DePauw, McCaig, 1991). Wojas i Gut (2002) wskazują na brak sprzężeń genów warunkujących odporność na porastanie z genami warunkującymi inne ważne cechy pszenicy, jak na przykład: wysokość

roślin, masa ziarniaków, odporność na choroby. Umożliwia to otrzymywanie form pszenicy odpornych na porastanie bez pogarszania innych ważnych cech użytkowych.

W naszych badaniach współczynniki genetycznego uwarunkowania odporności na porastanie ocenianej w warunkach prowokacyjnych były wysokie (0,93 w pierwszym terminie i 0,92 w drugim). Wskazują one na możliwość uzyskania odpornych na porastanie form pszenicy twardej. Selekcję można by prowadzić w oparciu o jawne porastanie po trzech dobach przebywania kłosów w warunkach prowokacyjnych, co sugerują Catapan i wsp. (1990), Trethowan i wsp. (1990) oraz Doliński i Kociuba (1999). Potwierdzeniem opinii tych autorów jest uzyskany w naszych badaniach współczynnik korelacji pomiędzy ocenami porastania po 3 i 7 dniach ($r_{xy} = 0,599$) (tab. 2). Ocena porastania w drugim terminie dała jednak wyniki pewniejsze, gdyż niektóre linie uznane za odporne w pierwszym terminie, w drugim porosły w ponad 80%. Należy jednak zaznaczyć, że wartości te odnoszą się tylko do jednego okresu wegetacji, a jak podają Derera i wsp. (1977), Gut i wsp. (1997) oraz Wu i Carver (1999) wpływ środowiska na ekspresję tej cechy może być znaczny.

Energia kiełkowania ziarniaków oznaczona w szalkach była u 29 linii *T. durum* i odmiany *T. aestivum* Bombona większa od jawnego porastania ocenionego w tym czasie w komorze wilgotnościowej. Podobnie przedstawiały się proporcje ocen porastania po 7 dobach prowokacji i zdolności kiełkowania ocenionej na szalkach. Trzy linie zachowały się inaczej, porastanie w kłosach było większe od kiełkowania wymłóconych ziarniaków (tab. 1). Duże różnice w kiełkowaniu ziarniaków w kłosach i na szalkach Petriego obserwowali inni autorzy (Derera i in., 1977; Salman i in., 1986; Trethowan i Pfeiffer, 1990; Doliński, 1995; Doliński i Kociuba, 1999). W badaniach McCrate i wsp. (1982) w okresie dojrzewania u dwu spośród 18 ozimych odmian *T. aestivum* kiełkowanie ziarna w kłosach umieszczonych w warunkach prowokacyjnych było takie samo jak oceniane w szalkach Petriego. Po dwu tygodniach liczba takich odmian wzrosła do 4.

Badania wykonane na pszenicy (Derera i Bhatt, 1980; Wu i Carver, 1999) i pszenżycie (Salman i in., 1986) wykazały, że słabsze kiełkowanie ziarniaków w kłosach niż po wymłóceniu jest związane z działaniem rozpuszczalnych w wodzie inhibitorów kiełkowania wytwarzanych w wegetatywnych tkankach kłosa. W badaniach Wu i Carver (1999) odmiany i linie biało-ziarnistej pszenicy (*T. aestivum*) różniły się zarówno pod względem ilości tych inhibitorów jak i reakcji zarodków na ich obecność. Wodne wyciągi sporządzane ze zmielonych plew działały różnie, zależnie od pochodzenia plew i zarodków (nasion).

Badane linie pszenicy twardej różniły się istotnie kiełkowaniem ziarniaków ocenianym w szalkach w trzech terminach (tab. 1). W czasie żniw stwierdzono istotne dodatnie zależności między energią kiełkowania a jawnym porastaniem w kłosach ocenianym po 3 i 7 dniach ($r_{xy} = 0,408$ i $0,608$) (tab. 2). Po upływie 4 i 8 tygodni zależność ta nie wystąpiła, otrzymano natomiast istotne ujemne wartości współczynników korelacji dla porastania w okresie żniw i zdolności kiełkowania ziarniaków w szalkach. Ziarniaki genotypów słabiej porastających w czasie żniw kiełkowały po 4 i 8 tygodniach na szalkach mocniej od ziarniaków form podatnych na porastanie. Było to związane z szybkim zanikaniem późniejszego spoczynku ziarniaków.

Tabela 2

Współczynniki korelacji fenotypowych
Phenotypic correlation coefficients

Lp. No.	Cecha Trait	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	Porastanie po 3 dniach Sprouting after 3 days	0,599**	0,408*	-0,188	0,074	-0,763**	-0,109	-0,886**	-0,147	-0,613**	0,180
2	Porastanie po 7 dniach Sprouting after 7 days		0,608**	0,306	0,096	-0,379*	-0,264	-0,503**	-0,222	-0,200	0,152
3	E.K. w czasie żniw G.E. in harvest time			0,448**	0,431*	-0,018	0,112	-0,124	0,041	0,050	0,008
4	Z.K. w czasie żniw G.C. in harvest time				0,010	0,551**	-0,085	0,381*	-0,170	0,326	0,122
5	E.K. po 4 tygodnie G.E. after 4 weeks					0,242	0,635**	0,121	0,642**	0,161	-0,446**
6	Z.K. po 4 tygodnie G.C. after 4 weeks						0,246	0,873**	0,269	0,786**	-0,263
7	E.K. po 8 tygodnie G.E. after 8 weeks							0,354*	0,793**	0,150	-0,456**
8	Z.K. po 8 tygodnie G.C. after 8 weeks								0,347*	0,704**	-0,331
9	E.K. po 8 tygodnie w ABA G.E. after 8 weeks in ABA									0,325	-0,891**
10	Z.K. po 8 tygodnie w ABA G.C. after 8 weeks in ABA										-0,396*
11	Współczynnik wrażliwości na ABA ABA responsiveness coefficient										

* r_{xy} Istotny przy $P = 0,05$; Significant at $P = 0.05$ ** r_{xy} Istotny przy $P = 0,01$; Significant at $P = 0.01$

E.K. — Energia kiełkowania

G.E. — Germination energy

Z.K. — Zdolność kiełkowania

G.C. — Germination capacity

Otrzymane wyniki wskazują na to, że w czasie żniw można selekcję prowadzoną w warunkach prowokacyjnych zastępować selekcją w szalkach oceniając energię kiełkowania.

Według szacunkowych ocen stan spoczynkowy ziarniaków w 49–65% decyduje o odporności na porastanie w kłosach. Długość okresu spoczynku późniejszego uwarunkowana jest genetycznie, ale podlega silnym wpływom klimatycznym w okresie dojrzewania ziarna (Hageman i Ciha, 1987; Strand, 1990; Weidner, 1992; Chloupek i in., 1997).

Linie pszenicy twardej wykazywały istotne różnice pod względem stanu spoczynkowego (tab. 1). Ziarniaki linii LGR 626b/99/3 i LGR 645/99/8 nie wykazywały w ogóle spoczynku, w czasie żniw kiełkowanie przekroczyło umowną granicę 95% (Rzepka, 1975). Pięć linii odznaczało się bardzo krótkim spoczynkiem, w czasie żniw kiełkowało około 90% ziarniaków. Spoczynek nasion wzorcowej odmiany *T. aestivum* L. i 16 linii *T. durum* Desf. zanikał przed upływem 4 tygodni liczonych od żniw. U 13 linii spoczynek był dość głęboki gdyż zanikał dopiero przed upływem 8 tygodni. Wyniki uzyskane dla trzech linii są całkiem odmienne od pozostałych. Z jednej strony odznaczały się one długim okresem spoczynku ocenianym w szalkach Petriego (po 8 tygodniach kiełkowały na poziomie 64,0–

76,7%), z drugiej zaś porastanie w kłosach ocenione w czasie żniw przekroczyło 90%. Wymaga to prawdopodobnie głębszych badań.

Istotną rolę w hamowaniu procesów kiełkowania odgrywa u zbóż kwas abscysynowy (ABA) syntetyzowany w obrębie samego zarodka i otaczających go tkankach (Weidner, 1992; Masojć, 1996). Według niektórych autorów selekcję genotypów odpornych na porastanie można u zbóż prowadzić po zaniku spoczynku ziarniaków wykorzystując reakcję na egzogeny ABA. Potwierdzają to wyniki wielu badań w których genotypy odporne na porastanie w czasie żniw po 6–8 tygodniach istotnie obniżały kiełkowanie pod wpływem egzogenego ABA (Walker-Simmons, 1987; Doliński, 1995; Masojć i in., 1995; Masojć i Vu, 1997; Doliński i Kociuba, 1999; Masojć, 2001). W badaniach wykonanych na pszenicy (Walker-Simmons, 1987) dwie odmiany; nie porastająca i wrażliwa na porastanie różniły się ilością endogenego ABA w zarodkach i otaczających tkankach oraz reakcją zarodków na ten inhibitor kiełkowania. Różnice we wrażliwości zarodków były zdecydowanie większe od różnic w ilości ABA.

W naszych badaniach nie stwierdzono wyraźnych zależności pomiędzy reakcją ziarniaków na egzogeny ABA ocenianą po zaniku okresu spoczynku i porastaniem w kłosach ocenianym w czasie żniw w warunkach prowokacyjnych. Korelacje jawnego porastania w kłosach ze współczynnikami wrażliwości na ABA były nieistotne (tab. 2). Na podkreślenie zasługuje fakt, że stosunkowo niską wartością współczynnika wrażliwości na ABA wyróżniła się odporna na porastanie odmiana *T. aestivum* Bombona. Tylko 2 linie pszenicy twardej reagowały na poziomie zbliżonym do tej odmiany, pozostałe miały współczynniki wyższe (tab. 1).

WNIOSKI

1. Z ocenianego zestawu linii pszenicy twardej można wyselekcjonować formy o zwiększonej (dużej) odporności na porastanie. Najlepszych efektów można spodziewać się przy selekcji prowadzonej w warunkach prowokacyjnych (komora wilgotnościowa). Otrzymaliśmy dla jawnego porastania ziarna w kłosach wysokie wartości współczynników zmienności między liniowej i wysokie wartości współczynników odziedziczalności (po 3 dobach $W = 99\%$ i $h^2 = 0,93$, po 7 dobach $W = 50,7\%$ i $h^2 = 0,92$).
2. Wysoka wartość współczynnika korelacji pomiędzy ocenami porastania po 3 i 7 dobach wskazuje na możliwość selekcji w oparciu o oceny 3-dniowe. Jednakże ocena przeprowadzona po 7 dniach wydaje się być bardziej obiektywna, w naszych badaniach niektóre linie uznane za odporne w pierwszym terminie w drugim porosły w ponad 80%.
3. Na wczesnych etapach hodowli *T. durum*, przy dużej liczbie ocenianych genotypów, można w okresie żniw selekcję w komorze wilgotnościowej zastępować selekcją opartą na ocenie energii kiełkowania ziarniaków w szalkach Petriego (kiełkowniku). Należy jednak liczyć się z koniecznością oceny wyselekcjonowanych genotypów w warunkach prowokacyjnych (w następnym okresie wegetacji). W naszych badaniach u niektórych linii porastanie w kłosach było większe od kiełkowania w szalkach.

4. Badania wykazały, że do selekcji nie porastających form pszenicy twardej nie można wykorzystać reakcji na egzogeny ABA ocenianej po zaniku spoczynku późniwnego. Korelacje jawnego porostania w kłosach ze współczynnikami wrażliwości na ABA były nie istotne.

LITERATURA

- Catapan M. I. S., Nunes R. M., Baier A. C. 1990. Evaluation of earliness, sprouting and scab resistance in triticale, wheat and rye. Proceedings of the Second International Triticale Symposium. Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil 1–5 October 1990: 249 — 252.
- Chloupek O., Ehrenbergerova J., Sevicik R., Parizek P. 1997. Genetic and non-genetic factors affecting germination and vitality. Plant Breeding 116: 186 — 188.
- COBORU. 2006. Lista odmian roślin rolniczych i warzywnych. Słupia Wielka.
- DePauw R. M., McCaig T. N. 1991. Components of variation, heritabilities and correlations for indices of sprouting tolerance and seed dormancy in *Triticum* spp. Euphytica 52: 221 — 229.
- Derera N. F., Bhatt G. M., McMaster G. J. 1977. On the problem of preharvest sprouting of wheat. Euphytica 52: 299 — 308.
- Derera N. F., Bhatt G. M. 1980. Germination inhibition of the bracts in relation to pre-harvest sprouting tolerance in wheat. Cereal Res. Com. 8: 199 — 201.
- Doliński R. 1995. Ocena polskich odmian uprawnych i rodów hodowlanych heksaploidalnego ozimego pszenżyta pod względem odporności na porastanie. Biul. IHAR 195/196: 147 — 158.
- Doliński R., Kociuba W. 1999. Odporność na porastanie i spoczynek późniwny ziarniaków w kolekcji pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 211: 153 — 164.
- Gut M., Struś M., Mazurkiewicz B. 1997. Odporność na porastanie a cechy struktury plonu form pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) zgromadzonych w kolekcji roboczej. Biul. IHAR 204: 67 — 73.
- Hageman M. G., Cihra A. J. 1987. Environmental × genotype effects on seed dormancy and after-ripening in wheat. Agronomy J. 79: 192 — 196.
- Masojć P. 1996. Kierunki badań genetycznych nad skłonnością ziarniaków zbóż do przedźniwnego porostania. Post. Nauk Roln. 4/96: 27 — 40.
- Masojć P. 2001. Ocena wartości hodowlanej rodów żyta o podwyższonej odporności na porastanie. Biul. IHAR 218/219: 371 — 377.
- Masojć P., Stojalowski P., Łapiński P., Milczarski P. 1995. Wrażliwość na egzogenne regulatory wzrostu a odporność na porastanie odmian, linii i mieszańców żyta ozimego. Biul. IHAR 195/196: 341 — 349.
- Masojć P., Vu D. T. 1997. Hodowla w kierunku podwyższonej odporności żyta na porastanie. Materiały z I Krajowej konferencji „Hodowla Roślin”, 19–20 listopada: 363 — 366.
- McCaig T. N., DePauw R. M. 1992. Breeding for preharvest sprouting tolerance in white-seed-coat spring wheat. Crop Sci. 32: 19 — 23.
- McCrack A. J., Nielsen M. T., Paulsen G. M., Heyne E. G. 1982. Relationship between sprouting in wheat and embryo response to endogenous inhibition. Euphytica 31: 193 — 200.
- Rachoń L., Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2002. Plonowanie nowych linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) w zależności od poziomu nawożenia azotem i ochrony roślin. Annales UMCS, sec. E, 57: 71 — 76.
- Rzepka D. 1975. Ocena odporności na porastanie i spoczynku późniwnego ziarna odmian żyta di- i tetraploidalnego. Cz. I. Długość spoczynku późniwnego ziarna odmian żyta di- i tetraploidalnego. Biul. IHAR 133: 59 — 65.
- Salman D. F., Helm J. H., Duggan T. R., Lakeman D. M. 1986. The influence of chaff extracts on the germination of spring triticale. Agron. J. 78: 863 — 867.
- Segit Z., Szwed-Urbaś K. 2006. Ocena cech jakościowych ziarna wybranych linii pszenicy twardej. Biul. IHAR 240/241: 75 — 82.
- Strand E. 1990. Effects of environmental factors on seed dormancy in cultivar of wheat, barley and oats. Fifth Intern. Symp. on Pre-harvest Sprouting in Cereals. 1995. Westview Press, Bolder, San Francisco, Oxford: 15 — 26.

- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 1996. Wartość ważniejszych elementów plonowania *Triticum durum* z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. Biul. IHAR 200: 291 — 297.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2004. Charakterystyka wybranych cech ilościowych u mieszańców pszenicy twardej. Annales UMCS, sec. E, 59, 1: 101 — 113.
- Trethowan R. M., Pfeiffer W. H. 1990. Evaluation and quantification of mechanisms contributing to sprouting resistance in spring Triticale. Proceedings of the Second International Triticale Symposium. Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil 1-5 October 1990: 125 — 127.
- Trethowan R. M., Pena R. J., Pfeiffer W. H., Amaya A. 1990. Using line source gradients in a multi-environment testing strategy to combine and evaluate mechanisms contributing to sprouting resistance. Proceedings of the Second International Triticale Symposium. Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil 1–5 October 1990: 125 — 127.
- Upadhyay M. P., Paulsen G. M. 1988. Heritabilities and genetic variation for preharvest sprouting in progenies of Clark's Cream white wheat. Euphytica 38: 93 — 100.
- Walker-Simmons M. 1987. ABA levels and sensitivity in developing wheat embryos of sprouting resistant and susceptible cultivars. Plant Physiol. 84: 61 — 66.
- Weidner S. 1992. Przedsprzędne porastanie ziarniaków zbóż i jego regulacja. Post. Nauk Rol. 5/6: 89 — 104.
- Witkowska K., Witkowski E. 1992. Zależność porastania pszenicy ozimej od terminu pobierania prób. Biul. IHAR 184: 25 — 29.
- Wojas T., Gut M. 2002. Współzależności pomiędzy odpornością na porastanie a innymi cechami użytkowymi pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 223/234: 87 — 93.
- Wu J., Carver B. F. 1999. Sprout damage and preharvest sprout resistance in hard white winter wheat. Crop Sci. 39: 441 — 447.

ANNA RAJFURA**WIESŁAW MĄDRY**

Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Wydzielanie grup miejscowości na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych ze zmiennym składem odmian w latach przy użyciu pakietu SEQRET

Część I. Teoretyczne podstawy analizy retrospektywnej

The clustering of locations based on multi-environment trials with different cultivars across years using the SEQRET package

Part I. Theoretical development of retrospective analysis

W pracy przedstawiono teoretyczne podstawy analizy retrospektywnej na niekompletnych danych historycznych pochodzących z wieloletnich serii doświadczeń w wielu miejscowościach. Analiza ta stanowi integralną część metody pattern analysis i stosuje się do wydzielania grup miejscowości, w których odmiany są podobnie zróżnicowane pod względem plonu. Praca prezentuje aspekt wyznaczania odległości pomiędzy miejscowościami uśrednionych poprzez lata. Opisana metodyka została wykorzystana w procedurach pakietu SEQRET, co zaprezentowano na przykładzie w Części II.

Słowa kluczowe: retrospektywna sekwencyjna analiza skupień, niekompletne historyczne bazy danych, interakcja genotypowo-środowiskowa

This work presents the theoretical development of retrospective analysis methods, which are appropriate to study unbalanced historical data sets from multi-environmental series of experiments carried out for many years. These methods are the first part of pattern analysis methods and they are used for clustering locations in the way by which they discriminate among genotypes. The paper describes an idea of calculating proximities between locations and averaging proximity matrices over years. These procedures were used in the SEQRET package, which has been exemplified in Part II of the work.

Key words: retrospective sequential pattern analysis, unbalanced historical databases, genotype $\times$ environment interaction

WSTĘP

Do celów badania odmian w programie hodowlano-odmianowym przeprowadza się serie doświadczeń w wielu miejscowościach, powtórzonych przez wiele lat. W takich seriach doświadczeń te same odmiany są badane w wielu latach. Jednak w seriach doświadczeń przedrejestrowych w poszczególnych latach zmienia się skład odmian (jedynie odmiany wzorcowe powtarzane są w wielu latach). Ponadto zbiór miejscowości nie zawsze jest taki sam w każdym roku. Dane pochodzące z serii doświadczeń przedrejestrowych zebrane z wielu lat tworzą historyczną bazę danych, która stanowi trójkierunkową klasyfikację genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata (ang. GLY — genotype, location, year) o bardzo dużej niekompletności. Mimo tego, wymieniony rodzaj danych jest przydatny także do badania podobieństw między miejscowościami, w których przeprowadzane były doświadczenia. Podobieństwa między miejscowościami badane są pod względem rodzaju różnicowania odmian dla ważnej cechy (głównie plonu). Ten sposób postępowania umożliwia grupowanie miejscowości, w których odmiany są różnicowane podobnie. Takie grupowanie miejscowości jest bardzo ważnym aspektem badań metodyczno-hodowlanych nad doskonaleniem sieci stacji testujących odmiany w procesie ich hodowli i rejestracji (Lawrence i DeLacy, 1993; DeLacy i in., 1994; Gauch i Nobel, 1997; Zhang i in., 2006). Do wykonania analiz tego rodzaju można zastosować metody pattern analysis, czyli łączne zastosowanie metod analizy skupień oraz analizy składowych głównych (Williams, 1976), dzięki czemu możliwe jest grupowanie badanych miejscowości oraz ocena podobieństw pomiędzy nimi ze względu na sposób różnicowania odmian pod kątem obserwowanej cechy (np. plonowania).

Braki danych w klasyfikacji genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata mogą znacznie utrudnić ich analizę i wnioskowanie w kontekście podobieństwa miejscowości. W szczególności wymienione wcześniej metody analizy skupień wymagają wyznaczenia odległości pomiędzy miejscowościami, podczas, gdy przy braku wyników ze wszystkich miejscowości klasyczne podejście analityczne nie może być zastosowane. Kolejną cechą danych historycznych jest występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej w poszczególnych latach, którą powinna uwzględniać metoda grupowania miejscowości.

DeLacy i wsp. (1996) zaproponowali metodę odpowiednią do analizowania niekompletnych danych historycznych pod kątem oceny odmiennego różnicowania badanej cechy odmian w rozpatrywanych miejscowościach i grupowania podobnych miejscowości. Opiera się ona na zastosowaniu pewnego sposobu uśredniania macierzy odległości między miejscowościami poprzez lata, a dodatkową jej zaletą jest możliwość przeprowadzenia grupowania miejscowości na podstawie ocen efektów interakcji genotypowo-środowiskowej, a nie na wartościach cechy obserwowanej w doświadczeniu. Metodę zaproponowaną w pracy DeLacy i wsp. (1996) zastosowano w pakiecie komputerowym SEQRET (nazwa od ang. SEQuential RETrospective), którego autorami są DeLacy i wsp. (1998).

Celem pierwszej części pracy jest przedstawienie podstaw teoretycznych metody statystycznej do opracowania danych w klasyfikacji trójkierunkowej genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata, które są w znacznym stopniu niekompletne. Metody te służą

głównie uzyskaniu kompletnej macierzy odległości pomiędzy miejscowościami. Wyniki analiz danych rzeczywistych z serii doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą przedstawiono w drugiej części pracy.

IDEA METODY

W wyniku przeprowadzenia w programie hodowlanym serii doświadczeń wielokrotnych w kolejnych latach, ale ze zmiennym składem odmian w poszczególnych latach, uzyskuje się dane obserwowanej cechy (głównie plonu), które tworzą trójkierunkową klasyfikację danych genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata (ang. GLY — genotype, location, year) o bardzo dużej niekompletności. Na podstawie danych dla każdego roku wyliczane są odległości między miejscowościami, które tworzą macierz odległości. Jeśli w pewnym roku brakuje danych z miejscowości, to niemożliwe jest wyznaczenie odległości i na skutek tego macierz odległości dla tego roku ma pusty wiersz i kolumnę. Proponowana metoda rozwiązuje ten problem przez zastosowanie uśredniania odległości między miejscowościami poprzez lata, a następnie wyeliminowanie tych miejscowości, które generują występowanie pustych komórek. Sposób ten daje w wyniku zrównoważoną macierz odległości (bez pustych komórek), którą można następnie analizować standardowymi metodami analizy skupień. Narzędziem do identyfikacji braków danych są opisane dalej macierze incydencji.

Macierze incydencji

Niech y_{ijk} będzie oceną wartości cechy obserwowanej w doświadczeniu w i -tej miejscowości, j -tym roku, dla k -tego genotypu, $n_{g(j)}$ liczbą różnych genotypów uprawianych w miejscowościach w j -tym roku, a n_g maksymalną liczbą genotypów spośród wszystkich lat. Miejscowości w liczbie n_l oraz lata w liczbie n_y identyfikowane są jednoznacznie w całym zbiorze danych, natomiast genotypy identyfikowane są jednoznacznie tylko w ramach roku. Zakłada się przy tym, że genotypy w każdym roku są reprezentacją zasobów genowych w badaniu. Przyjmijmy, że wartości cechy obserwowanej w doświadczeniu (np. plonowania) tworzą macierz o n_l wierszach i n_g kolumnach dla każdego z n_y lat. W macierzach tych występują puste wiersze dla tych miejscowości, z których brak wartości obserwowanej cechy w danym roku i również dla ostatnich $n_g - n_{g(j)}$ kolumn, gdy liczba genotypów uprawianych w danym roku jest mniejsza od maksymalnej n_g . W przedstawianej metodzie definiuje się macierze incydencji Δ , Γ , H , Z , K (DeLacy i in., 1990), których elementy odnoszą się do istnienia lub nieistnienia wyników lub par wyników z doświadczeń.

Pierwsza z macierzy incydencji $\Delta = (\delta_{ijk})$ opisuje istnienie wyników ze względu na genotypy w następujący sposób:

$$\delta_{ijk} = \begin{cases} 1, & \text{gdy wynik } y_{ijk} \text{ istnieje,} \\ 0, & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (1)$$

$$\text{Przy oznaczeniach: } \delta_{ij\bullet} = \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk}, \quad \delta_{i\bullet\bullet} = \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk}, \quad \delta_{\bullet\bullet\bullet} = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk}, \quad (2)$$

$\delta_{ij\bullet}$ jest liczbą wyników dla genotypów uprawianych w i -tej miejscowości w j -tym roku, $\delta_{i\bullet\bullet}$ jest liczbą wyników dla genotypów uprawianych w i -tej miejscowości w ciągu wszystkich lat, $\delta_{\bullet\bullet\bullet}$ jest liczbą wyników dla genotypów uprawianych we wszystkich miejscowościach w ciągu wszystkich lat. Zauważmy, że element $\delta_{ij\bullet}$ przyjmuje wartość zero, tylko wtedy, gdy brak wyników z i -tej miejscowości dla j -tego roku.

Druga macierz incydencji $\Gamma = (\gamma_{ij})$ opisuje istnienie wyników ze względu na miejscowości:

$$\gamma_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{gdy } \delta_{ij\bullet} > 0, \\ 0, & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (3)$$

$$\text{Przy oznaczeniach: } \gamma_{i\bullet} = \sum_{j=1}^{n_y} \gamma_{ij}, \quad \gamma_{\bullet j} = \sum_{i=1}^{n_l} \gamma_{ij}, \quad \gamma_{\bullet\bullet} = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \gamma_{ij}, \quad (4)$$

$\gamma_{i\bullet}$ jest liczbą lat, w których pojawiła się i -ta miejscowość, $\gamma_{\bullet j}$ jest liczbą miejscowości w których przeprowadzono doświadczenia w j -tym roku, $\gamma_{\bullet\bullet}$ jest liczbą wyników uzyskanych we wszystkich kombinacjach miejscowość x rok (we wszystkich seriach doświadczeń wielokrotnych w przeciągu wszystkich lat).

Kolejne trzy macierze incydencji opisują istnienie par wyników (np. dla tego samego genotypu z dwóch różnych miejscowości w tym samym roku). Dla dwóch wyników y_{ijk} , $y_{i'jk}$ definiujemy:

$$\eta_{ii'jk} = \delta_{ijk} \cdot \delta_{i'jk} = \begin{cases} 1, & \text{gdy oba wyniki } y_{ijk} \text{ i } y_{i'jk} \text{ istnieją,} \\ 0, & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (5)$$

$$\text{Przy oznaczeniach: } \eta_{ii'j\bullet} = \sum_{k=1}^{n_g} \eta_{ii'jk}, \quad \eta_{ii'\bullet\bullet} = \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \eta_{ii'jk}, \quad \eta_{i\bullet\bullet\bullet} = \sum_{i' \neq i} \eta_{ii'\bullet\bullet}, \quad (6)$$

$\eta_{ii'j\bullet}$ jest liczbą par wyników dla tych samych genotypów uprawianych w miejscowościach i , i' w j -tym roku (czyli liczbą genotypów wspólnych dla miejscowości i , i'), $\eta_{ii'\bullet\bullet}$ liczbą par wyników dla genotypów wspólnych dla miejscowości i , i' zsumowaną poprzez wszystkie lata; a $\eta_{i\bullet\bullet\bullet}$ liczbą par wyników dla genotypów wspólnych dla miejscowości i -tej i każdej innej niż i -ta zsumowaną poprzez wszystkie lata. Oznaczając $\mathbf{H} = (\eta_{ii'\bullet\bullet})$ otrzymujemy symetryczną macierz incydencji wymiaru $n_l \times n_l$.

Dalej definiujemy:

$$\zeta_{ii'j} = \begin{cases} 1, & \text{gdy } \eta_{ii'j\bullet} > 0, \\ 0, & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (7)$$

Przy oznaczeniach

$$\zeta_{ii'\bullet} = \sum_{j=1}^{n_y} \zeta_{ii'j} \quad \zeta_{i\bullet\bullet} = \sum_{i' \neq i} \zeta_{ii'\bullet} \quad (8)$$

element $\zeta_{ii'\bullet}$ jest liczbą lat, w których istnieją wspólne genotypy dla miejscowości i , i' , a $\zeta_{i\bullet\bullet}$ jest liczbą par wyników dla miejscowości i -tej oraz innej niż i -ta zsumowaną poprzez wszystkie lata. Oznaczając $\mathbf{Z} = (\zeta_{ii'\bullet})$ otrzymujemy symetryczną macierz incydencji wymiaru $n_l \times n_l$. Jeśli pewne dwie miejscowości nigdy nie wystąpiły razem w tym samym roku, element $\zeta_{ii'\bullet}$ będzie miał wartość zero. Pomiedzy takimi miejscowościami nie można wyznaczyć odległości.

Następnie definiujemy:

$$\kappa_{ii'} = \begin{cases} 1, & \text{gdy } \zeta_{ii'\bullet} > 0, \\ 0, & \text{w przeciwnym przypadku.} \end{cases} \quad (9)$$

Zatem $\kappa_{ii'}$ wyraża, czy para wyników dla miejscowości i , i' wystąpiła jednocześnie przynajmniej w jednym roku i wówczas

$$\kappa_{i\bullet} = \sum_{i' \neq i} \kappa_{ii'} \quad (10)$$

jest liczbą miejscowości, z którymi i -ta miejscowość była porównywana przynajmniej w jednym roku. Oznaczając $\mathbf{K} = (\kappa_{ii'})$ otrzymujemy kwadratową symetryczną macierz incydencji wymiaru $n_l \times n_l$.

Macierze $\mathbf{H}$, $\mathbf{Z}$ i $\mathbf{K}$ mają element zerowy poza przekątną, kiedy brak wspólnych genotypów dla dwóch miejscowości i w konsekwencji macierz odległości między miejscowościami ma odpowiedni element pusty.

Model

Przy $\delta_{ij\bullet} > 0$, przyjęty model opisany został następującym równaniem:

$$y_{ijk} = m_{ij} + (g | y | l)_{ijk} \quad (11)$$

gdzie i jest liczbą miejscowości, $i=1, \dots, n_l$; j jest liczbą lat, w których wystąpiła i -ta miejscowość, $j=1, \dots, \gamma_{i\bullet}$; k jest liczbą genotypów uprawianych w kombinacji i -ta miejscowość x j -ty rok, $k=1, \dots, \delta_{ij\bullet}$, m_{ij} jest średnią dla kombinacji i -ta miejscowość x j -ty rok oraz $(g | y | l)_{ijk}$ jest efektem k -tego genotypu w kombinacji i -ta miejscowość x j -ty rok. Dalej oceny wielkości $(g | y | l)_{ijk}$ oznaczane będą przez x_{ijk} .

Transformacje danych

Przed wykonaniem łącznej analizy w latach zalecane jest transformowanie danych. Analizy oparte na danych nietransformowanych wykorzystują całą informację o zmienności w układzie danych, podczas gdy transformacje pozwalają usuwać niektóre składniki zmienności uwypuklając różne aspekty wzorca tkwiące w danych. Oczywiście wybór transformacji powinien być uzależniony od celu badań. (DeLacy i in., 1990). W metodach *pattern analysis* stosowanych do badania zróżnicowania między miejscowościami zalecane jest stosowanie centrowania (Lawrence i DeLacy (1993)) lub standaryzowania (DeLacy i in. (1994) i Mirzawan i in. (1994)) danych względem miejscowości.

Centrowanie danych względem miejscowości polega na odjęciu od każdego wyniku (np. plonu) średniej wyników poprzez miejscowości w danym roku (przez co z wartości cechy wydobyty zostaje efekt interakcji). Natomiast standaryzowanie obejmuje ponadto podzielenie otrzymanych wyników przez odchylenie standardowe dla miejscowości. Po tej transformacji średnie dla miejscowości wynoszą zero, a wariancje jeden dla każdego roku.

Rezultat standaryzacji danych w przedstawianej metodzie opisuje wzór:

$$w_{ijk} = \frac{x_{ijk}}{v_{ij}}, \text{ gdzie } v_{ij}^2 = \frac{1}{\delta_{ij\bullet} - 1} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} x_{ijk}^2, \quad (12)$$

gdzie x_{ijk} są ocenami metody najmniejszych kwadratów, a v_{ij}^2 jest fenotypową wariancją dla miejscowości w danym roku.

Własności transformacji stosowanych w pakiecie SEQRET zostały opisane w pracy Fox i Rosielle (1982).

Odległości między miejscowościami w jednym roku oraz w wielu latach

Zalecaną miarą do wydzielania grup miejscowości o podobnym różnicującym wpływie na genotypy jest kwadrat odległości euklidesowej między miejscowościami. Niech $D_{ii'j}$ oznacza kwadrat odległości euklidesowej między miejscowościami i, i' w j -tym roku. Pamiętając, że $\eta_{ii'j\bullet}$ wyraża liczbę par wyników dla miejscowości i, i' w j -tym roku, $D_{ii'j}$ można wyrazić wzorem:

$$D_{ii'j} = \frac{1}{\eta_{ii'j\bullet}} \sum_{k=1}^{n_g} \eta_{ii'jk} (w_{ijk} - w_{i'jk})^2, \quad (13)$$

przy założeniu, że para wyników istnieje w j -tym roku dla miejscowości i, i' . Jeśli miejscowości i, i' nie występują jednocześnie w j -tym roku, to $\eta_{ii'j\bullet}$ jest zerem i nie można wyliczyć odległości między tymi miejscowościami w danym roku (wówczas macierz odległości dla tego roku nie zawiera wyniku dla miejscowości i, i').

Dalej niech $D_{ii'}$ oznacza kwadrat odległości euklidesowej między miejscowościami i , i' poprzez wszystkie lata. Pamiętając, że $\eta_{ii'..}$ wyraża liczbę par wyników dla miejscowości i , i' w przeciągu wszystkich lat, $D_{ii'}$ można wyrazić wzorem:

$$D_{ii'} = \frac{1}{\eta_{ii'..}} \sum_{j=1}^{n_y} \eta_{ii'j} \cdot D_{ii'j} . \quad (14)$$

Jeśli dwie miejscowości nigdy nie wystąpiły jednocześnie w tym samym roku, $\eta_{ii'..}$ jest zerem i wtedy kwadrat odległości euklidesowej między dwiema miejscowościami nie jest określony. Wówczas macierz odległości wyznaczanych poprzez lata nie zawiera wyniku dla miejscowości i , i' (ma pustą komórkę).

Eliminowanie pustych komórek w macierzy odległości

Macierz odległości pomiędzy miejscowościami poprzez lata **D** ma wymiar $n_l \times n_l$. Jeśli nie występują w niej puste komórki, grupowanie miejscowości można przeprowadzić klasycznymi metodami analizy skupień, w przeciwnym przypadku prezentowana metoda przeprowadza eliminację miejscowości, które generują te braki według opisanej niżej reguły.

Wśród miejscowości z najmniejszymi wartościami $\kappa_{i.}$ należy znaleźć te z najmniejszymi $\eta_{i...}$. Jeśli $\kappa_{i.}$ jest mniejsze niż $n=n_l-1$, usunąć i -ty wiersz i i -tą kolumnę z macierzy **D**, **H**, **Z** i **K**, co zmniejszy stopień tych macierzy o 1. Od nowa wyliczyć $\kappa_{i.}$ oraz $\eta_{i...}$. Powtarzać, aż najmniejsze $\kappa_{i.}=n$, tj. gdy wszystkie $\kappa_{i.}$ są równe i nie ma pustych komórek w macierzach **D**, **H**, **Z** i **K** (takie macierze nazwano zredukowanymi). Przy równych liczebnościach (niektóre $\eta_{i...}$ równe i $\kappa_{i.}$ mniejsze niż n) eliminować należy pierwszą lub ostatnią (najmniejsze lub największe i) wiersz oraz kolumnę.

Skutkiem zastosowania opisanej reguły jest pozostawienie w cyklu eliminacji miejscowości z największą liczbą porównań dla ustalonej liczby innych miejscowości, do których były porównywane w przynajmniej jednym roku.

Dołączenie miejscowości wyeliminowanych z powodu braku porównań

Uzyskanie zredukowanej macierzy odległości może spowodować wyeliminowanie znacznej liczby miejscowości. Z tego względu po wydzieleniu grup miejscowości pozostawionych, można przyporządkować miejscowość wyeliminowaną do jednej z istniejących grup. Opisywana metoda umożliwia dołączenie wyeliminowanej miejscowości i' do grupy I o najbliższym centroidzie, a kwadrat odległości euklidesowej między obiektami określa wzór:

$$d_{i'I}^2 = \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} (x_{i'jk} - \bar{x}_{Ijk})^2 , \text{ gdzie } \bar{x}_{Ijk} = \sum_{i \in I} \delta_{ijk} x_{ijk} . \quad (15)$$

Ocena dopasowania modeli

Niech wyrażenie $\hat{x}_{ijk}$ oznacza przewidywaną wartość k -tej odmiany w i -tej miejscowości w j -tym roku. Kiedy grupy miejscowości zostaną już wydzielone, można przyjąć za $\hat{x}_{ijk}$ wartość średnią obliczoną dla I -tej grupy według wzoru:

$$\hat{x}_{ijk} = \bar{x}_{Ijk} = \sum_{i \in I} \delta_{ijk} x_{ijk} . \quad (16)$$

Dalej niech $SS(T)$ oznacza całkowitą sumę kwadratów:

$$SS(T) = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} (x_{ijk} - \bar{x}_{ij.})^2 = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} x_{ijk}^2 , \quad (17)$$

gdyż x_{ijk} sumują się do zera dla każdej kombinacji miejscowość x rok. Wyrażenie $SS(T)$ można zapisać w postaci sumy składników:

$$SS(T) = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} \hat{x}_{ijk}^2 + \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{j=1}^{n_y} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} (x_{ijk} - \hat{x}_{ijk})^2 = SS(Exp) + SS(Res) \quad (18)$$

(nazwy od ang. explained and residual), a współczynnik determinacji wyznaczony ze wzoru:

$$R^2 = \frac{SS(Exp)}{SS(T)} \quad (19)$$

przyjąć jako całkowitą (tzn. wyznaczoną poprzez lata) miarę efektywności modelu. Sumy kwadratów odchyleń można też rozdzielić na lata:

$$SS(T)_j = \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} \hat{x}_{ijk}^2 + \sum_{i=1}^{n_l} \sum_{k=1}^{n_g} \delta_{ijk} (x_{ijk} - \hat{x}_{ijk})^2 = SS(Exp)_j + SS(Res)_j \quad (20)$$

a współczynnik determinacji wyznaczony ze wzoru:

$$R_j^2 = \frac{SS(Exp)_j}{SS(T)_j} . \quad (21)$$

przyjąć jako miarę efektywności modelu w j -tym roku.

PODSUMOWANIE

Opisana metoda wykorzystująca uśrednianie macierzy odległości poprzez lata (stąd określenie „analiza retrospektywna”) pozwala przeprowadzić analizę skupień dla danych w znacznym stopniu niekompletnych. Dodatkową zaletą jest możliwość przydziału wyeliminowanych miejscowości do wydzielonych grup, dzięki czemu uzyskuje się informacje o tych miejscowościach, które z przyczyn matematycznych, a nie przyrod-

nicznych zostały wyeliminowane ze standardowego postępowania. Metody grupowania obiektów stanowią część postępowania określanego mianem pattern analysis. Opis danych uzupełniają metody ordynacyjne analizujące zależności między badanymi obiektami w wybranym ciągu lat (stąd określenie „analiza sekwencyjna”), pominięte w tej pracy, chociaż zawarte w pakiecie SEQRET.

LITERATURA

- DeLacy I. H., Basford K. E., Cooper M., Fox P. N. 1996. Retrospective analysis of historical data sets from multi-environment trials-Theoretical development. In: Cooper M., Hammer G.L. (eds) *Plant Adaptation and Crop Improvement*. CAB International: 243 — 267.
- DeLacy I. H., Cooper M., Lawrence P. K. 1990. Pattern analysis over years of regional variety trials: relationship among sites. In: Kang M.S. (ed.) *Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding*. Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana (12-13 February): 189 — 213.
- DeLacy I.H., Fox P.N., Corbett J.D., Crossa J., Rajaram S., Fisher R.A. and van Ginkel M. 1994. Long-term association of locations for testing spring bread wheat. *Euphytica* 72: 95 — 106.
- DeLacy I. H., Cooper M., Basford K. E. 1996. Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. In: Kang, M. S., Gauch, H.G. (eds) *Genotype-by-Environment Interaction: New Perspectives*. CRC Press, Boca Raton, Florida: 51 — 84.
- DeLacy I. H., Basford K. E., Cooper M., Fox P. N. 1998. The SEQRET Package: Computer Programs for Retrospective Pattern Analysis, Version 1.1. The University of Queensland, Brisbane 4072, Australia.
- Fox P. N., Rosielle A. A. 1982. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. *Euphytica* 31: 645 — 656.
- Gauch H. G., Zobel R. W. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37: 311 — 326.
- Lawrence P. K. and DeLacy I. H. 1993. Classification of locations in regional cotton variety trials where trial entries change over years. *Field Crops Research* 34: 195 — 207.
- Mirzawani P. D. N., Cooper M., DeLacy I. H., Hogarth D. M. 1994. Retrospective analysis of the relationships among the test environments of the Southern Queensland sugarcane breeding program. *Theoretical and Applied Genetics* 88: 707 — 716.
- Williams W. T. 1976. *Pattern Analysis in Agricultural Science*. Elsevier Scientific Publishing Company, Amsterdam.
- Zhang Y., He Z., Zhang A., van Ginkel M., Ye G. 2006. Pattern analysis on grain yield of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars grown in China and CIMMYT. *Euphytica* 147: 409 — 420.

ANNA RAJFURA¹**WIESŁAW MĄDRY**¹**TADEUSZ DRZAZGA**²**MARZENA IWAŃSKA**¹¹ Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie² Przedsiębiorstwo Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach

Wydzielanie grup miejscowości na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych ze zmiennym składem odmian w latach przy użyciu pakietu SEQRET

Część II. Przykład dla plonu ziarna z doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą

The clustering of locations based on multi-environment trials with different cultivars across years using the SEQRET package

Part II. An example for grain yield from winter wheat pre-registration trials

W pracy przedstawiono zastosowanie metod analizy wzorca do wydzielenia grup miejscowości dla niekompletnych danych z doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą. Przy użyciu pakietu SEQRET wydzielono grupy miejscowości o podobnie różnicującym wpływie na odmiany oraz wyznaczono współczynniki opisujące dopasowanie modelu. Praca prezentuje praktyczne zastosowanie metodyki, której teoretyczny opis zamieszczono w Części I.

Słowa kluczowe: pakiet SEQRET, retrospektywna sekwencyjna analiza wzorca, niekompletne historyczne bazy danych, uśrednione zredukowane macierze odległości

This work presents the example of using pattern analysis methods, which are appropriate to cluster locations for unbalanced historical data sets from multienvironmental series of experiments with winter wheat carried out for many years. The SEQRET package was used for clustering locations in the way by which they discriminate among genotypes, and for calculating determination coefficients for years. The paper presents the use of procedures described in a theoretical Part I in practice.

Key words: SEQRET package, retrospective sequential pattern analysis, unbalanced historical data sets, averaged reduced proximity matrices

WSTĘP

Na podstawie danych pochodzących z wieloletnich serii doświadczeń hodowlano-odmianowych prowadzonych w wielu miejscowościach można wykonać ocenę tych miejscowości ze względu na sposób różnicowania odmian pod kątem plonowania. Do wykonania analiz tego rodzaju służą metody pattern analysis, które wymagają danych kompletnych. Propozycję modyfikacji klasycznych metod wyznaczania odległości między miejscowościami, odpowiedniej do analizowania danych niekompletnych przedstawili DeLacy i wsp. (1996), a zaproponowaną metodykę zastosowali w pakiecie komputerowym SEQRET (nazwa od ang. SEQuential RETrospective; DeLacy i in., 1998). Prezentację idei metody oraz wzory stosowane w programach pakietu SEQRET zawarto w Części I niniejszej pracy.

Celem tej pracy, stanowiącej drugą część opracowania, jest zastosowanie pakietu SEQRET i prezentacja wyników analiz na przykładzie danych dla plonu ziarna pszenicy ozimej z doświadczeń przedrejestrowych.

MATERIAŁ I METODY

Opis programów pakietu SEQRET

Pakiet SEQRET jest zestawem siedmiu programów napisanych w języku Fortran i działających w oknie wiersza poleceń środowiska Windows lub Wine w systemie operacyjnym Linux. Programy tego pakietu wykonują retrospektywną i sekwencyjną analizę za pomocą metody typu pattern analysis, opisaną w pracy DeLacy i wsp. (1996).

Tabela 1

Zestawienie nazw programów pakietu SEQRET z nazwami rozszerzeń plików wejściowych i wyjściowych
The set of programs of the SEQRET package with the names of extensions for the input and output files

Programy Programs	Pliki wejściowe Input files	Pliki wyjściowe — Output files		
		pośrednie ¹ intermediate ¹	Wynikowe — Results	
			do interpretacji ² interpretation ²	do grafiki ³ plotting ³
PRESEQ (PRE-SEQ <u>u</u> ence)	*.NAQ; *.TXT	*.SEQ		
SEQANL (SE <u>Q</u> uential ANA <u>L</u> ysis)	*.NAQ; *.SEQ	*.PRX	*.OCC	
SEQELM (SE <u>Q</u> uential ELi <u>M</u> ination)	*.NAQ; *.PRX	*.EMA; *.MAE	*.ELM	
SEQCLU (SE <u>Q</u> uential CLU <u>s</u> tering)	*.NAQ; *.EMA	*.CLS	*.SCL	*.PCL
SEQORD (SE <u>Q</u> uential OR <u>D</u> ination)	*.NAQ; *.EMA	*.ORS	*.SOR	*.POR; *.ORP
SEQCOR (SE <u>Q</u> uential CO <u>R</u> relation)	*.NAQ; *.SEQ; *.CLS	*.COS(n); *.ALC(n)	*.SCO(n)	
SEQSUM (SE <u>Q</u> uential SU <u>M</u> mary)	*.NAQ; *.CLS; *.ORS; *.AL1; *.ALC		*.SUM	*.DER

¹ Pliki wejściowe dla innych programów, ² Pliki zawierające podsumowania analiz, ³ Pliki zawierające dane do wykonania wykresów w arkuszach kalkulacyjnych

¹ Files required as input for further programs, ² Files containing summaries of analyses, ³ Plotting files containing summary output to be imported into the worksheets for producing dendrograms

Programy wczytują dane z plików tekstowych ASCII, które można tworzyć w bazach danych lub arkuszach kalkulacyjnych oraz przeprowadzają pełną analizę dla każdego roku z wybranego przez użytkownika ciągu lat, z których pochodzą dane. Umożliwiają wybór miary odległości i metody aglomeracji, a wyniki zapisywane są w plikach wyjściowych. Pliki te zawierają opis wydzielonych grup, poziom przecięcia dendrogramu, ocenę dopasowania modelu oraz alokację miejscowości wyeliminowanych metodami opisanymi w Części I prezentowanego opracowania. Pliki wynikowe trzeba importować do pakietów rysujących wykresy, ponieważ same programy pakietu nie wykonują elementów graficznych. Zestawienie nazw programów pakietu SEQRET wraz z nazwami rozszerzeń plików wejściowych i wyjściowych w kolejności, w jakiej są wykorzystywane zawiera tabela 1. Pakiet udostępniany jest przez autorów za darmo.

Dane i analiza

Dane z prezentowanego przykładu pochodziły z doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą przeprowadzonych w latach 1992–2007, łącznie w 16 miejscowościach z 1035 odmianami w całej serii doświadczeń. W poszczególnych latach zmieniała się zarówno liczba odmian w doświadczeniach, jak i zbiór miejscowości. Strukturę analizowanych danych przedstawia tabela 2.

Tabela 2

Liczebność odmian uprawianych w serii doświadczeń w wielu miejscowościach w latach 1992–2007
Numbers of varieties grown up in series of multienvironment experiments carried out in the years 1992–2007

Lata Years	Miejscowości — Locations															
	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12	M13	M14	M15	M16
1992	49	49	49	49	49		49	49	49	49	49	49	49	49		49
1993	53	53	53	53	53		53	53	53	53	53	53	53	53		53
1994	61	61	61	61	61		61	61	61	61	61	61	61	61		61
1996	64	64	64	64	64		64	64	64	64	64	64	64	64		64
1997	62	62	62	62	62		62	62	62	62	62	62	62	62		62
1998		59	59	59	59		59	59	59	59	59	59	59	59	59	59
1999		67	67	67			67	67	67	67	67	67	67			67
2000			71	71				71			71	71		71	71	
2001		77	77	77				77			77	77		77	77	
2002			78	78		78		78			78	78		78	78	
2003			86	86		86		86			86	86		86	86	
2004s1			56	56				56			56	56		56	56	
2004s2			56	56				56			56	56		56	56	
2005s1			57	57				57			57	57		57	57	
2005s2			57	57				57			57	57		57	57	
2006s1			59	59				59			59	59		59	59	
2006s2			59	59				59			59	59		59	59	
2007s1			64	64				64			64	64		64	64	
2007s2			64	64				64			64	64		64	64	

s1, s2 - oznaczenia serii doświadczeń w roku

s1, s2 - signs for series of experiments in a year

Dla tych danych przy użyciu pakietu SEQRET wykonano wydzielenie grup miejscowości pod kątem ich różnicującego wpływu na odmiany. W opcjach analizy wybrano transformację danych w sposób opisany wzorem (12) w Części I, kwadrat odległości euklidesowej jako miarę odległości między miejscowościami, wyliczanie średnich ważonych dla

odległości ze względu na różne liczby odmian w poszczególnych latach oraz metodę aglomeracji Warda dla całego zakresu lat.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przy użyciu programu SEQANL.EXE wyznaczono macierze incydencji oraz macierze odległości między miejscowościami dla każdego roku z analizowanego ciągu lat. Na rysunku 1 przedstawiono macierz odległości **P** dla 1992 roku.

	1	1992						
M1	0.00E+00							
M2	0.59E+03	0.00E+00						
M3	0.13E+04	0.14E+04	0.00E+00					
M4	0.72E+03	0.11E+04	0.17E+04	0.00E+00				
M5	0.17E+04	0.19E+04	0.25E+04	0.27E+04	0.00E+00			
M6	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00		
M7	0.30E+04	0.33E+04	0.32E+04	0.42E+04	0.34E+04	0.00E+00	0.00E+0	
M8	0.58E+03	0.11E+04	0.20E+04	0.93E+03	0.28E+04	0.00E+00	0.41E+0	
M9	0.13E+04	0.18E+04	0.21E+04	0.13E+04	0.35E+04	0.00E+00	0.45E+0	
M10	0.12E+04	0.15E+04	0.11E+04	0.15E+04	0.23E+04	0.00E+00	0.24E+0	
M11	0.91E+03	0.92E+03	0.13E+04	0.14E+04	0.25E+04	0.00E+00	0.34E+0	
M12	0.75E+03	0.92E+03	0.13E+04	0.67E+03	0.27E+04	0.00E+00	0.38E+0	
M13	0.12E+04	0.12E+04	0.13E+04	0.18E+04	0.23E+04	0.00E+00	0.27E+0	
M14	0.47E+03	0.11E+04	0.16E+04	0.93E+03	0.21E+04	0.00E+00	0.32E+0	
M15	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+0	
M16	0.19E+04	0.23E+04	0.26E+04	0.25E+04	0.19E+04	0.00E+00	0.26E+0	

Rys. 1. Macierz odległości **P** dla 1992 roku
Fig. 1. The proximity matrix **P** for the year 1992

Ki.	Kii'																	
13	0																	
13	1	0																
13	1	1	0															
13	1	1	1	0														
13	1	1	1	1	0													
0	0	0	0	0	0	0												
13	1	1	1	1	1	1	0	0										
13	1	1	1	1	1	1	0	1	0									
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0								
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0							
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0						
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0					
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0				
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0

Rys. 2. Macierz incydencji **K** dla 1992 roku
Fig. 2. The incidence matrix **K** for the year 1992


```

For year 2007s2
Record locations with no comparisons
Locations eliminated because they have no comparisons
Loc      name      y_com
Eliminate locations with empty cells
Locations eliminated because they have empty cells
Loc      name      g_com      l_com      y_com
6         M6        1148        14         7
1         M1        3757        65         13
Recalculate marginal frequencies
Locations present and their marginal frequencies
NLN      OLN      LocName      G-Com      L-Com      Y-Com
1         2      M2        5444        90         13
2         3      M3        9686        156        13
3         4      M4        9686        156        13
4         5      M5        4235        73         13
5         7      M7        4905        83         13
6         8      M8        9686        156        13
7         9      M9        4905        83         13
8         10     M10       4905        83         13
9         11     M11       9686        156        13
10        12     M12       9686        156        13
11        13     M13       4905        83         13
12        14     M14       9016        146        13
13        15     M15       6218        96         13
14        16     M16       4235        73         13
Reduced Year Comparisons Matrix
YearComp  KII' ((I1=1,NLC),I2=1,I1))
1         13        1
2         13        1
3         13        1
4         13        1
5         13        1
6         13        1
7         13        1
8         13        1
9         13        1
10        13        1
11        13        1
12        13        1
13        13        1
14        13        1

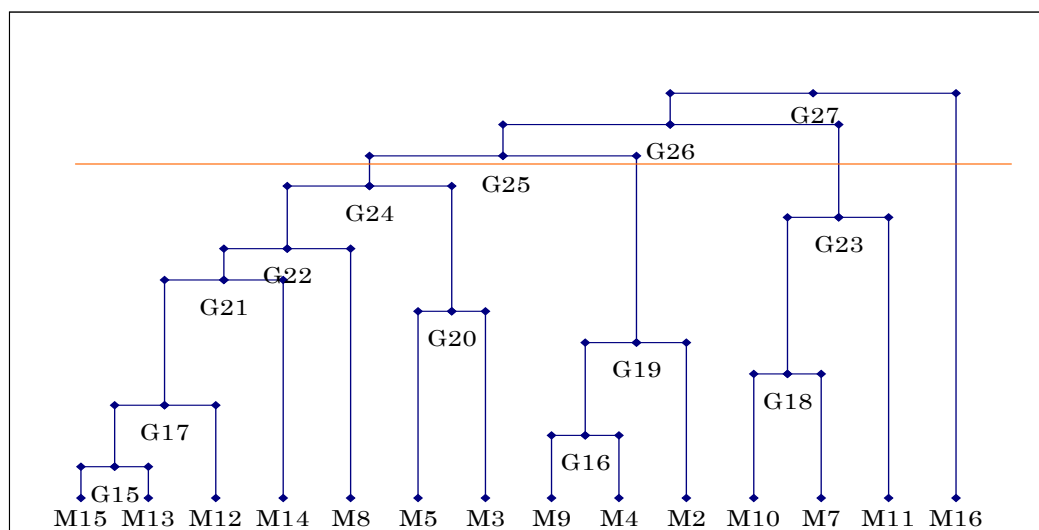
```

Rys. 4. Miejscowości wyeliminowane i zredukowana macierz odległości do 2007 roku
Fig. 4. Locations eliminated and reduced proximity matrix until the year 2007

Jak wcześniej wspomniano, program nie wykonuje dendrogramu, a jedynie wyznacza dane na podstawie których można wykonać rysunek. W prezentowanym przykładzie dendrogram przedstawiony na rysunku 5 wykonano w arkuszu Excel. Stosowane na rysunku oznaczenia z literą M odnoszą się do miejscowości, a z literą G do grup miejscowości. Linia ciągła oznacza poziom przecięcia dendrogramu. Wydzielono cztery grupy: G24 zawierającą 7 miejscowości, G19 i G23 po 3 miejscowości i G14 z jedną miejscowością.

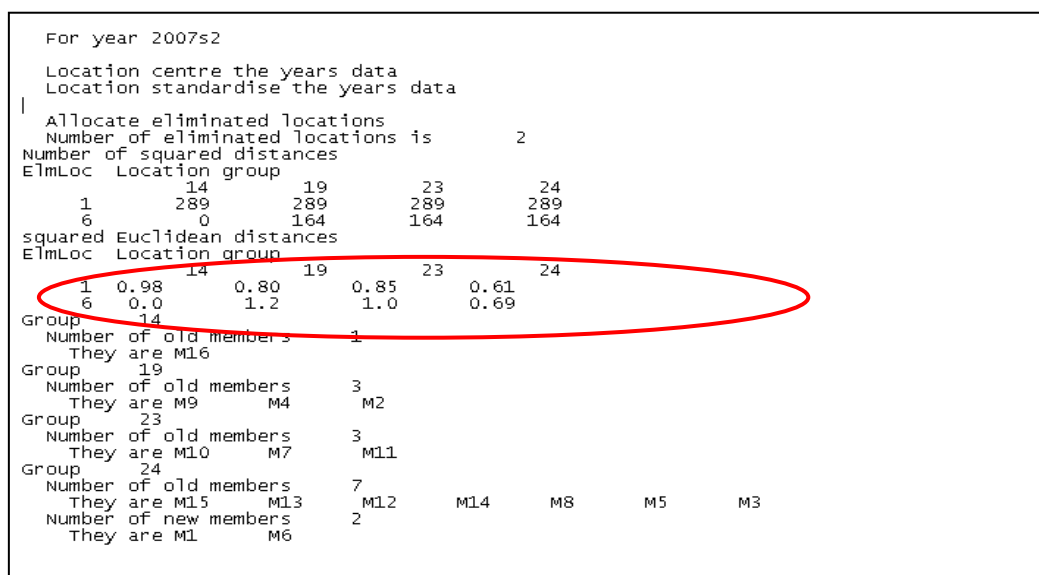
Po wydzieleniu przy użyciu programu SEQCOR.EXE grup miejscowości pozostawionych wykonano przyporządkowanie miejscowości wyeliminowanych do utworzonych grup. Na rysunku 6 określono zestawienie z oznaczeniami miejscowości w pierwszej kolumnie (1, 6) i oznaczeniami grup w pierwszym wierszu (14, 19, 23, 24). Zawiera ono odległości miejscowości od centroidu grupy wyliczone ze wzoru (15) zamieszczonego w Części I.

W przypadku obu miejscowości najmniejszą wartość przyjął odległość od centroidu grupy G24, zatem do tej grupy przydzielono miejscowości M1 i M6.



Rys. 5. Dendrogram wykonany na podstawie zredukowanej macierzy odległości między miejscowościami dla okresu 1992–2007

Fig. 5. A dendrogram made on the basis of reduced proximity matrix among locations for seasons 1992–2007



Rys. 6. Przyporządkowanie wyeliminowanych miejscowości do utworzonych grup

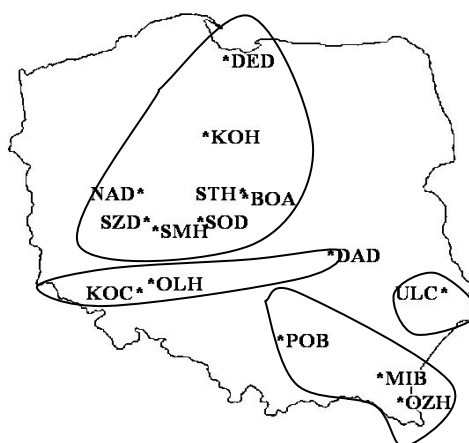
Fig. 6. Allocation of eliminated locations to formed clusters

Ten sam program wyznacza współczynnik dopasowania modelu według wzoru (21) zamieszczonego w Części I dla każdego z 19 lat w serii doświadczeń. Odpowiednie wartości przedstawione są w tabeli 3. Współczynniki determinacji zostały wyznaczone dwukrotnie: dla grup wydzielonych z miejscowości pozostawionych oraz dla grup po przyporządkowaniu miejscowości wyeliminowanych. Łatwo zauważyć, że wyliczone wartości nie wykazują znaczącego pogorszenia oceny dopasowania.

Tabela 3

Efektywność modelu liniowego skalibrowanego w niekompletnej serii GLY przy szacowaniu brakujących plonów ziarna pszenicy ozimej
Effectiveness of the model calibrated in incomplete GLY data for predicting grain yield of winter wheat

Rok <i>j</i> Year <i>j</i>	Współczynniki determinacji dla lat — Determination coefficients for years	
	bez wyeliminowanych miejscowości without eliminated locations	z wyeliminowanymi miejscowościami with eliminated locations
1992	0,49	0,49
1993	0,49	0,49
1994	0,59	0,58
1996	0,49	0,48
1997	0,6	0,6
1998	0,53	0,53
1999	0,56	0,56
2000	0,63	0,63
2001	0,63	0,63
2002	0,59	0,55
2003	0,64	0,63
2004s1	0,61	0,61
2004s2	0,66	0,66
2005s1	0,58	0,58
2005s2	0,61	0,61
2006s1	0,52	0,52
2006s2	0,55	0,55
2007s1	0,68	0,68
2007s2	0,64	0,64
Całkowity — Total	0,58	0,57



Rys. 7. Grupy miejscowości podobnie różnicujące plon ziarna odmian pszenicy ozimej
Fig. 7. Clusters of locations in which winter wheat cultivars differed similarly in grain yield

Wydzielone grupy miejscowości przedstawiono w rejonach geograficznych Polski na rysunku 7.

PODSUMOWANIE

Przy użyciu pakietu SEQRET wydzielono cztery grupy miejscowości biorących udział w serii doświadczeń metodą wykorzystującą uśrednianie macierzy odległości poprzez lata. Analiza skupień została przeprowadzona pomimo znacznej niekompletności wyników. W tabeli 2 łatwo można zauważyć, że miejscowość M6 pojawiła się w doświadczeniach tylko w latach 2002–2003 i nie można było porównać jej z ośmioma miejscowościami, które w tych latach nie wystąpiły. Podobnie miejscowość M1 pojawiła się w doświadczeniach tylko w latach 1992–1997 i nie można było porównać jej z dwiema miejscowościami: M6 i M15. Na tym przykładzie widać, że reguła eliminacji usuwa możliwie najmniej miejscowości z analizy (po usunięciu M1 nie jest już potrzebne usuwanie M15). Natomiast ocenę dopasowania uzyskano także dla miejscowości wyeliminowanych poprzez przydzielenie ich do najbliższych grup. Należy tu podkreślić, że opis danych uzupełniają metody ordynacyjne analizujące zależności między badanymi miejscowościami w wybranym ciągu lat, pominięte w tym opracowaniu, chociaż zawarte w pakiecie SEQRET.

LITERATURA

- DeLacy I. H., Basford K. E., Cooper M., Fox P. N. 1996. Retrospective analysis of historical data sets from multi-environment trials-Theoretical development. In: Cooper M., Hammer G. L. (eds), *Plant Adaptation and Crop Improvement*. CAB International: 243 — 267.
- DeLacy I. H., Basford K. E., Cooper M., Fox P.N. 1998. *The SEQRET Package: Computer Programs for Retrospective Pattern Analysis, Version 1.1*. The University of Queensland, Brisbane 4072, Australia.

HENRYK CICHY¹**ZYGMUNT KACZMAREK**²**ELŻBIETA ADAMSKA**²¹ Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, Oddział Małyszyn² Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Wpływ terminu i gęstości siewu na plon odmian pszenżyta jarego

The influence of sowing time and density on grain yield of spring triticales varieties

W pracy przedstawiono wielowymiarowe podejście do badania wpływu terminów i gęstości siewu na plon i masę 1000 ziaren oraz trzy wybrane cechy technologiczne (ciężar objętościowy, zawartość białka i skrobi w ziarnie) u czterech odmian pszenżyta jarego. Dane z serii doświadczeń prowadzonych w latach 2004–2006 w dwóch miejscowościach opracowano statystycznie stosując metody jedno i wielowymiarowe. Wszystkie doświadczenia były prowadzone w układzie split-plot w 3 powtórzeniach.

Słowa kluczowe: pszenżyto jare, termin siewu, gęstość siewu, plon, seria doświadczeń, wielozmienna analiza wariancji

The paper presents a multivariate approach to estimation of the influence of sowing time and density on grain yield, 1000 grain weight and three technological traits (test weight, protein and starch content) of 4 varieties of spring triticales. The uni- and multivariate statistical methods have been used for data of series of experiments conducted in split-plot design in three replications.

Key words: spring triticales, sowing time, sowing density, yield, series of experiments, MANOVA

WSTĘP

Pszenżyto jare jest od ponad 20 lat uprawiane w Polsce i zyskało stałe miejsce w strukturze zasiewów, jest gatunkiem alternatywnym dla innych gatunków zbóż jarych. Odmiany pszenżyta jarego zarejestrowane w Polsce mają w swoim rodowodzie ozime komponenty rodzicielskie i większość tych odmian jest przewódkami, które mogą w pewnych warunkach wykazywać reakcje nietypowe dla zbóż jarych. Konieczne więc jest poznanie ich specyfiki biologicznej, zwłaszcza zbadanie potrzeb agrotechnicznych w celu optymalizacji wykorzystania genetycznych możliwości plonowania wytworzonych odmian. Dobra tolerancja na zakwaszenie gleby i odporność na występujące czynniki patogeniczne odmian pszenżyta jarego pozwala na uprawę w wielu siedliskach przy wykorzystaniu różnych stopni intensywności agrotechniki. Zbadanie reakcji pszenżyta

jarego na ważne czynniki agrotechniczne jakimi są terminy i gęstości siewu pozwoli na lepsze zrozumienie właściwości poszczególnych odmian w łanie.

MATERIAŁ I METODY

Dwa równoległe doświadczenia przeprowadzono w latach 2004–2006 w Małyszynie i Baczynie (Hodowla Roślin Strzelce Sp. Z o.o. Grupa IHAR, Oddział Małyszyn). Gleba w gospodarstwie Małyszyn zaliczana jest do kompleksu żytniego dobrego, a w Baczynie do żytniego bardzo dobrego. Stosowano trzy terminy siewu: wczesny, normalny i opóźniony. W terminie wczesnym siew był wykonywany 10 dni wcześniej, niż normalny siew w zalecanych dla regionu terminie. Opóźniony termin siewu był o 10 dni późniejszy od normalnego. W każdym terminie stosowano trzy gęstości siewu: gęsty (700 ziaren na m²), optymalny (500 ziaren na m²) i rzadki (300 ziaren na m²). Siew wykonano w rozstawie rzędów 11,5 cm. Doświadczenia przeprowadzono z czterema odmianami pszenżyta jarego: Wanad, Kargo, Matejko i MAH 2802, w układzie split-plot w trzech powtórzeniach, na poletkach 10,4 m².

W celu statystycznego opracowania wyników doświadczenia przeprowadzono wielozmienną analizę wariancji (MANOVA) dla pięciu badanych cech (Caliński i Kaczmarek, 1973). Testowano hipotezy ogólne dotyczące poszczególnych czynników i interakcji między nimi (Caliński i in., 1976). Głównym celem prowadzonych prac było zbadanie wpływu różnych terminów i gęstości siewu na plon 4 odmian pszenżyta jarego. Dla wybranych kombinacji czynników przeprowadzono testowanie jedno- i wielocechowych hipotez ogólnych oraz hipotez szczegółowych dotyczących porównań między poziomami badanych czynników. Szczegółowe różnice między średnimi dla terminu i gęstości siewu oraz kombinacji tych czynników testowano za pomocą testu Newmana-Keulsa. Średnie, które nie różniły się istotnie między sobą przy poziomie istotności 0,05 zostały oznaczone w tabelach tą samą literą, natomiast średnie różniące się między sobą istotnie, zaznaczano pierwszymi literami z grupy: *a, b, c*, dla terminów siewu; *d, e, f* dla lat; *s, t, u, w*, dla odmian; *x, y, z*, dla gęstości siewu.

WYNIKI

Przeprowadzona dla plonu ziarna, masy 1000 ziarna oraz trzech cech technologicznych wielozmienna analiza wariancji umożliwiła weryfikację wielocechowych i jednocechowych hipotez dotyczących badanych czynników, a w szczególności terminu i gęstości siewu. Wyniki testowania hipotez zakładających nieistotność wpływu badanych czynników na 5 cech łącznie oraz dla każdej z nich oddzielnie zawarte są w tabeli 1. Zwraca uwagę fakt istotnego wpływu zarówno terminów, jak i gęstości siewu na zespół badanych cech. Analizując indywidualnie poszczególne cechy można zauważyć szczególnie istotny wpływ terminu i gęstości siewu na wszystkie cechy za wyjątkiem ciężaru objętościowego.

Tabela 1

Wyniki testowania hipotez o braku różnic między terminami siewu, gęstościami siewu oraz hipotezy o braku interakcji termin $\times$ gęstość siewu dla pszenżyta jarego w latach 2004–2006

The results of testing the hypotheses of no differences caused by sowing times, sowing densities and sowing times $\times$ sowing density interactions for spring triticale, 2004–2006

Czynnik Treatment	Test F dla 5 cech łącznie F test for 5 traits jointly	Testowanie hipotez dla cech (test F) Testing the hypotheses for traits (F test)					F _{0.05}
		Plon Grain yield dt/ha	MTZ TGW (g)	HI (kg)	białko protein content (%)	skrobia starch content (%)	
Termin siewu Sowing time	224,41*	925,30	119,33	2,21	70,81	13,23	3,02
Gęstość siewu Sowing density	59,90*	25,10	128,20	0,79	60,44	3,69	3,02
Interakcja termin $\times$ gęstość Sowing time $\times$ sowing density interaction	6,71*	3,42	7,59	1,34	8,30	1,84	2,33

* Wartość statystyki F dotycząca zróżnicowania poziomów czynnika pod względem wszystkich 5 cech jest istotna na poziomie 0,05

* F statistic value concerning the differences between the treatments in respect of all 5 traits jointly is significant at the 0.05 level

W tabelach 2–4 przedstawione są średnie wartości plonów i wyniki testowania wpływu stosowanych terminów i gęstości siewu na plon ziarna. Porównania średnich plonów z poszczególnych lat (tab. 2) potwierdziły, że najwyższe plony uzyskano w roku 2005 (w którym występowały umiarkowane temperatury i wysokie opady), a najniższe w 2006 (opóźniona wegetacja, wysokie temperatury i niskie opady).

Tabela 2

Wyniki testowania różnic między średnimi plonów (dt/ha) dla kombinacji rok $\times$ termin siewu $\times$ gęstość siewu

The results of testing the differences between mean yields (dt/ha) for year $\times$ sowing time $\times$ sowing density combinations

Rok Year	Termin siewu Sowing time	Gęstość siewu — Sowing density			Średnia Mean
		700	500	300	
2004	wczesny — early	55,8	57,1	50,8	54,6a
	normalny — normal	51,5	57,0	53,5	54,0a
	późny — late	44,0	42,1	41,0	42,4b
Średnia — Mean		50,4y	52,1x	48,4z	50,3e
2005	Wczesny — early	64,4	64,4	68,2	65,4a
	Normalny — normal	61,4	54,3	53,0	56,2b
	późny — late	47,3	45,2	39,3	43,9c
Średnia — Mean		57,7x	54,6y	53,5z	55,3d
2006	wczesny — early	35,4	36,2	34,9	35,5a
	normalny — normal	31,0	31,1	29,8	30,6b
	późny — late	26,3	27,1	26,9	26,8c
Średnia — Mean		30,9x	31,5x	30,6x	31,0f

Wysokość plonu, w zależności od gęstości siewu, była różna w poszczególnych latach. W roku 2005 zachowana była kolejność od najwyższych plonów dla siewu gęstego poprzez optymalny do najniższych dla siewu rzadkiego, podczas gdy w roku 2004 siew gęsty okazał

się gorszy od optymalnego. Średnie plony dla terminu siewu, gęstości siewu i kombinacji tych czynników (łącznie z 3 lat, 2 miejscowości i dla 4 odmian) zawarte są w tabeli 3.

Tabela 3

Wyniki testowania różnic między średnimi plonów (dt/ha) dla kombinacji termin siewu × gęstość siewu
The results of testing the differences between mean yields (dt/ha) for sowing times × sowing density combinations

Termin siewu Sowing time	Gęstość siewu — Sowing density			Średnia Mean
	700	500	300	
Wczesny — Early	51,8 ^{ab}	52,6 ^a	51,3 ^b	51,9 ^d
Normalny — Normal	48,0 ^a	47,4 ^a	45,4 ^b	47,0 ^e
Późny — Late	39,2 ^a	38,1 ^b	35,7 ^c	37,7 ^f
Średnia — Mean	46,3 ^x	46,0 ^x	44,2 ^z	45,5

Ułożyły się one w kolejności od najwyższych w terminie wczesnym, istotnie niższych w średnim i istotnie najniższych w terminie późnym. Badane odmiany w omawianym doświadczeniu jednakowo reagowały na opóźnienie terminu siewu, istotnie obniżając plon wraz z opóźnianiem terminu siewu. Podobne wyniki uzyskano wcześniej badając pierwsze zarejestrowane odmiany pszenżyta jarego (Maćkowiak i in., 2000). W innych badaniach odmian pszenżyta jarego, stwierdzono obniżkę plonu ziarna przy opóźnieniu siewu tylko u niektórych z odmian (Nieróbca, 2001, 2008).

Tabela 4

Wyniki testowania różnic między średnimi plonów (dt/ha) dla kombinacji odmiana × termin siewu × gęstość siewu
The results of testing the differences between mean yields (dt/ha) for variety × sowing times × sowing density combinations

Odmiana Variety	Termin siewu Sowing time	Gęstość siewu — Sowing density			Średnia Mean
		700	500	300	
Wanad	wczesny — early	48,3	49,0	47,6	48,3 ^a
	średni — average	44,2	42,7	42,9	43,3 ^b
	późny — late	34,9	32,8	30,3	32,7 ^c
Średnia — Mean		42,5 ^x	41,5 ^x	40,2 ^y	41,4^w
Kargo	wczesny — early	49,0	51,0	48,8	49,6 ^a
	średni — average	44,2	46,0	42,1	44,1 ^b
	późny — late	36,3	36,6	31,9	34,9 ^c
Średnia — Mean		43,2 ^y	44,6 ^x	40,9 ^z	42,9^u
Matejko	wczesny — early	54,9	52,8	51,9	53,2 ^a
	średni — average	52,0	48,1	45,6	48,6 ^b
	późny — late	39,8	38,4	38,0	38,7 ^c
Średnia — Mean		48,9 ^x	46,4 ^y	45,2 ^z	46,8^t
MAH2802	wczesny — early	55,1	57,4	56,9	56,5 ^a
	średni — average	51,5	53,	51,1	51,9 ^b
	późny — late	45,8	44,8	42,9	44,5 ^c
Średnia — Mean		50,8 ^{xy}	51,7 ^x	50,3 ^y	50,9^s

Jeśli chodzi o gęstość siewu to istotnie najwyższe plony uzyskano przy siewie gęstym i optymalnym. Różnica między siewem gęstym a optymalnym wynosiła zaledwie 0,5 dt/ha.

Istotnie najniższy średni plon obserwowano przy rzadkim siewie. Podobny układ średnich plonów dla terminów siewu wystąpił u każdej z czterech odmian (tab. 4).

Kolejność średnich plonów w zależności od gęstości siewu była najwyższa dla gęstości optymalnej, później gęstej i rzadkiej. Zwiększanie ilości wysiewu ponad ilości średnie (około 500 ziaren/m²) w omawianym doświadczeniu nie powodowało istotnego wzrostu plonu ziarna, podobne reakcje odmian pszenżyta jarego stwierdzono w innych badaniach (Chrzanowska-Drożdż i in., 2000; Nieróbca, 2008). Badania gęstości siewu pszenżyta jarego (Stankowski, 1994; Pisulewska i in., 2004) potwierdzają brak możliwości kompensacji ubytku plonu ziarna innymi elementami struktury łanu przy zasiewach rzadkich. W przeprowadzonych badaniach odmiana MAH 2802 (patrz tab. 4) nie reagowała istotną zmianą w wysokości plonu przy zastosowaniu siewu zarówno gęstego jak i rzadkiego. U odmiany Matejko siew gęsty (700 ziaren/m²) istotnie podwyższał plon w porównaniu z siewem o gęstości uznawanej za optymalną (500 ziaren/m²), natomiast u odmiany Kargo taka sama podwyższona norma wysiewu spowodowała obniżkę plonu.

WNIOSEK

Wyniki obliczeń potwierdziły rolę siewu wczesnego w uzyskiwaniu wysokich plonów pszenżyta jarego. Tendencja istotnego obniżania się plonu wraz z opóźnieniem terminu siewu występowała u wszystkich badanych odmian. Wpływ gęstości siewu na plonowanie odmian był mniej znaczący, ale dla większości odmian stwierdzono istotnie niższe plony ziarna przy siewie rzadkim (300 ziaren/m²).

LITERATURA

- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wieloocchowego W: Trzecie Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii, Pan, PTB Warszawa, 258 — 320.
- Caliński T., Dyczkowski A., Kaczmarek Z. 1976. Testowanie hipotez w wielozmiennej analizie wariancji i kowariancji. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne. 45: 77 — 94.
- Maćkowiak W., Budzianowski G., Goworko W., Woś H. 2000. Reakcja odmian zbóż jarych: pszenżyta, owsa, pszenicy i jęczmienia na termin siewu. Zesz. Nauk. AR Szczecin, nr 206: 159 — 162.
- Nieróbca P. 2001. Wpływ nawożenia azotowego, terminu siewu i ilości wysiewu na plon i elementy struktury plonu pszenżyta. Biul. IHAR 220: 147 — 151.
- Nieróbca P. 2008. Reakcja odmian pszenżyta jarego na termin i gęstość siewu. Komunikat. Biul. IHAR 247: 61 — 64.
- Pisulewska E., Kołodziejczyk M., Witkiewicz R. 2004. Plonowanie, struktura plonu oraz kształtowanie się morfotypu pszenżyta jarego w zależności od odmiany i ilości wysiewu. Biul. IHAR 231: 201 — 209.
- Stankowski S. 1994. Wpływ terminu siewu, ilości wysiewu, rozstawy rzędów i gęstości siewu na plonowanie pszenżyta jarego. Rozp. habil., AR Szczecin: 159.

AGNIESZKA TOMKOWIAK¹**ZBIGNIEW BRODA¹****KRZYSZTOF MOLIŃSKI²**¹Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu²Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

Wybór modelu matematycznego dla zależności efektu heterozji mieszańców F₁ od dystansu genetycznego form rodzicielskich żyta i pszenżyta

A choice of the mathematical model for the relationship between heterosis effect of F₁ hybrids and genetic distance of rye and triticale parental lines

Przedmiotem badań były mieszańce żyta i pszenżyta wraz z komponentami rodzicielskimi. Badania miały na celu określenie zależności efektu heterozji mieszańców F₁ żyta i pszenżyta od dystansu genetycznego pomiędzy komponentami rodzicielskimi przy użyciu modeli matematycznych. Zarówno dla markerów molekularnych RAPD jak i AFLP funkcjami najlepiej opisującymi zależność efektu heterozji dla plonu ziarna od dystansu genetycznego były: wielomian trzeciego stopnia $y = a + bx + cx^2 + dx^3$... oraz funkcja liniowa $y = a + bx$. W ostatnim dziesięcioleciu wielu naukowców podjęło próbę wnioskowania o efekcie heterozji poprzez badanie dystansu genetycznego pomiędzy liniami rodzicielskimi. Selekcja przy użyciu markerów molekularnych jest podejściem, które zostało rozwinięte, aby uniknąć problemów związanych z konwencjonalną hodowlą roślin, zmieniającym kryteria selekcji z selekcji fenotypów na bezpośrednią lub pośrednią selekcję genów. Markery molekularne są wykrywalne we wszystkich fazach wzrostu rośliny, nie ma na nie wpływu środowisko w jakim rosną rośliny. Użyteczność danego markera jest zależna od jego zdolności do ujawniania polimorfizmów w sekwencji nukleotydowej, pozwalając na rozróżnienie form allelicznych. Udań zastosowanie markerów molekularnych wspomagające programy hodowlane zależy od dostępności map genetycznych zawierających markery molekularne sprzężone z genami, bliskiego powiązania markerów i genów oraz ich wspólnej segregacji, odpowiedniej rekombinacji zachodzącej pomiędzy markerami związanymi z daną cechą i resztą genomu, możliwości analizowania dużej liczby osobników w sposób efektywny z uwzględnieniem czasu i kosztów przedsięwzięcia.

Słowa kluczowe: heterozja, dystans genetyczny, modele matematyczne, żyto, pszenżyto

The object at the work were rye and triticale hybrids and their parental components. The main goal of the research was to determine, using mathematical models, the relationship between the heterosis effect of F₁ rye and triticale hybrids and genetic distance parental lines. Both for RAPD and AFLP markers, the best function to describes the relationship between the heterosis effect and genetic distance were: cubic polynomial $y = a + bx + cx^2 + dx^3$ and a linear function $y = a + bx$. In the last

decade, may did affords to conclude on the heterosis effect by examining the genetic distance between the parental lines. Selection on the basis of molecular indicators was developed in order to avoid problems related to the traditional farming, and to allow the change from phenotype selection to direct selection of genes. Molecular indicators are detectable in all phases of the plant life and these are not affected by the environment and conditions of plant growth. The usefulness of a certain indicator depends on its ability to reveal polymorphisms in the nucleotide sequence, which makes possible to distinguish between allelic forms. Successful utilization of the molecular indicators depends on: availability of the genetic map containing molecular indicators coupled with genes, close relationships between indicators and genes and their common separation and grouping, appropriate recombination between indicators of a certain feature and the rest of the genome, possibility of analysis of a large number of organisms and consideration of time and cost of the whole project.

Key words: heterosis, genetic distance, mathematical models, rye, triticale

WSTĘP

Nadrzędnym celem hodowli roślin jest doskonalenie istniejących odmian roślin uprawnych w celu zwiększenia ich odporności na choroby, odporności na szkodniki, zwiększenia plenności, jakości oraz innych cech ważnych z punktu widzenia hodowlanego. Jednym z pierwszych etapów hodowli jest dobór form rodzicielskich z dostępnej puli genowej istniejących odmian. Dotychczas, aby właściwie ocenić zasoby genowe pod kątem produktywności, parametrów jakości oraz podatności na biotyczne i abiotyczne czynniki stresogenne, stosowano kosztowne i pracochłonne metody opierające się na wielokrotnych krzyżowaniach i selekcji fenotypowej lub też analizie profili izoenzymatycznych (Karp i in., 1998).

Niejednokrotnie długotrwały i skomplikowany cykl hodowlany można znacznie skrócić prowadząc selekcję z wykorzystaniem markerów DNA. W tym celu wykorzystuje się istnienie bliskiego sprzężenia pomiędzy markerem a *locus* odpowiedzialnym za dziedziczenie cechy użytkowej. Metoda ta często jest określana skrótem MAS (Marker Assisted Selection) i ma szerokie zastosowanie w hodowli roślin drzewiastych oraz hodowli odpornościowej.

Komponenty rodzicielskie do krzyżowań heterozyjnych można dobierać różnymi metodami, oceniając dystans genetyczny na podstawie metod statystycznych (Srivastava, Arunchalam, 1977; Węgrzyn i in., 1994), informacji o pochodzeniu linii przeznaczonych do krzyżowania, markerów białkowych (Fabrizius i in., 1998) oraz markerów molekularnych (Tams i in., 2002).

Celem badań było określenie zależności efektu heterozji mieszańców F_1 żyta i pszenżyta od dystansu genetycznego pomiędzy komponentami rodzicielskimi określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP przy użyciu modeli matematycznych.

MATERIAŁ I METODY BADAŃ

Materiałem roślinnym użytym do badań były linie rodzicielskie żyta oraz komponenty rodzicielskie pszenżyta wraz z mieszańcami pokolenia F_1 . Linie rodzicielskie i mieszańce żyta pochodziły z Hodowli Roślin Danko Spółka z o.o. natomiast komponenty

rodzicielskie i mieszańce pszenżyta pochodziły z Hodowli Roślin Strzelce spółka z o.o. oddziału w Borowie. Użyte w doświadczeniach polowych i analizach molekularnych komponenty rodzicielskie i mieszańce F₁ zamieszczono w tabelach 1 i 2.

Tabela 1

Linie rodzicielskie i mieszańce F₁ żyta
Parental lines and F₁ hybrids of rye

Linie mateczne Female lines	Linie ojcowskie Male lines	Mieszańce F ₁ Hybrids F ₁
S 66P/95	S 93N/95	C SIN 9
S 93P/95	NS 426N/91	C SIN 15
S 157P/98	S 93N/95	C SIN 23
S 213P/98	WS 66N/85	C SIN32
S 93P/95	S 44/94	C SIN2493
S 64P/95	S 93N/95	C SIN 3693

Tabela 2

Komponenty rodzicielskie i mieszańce F₁ pszenżyta
Parental components and F₁ hybrids of triticale

Linie mateczne Female lines	Odmiany populacyjne Population strains	Mieszańce F ₁ Hybrids F ₁
CMS 112 – 15	Witon	BOHT 45
CMS 112 – 15	Krakowiak	BOHT 46
CMS 112 – 15	Pawo	BOHT 47
CMS 114 – 5	Krakowiak	BOHT 49
CMS 114 – 5	Pawo	BOHT 50
CMS Malno 53/3	MAH 3800	BOHT 61
CMS Malno 53/3	Todan	BOHT 62

Trzyletnie doświadczenie z liniami rodzicielskimi i mieszańcami żyta zostało założone w 2004 roku w Stacji Doświadczalnej Katedry Genetyki i Hodowli Roślin na terenie Rolniczego Gospodarstwa Doświadczalnego Poznańskiej Akademii Rolniczej w Dłoni na poletkach o powierzchni 10 m², w układzie bloków losowanych kompletnych w trzech powtórzeniach. Doświadczenie z komponentami rodzicielskimi oraz mieszańcami pszenżyta założono również na poletkach o powierzchni 10 m² w układzie bloków losowanych kompletnych w trzech powtórzeniach w Hodowli Roślin Strzelce sp. z o.o. w Oddziale Borowo.

Zabiegi uprawowe wykonano zgodnie z zasadami poprawnej agrotechniki dla tego gatunku i kierunkiem użytkowania. W badaniach własnych w każdym roku prowadzenia doświadczenia przedplonem dla żyta i pszenżyta była pszenica ozima.

Dla obydwu gatunków wykonano pomiary biometryczne, które obejmowały: długość źdźbła oraz długość kłosa, liczbę kłosków w kłosie, liczbę ziaren w kłosie, liczbę ziaren w kłosku, masę ziarna z kłosa, masy tysiąca ziarna (MTZ) i plon ziarna. Obserwacje przeprowadzano na 10 losowo wybranych roślinach z trzech powtórzeń każdego z komponentów rodzicielskich oraz form mieszańcowych.

Otrzymywanie markerów molekularnych RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)

Genomowy DNA z form mieszańcowych oraz komponentów rodzicielskich żyta i pszenżyta izolowano zmodyfikowaną metodą Thompsona i Henry'ego (1995).

Dyski liściowe o powierzchni 2 mm² traktowano 200 µl buforu TPS o składzie: 100 mM Tris HCl o pH 9,5; 1 M KCl; 10 mM EDTA. Inkubację przeprowadzono w probówkach Eppendorfa w łaźni wodnej w temperaturze 95°C przez 15 minut.

Reakcję łańcuchową polimerazy (PCR) przeprowadzono w objętości 12,5 µl mieszaniny o składzie: woda dejonizowana; 1M Tris HCl o pH 8,3; 25 mM MgCl₂; BSA; 2mM dNTP; starter-5pmoli/µl; Taq polimeraza-5U/µl, ekstrakt DNA-25ng/µl. Taq polimeraza pochodziła z firmy MBI-Fermentas, pozostałe odczynniki pochodziły z firmy SIGMA.

Amplifikację DNA przeprowadzono za pomocą termocyklera T3 BIOMETRA firmy POLYGEN. Po wyjęciu prób z termocyklera do każdej z nich dodano 1 µl barwnika (0,25% błękit bromofenolowy; 40% sacharoza; woda dejonizowana)

Elektroforezę produktów amplifikacji przeprowadzono w 1,5% żelu agarozowym o składzie: 1,5 g agarozy; 100ml buforu TBE1× (10,8 g Tris base; 5,5 g Boric acid; 4ml 0,5 M EDTA pH 8,0); 1 µl bromku etydyny.

Otrzymywanie markerów molekularnych AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)

Izolacja genomowego DNA odbywała się metodą kolumnienkową. Fragmenty liści o powierzchni 6 mm² umieszczono w probówkach z ciekłym azotem i roztarto tkankę roślinną na proszek. Do każdej probówki dodano 400 µl buforu AP1 oraz 3 µl RNAzy. Następnie inkubowano próby przez 30 minut w temperaturze pokojowej i 30 minut w 65°C. Po inkubacji dodano 130 µl buforu AP2 i mieszano na vortexie. Następnie umieszczono próby w lodzie i po 15 minutach wirowano przez 20 minut w 14000 obrotów. Po zwirowaniu zebrano supernatan, który naniesiono na kolumnienki, do których dodano 60 µl buforu AP3. Próby wirowano przez 2 minuty w 8000 obrotów, a następnie dodano 450 µl buforu AW i 50 µl buforu AE. Wyizolowane DNA przechowywano w temperaturze — 20°C.

Trawienie DNA przeprowadzono przy użyciu enzymów restrykcyjnych EcoRI i MseI oraz 5× read buffor. Do strawionego DNA dodano 24 µl adapter ligation solution i 1 µl T4DNA ligazy oraz inkubowano próby w temperaturze 20°C przez 3h. Do mieszaniny po ligacji dodano 90 µl buforu TE o pH 8.0. Pre-amplifikację przeprowadzono przy użyciu termocyklera T3 BIOMETRA firmy Polygen. Do rozcieńczonej matrycy DNA po ligacji dodano 40 µl pre-amp primer mix, 3,5 µl 10 × PCR buffor, 15 µl MgCl₂ oraz 1 µl Taq polimerazy (5 U/µl). Dorozcieńczonej matrycy po pre-amplifikacji dodano MIX1 (startery i dNTP) oraz MIX2 (Taq polimeraza, 10 PCR buffor i MgCl₂). Po zakończeniu reakcji PCR próby mrożono w temperaturze — 20°C. Elektroforezę przeprowadzono w 5% żelu akrylamidowym przez 2,5 h przy 60W, 400mA i 1400V. Detekcja produktów PCR nastąpiła w wyniku barwienia srebrem.

Ocena statystyczna

- Efekty heterozji dla poszczególnych cech struktury plonu mieszańców obliczono względem średniej wartości cechy lepszego z rodziców i względem średniej wartości cechy obojga rodziców przy pomocy programu statystycznego Microsoft Excel. Istotność obliczonych efektów heterozji na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ sprawdzono testem Scheffe'go korzystając z programu DGH 2.
- Modele matematyczne służące do opisu zależności efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP wybrano przy pomocy programu Curve Expert.
- Dokumentacja wyników zarówno reakcji RAPD jak i AFLP obejmuje fotografie uzyskanych obrazów elektroforetycznych oraz ich opracowanie przy użyciu programu komputerowego UVIMAP w funkcji Nei i Li (1979).

$$GS = 2n_{xy} / (n_x + n_y),$$

gdzie $2n_{xy}$ oznacza liczbę par podobnych prążków w obu genotypach natomiast n_x oraz n_y oznaczają liczbę wszystkich prążków dla danego genotypu. Wartość GS oznacza indeks podobieństwa pomiędzy dwoma badanymi genotypami. Dystans genetyczny „D” pomiędzy komponentami rodzicielskimi każdego mieszańca obliczano korzystając ze wzoru:

$$D = 1 - GS.$$

WYNIKI

Dystans genetyczny pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańców F_1 żyta wyznaczony na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP. W przypadku markerów molekularnych RAPD 10 wyselekcjonowanych starterów wygenerowało 65 prążków polimorficznych, pojedyncze startery generowały od 4 do 11 prążków różnicujących badane genotypy (tab. 3).

Tabela 3

Startery dające polimorfizm w liniach żyta przy użyciu markerów RAPD-PCR
Primers detecting polymorphism in rye lines with the use of RAPD-PCR markers

Numer startera Primers no.	Liczba fragmentów DNA Number DNA fragments	Liczba fragmentów polimorficznych Number polymorphic fragments
OPA 04	9	7
OPA 07	12	6
OPA 09	11	5
OPA 12	9	7
OPB 10	11	11
OPB 17	6	4
OPF 08	8	6
OPG 19	8	5
OPH 20	9	7
OPI 12	10	7

Najbardziej efektywnym starterem w generowaniu polimorfizmu okazał się starter OPB 10 (11 prążków polimorficznych). Dla markerów molekularnych AFLP 5

wyselekcjonowanych kombinacji starterów wygenerowało 51 prążków różnicujących. Jedna kombinacja starterów generowała średnio od 7 do 15 prążków polimorficznych (tab. 4).

Tabela 4

Startery dające polimorfizm w liniach żyta przy użyciu markerów AFLP
Primers detecting polymorphism in rye lines with the use of AFLP markers

Numer startera Primers no.	Liczba fragmentów DNA Number DNA fragments	Liczba fragmentów polimorficznych Number polymorphic fragments
E-ACGG M-CAC	27	15
E-ACC M-CAC	12	9
E-AGG M-CTCT	18	10
E-AACA M-CAG	11	7
E-AAC M-CAG	16	10

Największy poziom zróżnicowania uzyskano wykorzystując kombinację starterów E-ACGG, M-CAC (15 prążków polimorficznych). Dla markerów molekularnych RAPD wartość dystansu genetycznego pomiędzy liniami rodzicielskimi poszczególnych mieszańców F₁ żyta mieściła się w zakresie od 78% pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańca CSIN 23 do 89% pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańca CSIN 15 (tab.5). Wartość dystansu genetycznego dla markerów molekularnych AFLP wynosiła od 68% pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańca CSIN 3693 do 84% pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańca CSIN 23 (tab. 5).

Tabela 5

Dystans genetyczny pomiędzy liniami rodzicielskim mieszańców F₁ żyta
Genetic distance between parental lines in F₁ rye hybrids

Mieszańce F ₁ Hybrids	Linie rodzicielskie Parental lines		Dystans genetyczny Genetic distance	
	mateczna female	ojcowska male	RAPD %	AFLP %
C SIN 9	S 66P/95	S 93N/95	87	80
C SIN 15	S 93P/95	NS 426N/91	89	78
C SIN 23	S 157P/98	S 93N/95	78	84
C SIN32	S 213P/98	WS 66N/85	85	81
C SIN2493	S 93P/95	S 44N/94	81	81
C SIN 3693	S 64P/95	S 93N/95	87	68

Dystans genetyczny pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańców F₁ pszenżyta wyznaczony na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP. Dla markerów molekularnych RAPD 10 wyselekcjonowanych starterów wygenerowało 65 prążków polimorficznych. Poszczególne startery generowały od 4 do 11 prążków różnicujących komponenty rodzicielskie (tab. 6).

Tabela 6

Startery dające polimorfizm w liniach pszenżyta przy użyciu markerów RAPD-PCR
Primers detecting polymorphism in triticales lines with the use of RAPD-PCR markers

Numer startera Primers no.	Liczba fragmentów DNA Number DNA fragments	Liczba fragmentów polimorficznych Number polymorphic fragments
OPA 02	9	7
OPA 06	10	6
OPA 09	10	7
OPA 12	10	6
OPA 14	12	7
OPB 17	12	11
OPD 19	10	6
OPH 09	5	4
OPI 11	9	6
OPI 12	9	5

Najwięcej prążków polimorficznych (11) wygenerował starter OPB 17. Dla markerów molekularnych AFLP 5 wyselekcjonowanych kombinacji starterów wygenerowało 50 prążków polimorficznych. Jedna kombinacja starterów generowała średnio od 6 do 15 prążków różnicujących badane genotypy (tab. 7).

Tabela 7

Startery dające polimorfizm w liniach pszenżyta przy użyciu markerów AFLP
Primers detecting polymorphism in triticales lines with the use of AFLP markers

Numer startera Primers no.	Liczba fragmentów DNA Number DNA fragments	Liczba fragmentów polimorficznych Number polymorphic fragments
E-AGG M-CTCT	27	15
E-ACG M-CAC	30	8
E-AAC M-CTCT	19	12
E-ACGG M-CAG	20	6
E-AAG M-CTCT	15	9

Największe zróżnicowanie analizowanych genotypów w postaci liczby prążków polimorficznych dała kombinacja starterów E-AGG, M-CTCT (15 prążków). Z wykorzystaniem markerów molekularnych RAPD otrzymano wartość dystansu genetycznego mieszczącą się w zakresie od 80% pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańca BOHT 46 do 95% pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańca BOHT 61 (Tab. 8). Dystans genetyczny w przypadku markerów molekularnych AFLP mieścił się w zakresie od 86% pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańca BOHT 61 do 94% pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańca BOHT 47 (tab. 8).

Efekt heterozji cech struktury plonu mieszańców F_1 żyta obliczony względem średniej wartości cechy lepszego z rodziców. Mieszańce, u których zaobserwowano najwyższy efekt heterozji pod względem analizowanych cech struktury plonu, to: CSIN 9, CSIN 32 i CSIN 3693 (tab. 9). Mieszańce te pod względem wszystkich cech plonotwórczych z

wyjątkiem liczby ziaren w kłosku dla CSIN 9 i CSIN 3693 przewyższały istotnie linie rodzicielskie. W przypadku mieszańca CSIN 9 efekt heterozji mieścił się w przedziale od 103% dla MTZ do 142% dla plonu ziarna, natomiast w przypadku mieszańca CSIN 32 wahał się od 106% dla liczby ziaren w kłosku do 139% dla plonu ziarna. Efekt heterozji w przypadku mieszańca CSIN 3693 mieścił się w zakresie od 104% dla MTZ do 186% dla plonu ziarna. Najslabiej plonującym mieszańcem był CSIN 23, który nie wykazywał efektu heterozji dla następujących cech: długość źdźbła, długość kłosa, liczba ziaren w kłosie, liczba ziaren w kłosku i MTZ. Istotny jest fakt, że pozostałe mieszańce CSIN 15 i CSIN 2493 również wykazywały istotny efekt heterozji dla plonu.

Tabela 8

Dystans genetyczny pomiędzy liniami rodzicielskim mieszańców F₁ pszenżyta
Genetic distance between parental lines in F₁ triticales hybrids

Mieszańce F ₁ Hybrids	Komponenty rodzicielskie Parental components		Dystans genetyczny Genetic distance	
	mateczny female	ojcowski male	RAPD %	AFLP %
BOHT 45	CMS 112 - 15	Witon	88	92
BOHT 46	CMS 112 - 15	Krakowiak	80	88
BOHT 47	CMS 112 - 15	Pawo	92	94
BOHT 49	CMS 114 - 5	Krakowiak	84	92
BOHT 50	CMS 114 - 5	Pawo	84	91
BOHT 61	CMS Malno 53/3	MAH 3800	95	86
BOHT 62	CMS Malno 53/3	Todan	85	89

Tabela 9

Wielkość efektu heterozji poszczególnych cech struktury plonu mieszańców żyta
Heterosis effect for rye yield and its components

Mieszaniec F ₁ Hybrid F ₁	Długość źdźbła Straw length	Długość kłosa Spike length	Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets in spike	Liczba ziaren w kłosie Number of seeds in spike	Liczba ziaren w kłosku Number of seeds in spikelet	Masa ziarna w kłosie Mass of seeds in spike	MTZ 1000 seed weight	Plon Yield
C SIN 9	109*	137*	137*	125*	89	117*	103*	142*
C SIN 15	106	155*	119	114*	93	147*	107	230*
C SIN 23	99	96	101*	93	90	112*	100*	102*
C SIN 32	107*	130*	109*	116*	106*	118*	107*	139*
C SIN 2493	99	117*	99	107*	103*	109*	102*	123*
C SIN 3693	104*	122*	112*	111*	95	123*	105*	186*

* Istotny przy $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0,05$

Efekt heterozji cech struktury plonu mieszańców F₁ pszenżyta obliczony względem średniej wartości cechy lepszego z rodziców. Najwyższy efekt heterozji pod względem analizowanych cech struktury plonu zaobserwowano w przypadku mieszańców BOHT 47 i BOHT 61 (tab. 10). Mieszańce te istotnie przewyższały komponenty rodzicielskie pod względem analizowanych cech plonotwórczych, z wyjątkiem liczby ziaren w kłosie i

liczby ziaren w kłosku (BOHT 47) oraz liczby ziaren w kłosku (BOHT 61). W przypadku mieszańca BOHT 47 efekt heterozji mieścił się w zakresie od 111% dla liczby kłosek w kłosie do 166% dla masy ziarna z kłosa, natomiast w przypadku mieszańca BOHT 61 wahał się od 101% dla plonu ziarna do 230% dla masy ziarna z kłosa. Najniższy wigor stwierdzono u mieszańca BOHT 46, który nie wykazywał efektu heterozji dla długości źdźbła, liczby ziaren w kłosie oraz liczby ziaren w kłosku.

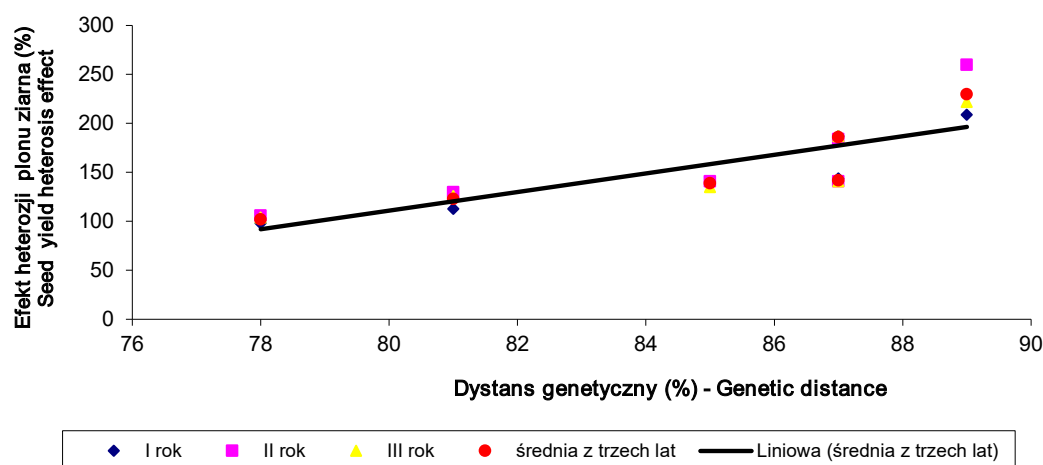
Tabela 10

Wielkość efektu heterozji poszczególnych cech struktury plonu mieszańców pszenżyta
Heterosis effect for triticale yield and its components

Mieszaniec F ₁ Hybrid F ₁	Długość źdźbła Straw length	Długość kłosa Spike length	Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets in spike	Liczba ziaren w kłosie Number of seeds in spike	Liczba ziaren w kłosku Number of seeds in spikelet	Masa ziarna w kłosie Mass of seeds in spike	MTZ 1000 seed weight	Plon Yield
BOHT 45	126*	108*	108*	85	78	152*	119*	128*
BOHT 46	100	102*	104	83	79	140*	106	108*
BOHT 47	133*	120*	111*	97	97	166*	127*	140*
BOHT 49	115*	112*	113*	87	77	121*	115*	127*
BOHT 50	113*	113*	107*	94	87	108*	108*	118*
BOHT 61	144*	143*	117*	106*	90	230*	141*	101*
BOHT 62	123*	120*	107*	106*	99	140*	120*	112*

* - Istotny przy $\alpha = 0,05$

* - Significant at $\alpha = 0,05$



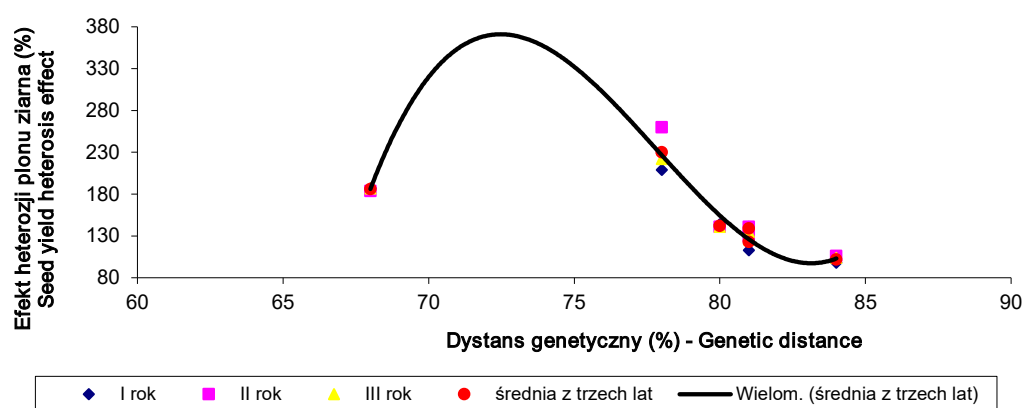
Rys. 1. Zależność efektu heterozji plonu ziarna żyta od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD

Linear fit: $y = a + bx$; ($a = -648,8419$; $b = 9,4971429$)

Coefficient adjust function $r = 0.85$

Fig. 1. Relationship between seed yield heterosis in rye and genetic distance determined with the use of RAPD molecular markers

Przewidywanie efektu heterozji dla plonu ziarna żyta w zależności od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP przy zastosowaniu modeli matematycznych. Dla markerów molekularnych RAPD funkcją opisującą zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego była funkcja liniowa (rys. 1). Wykorzystując tę funkcję, można podjąć próbę predykcji efektu heterozji, o ile wartość dystansu genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi mieści się będzie w zakresie od 78% do 89%. Współczynnik dopasowania funkcji wyniósł $r = 85$. W przypadku markerów molekularnych AFLP funkcją opisującą zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego był wielomian trzeciego stopnia (rys. 2), aby móc wykorzystać tę funkcję do przewidywania efektu heterozji, wartość dystansu genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi powinna mieścić się w zakresie od 68% do 84%. Współczynnik dopasowania funkcji $r = 0,96$ był wyższy od współczynnika dopasowania funkcji dla markerów RAPD i precyzyjniej opisywał tę zależność.



Wielomian trzeciego stopnia: $y = a + bx + cx^2 + dx^3 \dots$ ($a = -209490,97$, $b = 8163,6144$, $c = -105,41937$, $d = 0,45164107$)
Współczynnik dopasowania funkcji $r = 0,96$

Rys. 2. Zależność efektu heterozji plonu ziarna żyta od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych AFLP

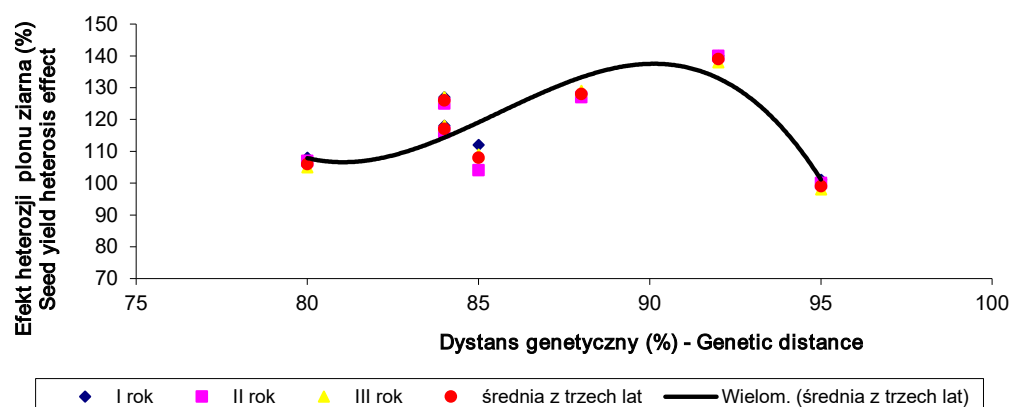
Polynomial fit: $y = a + bx + cx^2 + dx^3 \dots$ ($a = -209490,97$, $b = 8163,6144$, $c = -105,41937$, $d = 0,45164107$)
Coefficient adjust function $r = 0,96$

Fig. 2. Relationship between seed yield heterosis in rye and genetic distance determined with the use of AFLP molecular markers

Przewidywanie efektu heterozji dla plonu ziarna pszenżyta w zależności od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD i AFLP przy zastosowaniu modeli matematycznych

Zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego przy pomocy markerów molekularnych RAPD opisywał wielomian trzeciego stopnia (rys. 3). Wykorzystując tę funkcję można podjąć próbę przewidywania efektu heterozji gdy wartość dystansu genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi mieści się będzie w zakresie od 80% do 95%. Współczynnik dopasowania funkcji wyniósł $r = 84$. Funkcja liniowa

opisywała zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych AFLP (rys. 4).

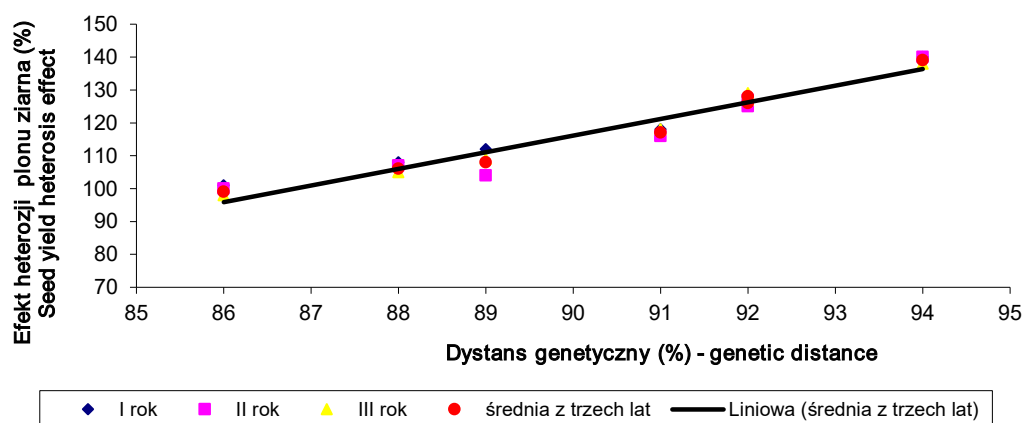


Wielomian trzeciego stopnia: $y = a + bx + cx^2 + dx^3 \dots$ ($a = 51436,586$, $b = -1809,0503$, $c = 21,198483$, $d = -0,082568274$)
Współczynnik dopasowania funkcji $r = 0,84$

Rys. 3. Zależność efektu heterozji plonu ziarna pszenżyta od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych RAPD

Polynomial fit: $y = a + bx + cx^2 + dx^3 \dots$ ($a = 51436,586$, $b = -1809,0503$, $c = 21,198483$, $d = -0,082568274$)
Coefficient adjust function $r = 0.84$

Fig. 3. Relationship between seed yield heterosis in rye and genetic distance determined with the use of RAPD molecular markers



Funkcja liniowa: $y = a + bx$; ($a = -339,25157$, $b = 5,0597484$)
Współczynnik dopasowania funkcji $r = 0,98$

Rys. 4. Zależność efektu heterozji plonu ziarna pszenżyta od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów molekularnych AFLP

Linear fit: $y = a + bx$; ($a = -339,25157$, $b = 5,0597484$)
Coefficient adjust function $r = 0.98$

Fig. 4. Relationship between seed yield heterosis in rye and genetic distance determined with the use of AFLP molecular markers

Funkcję tę można wykorzystać do przewidywania efektu heterozji jeżeli wartość dystansu genetycznego pomiędzy formami rodzicielskimi mieścić się będzie w zakresie od 86% do 94%. Współczynnik dopasowania funkcji $r = 0,98$ był wyższy od współczynnika dopasowania funkcji dla markerów RAPD.

DYSKUSJA

Żyto prawdopodobnie pochodzi z Azji Mniejszej, gdzie znajduje się wiele jego form dzikich. Początkowo było chwastem w zasiewach pszenicy i jęczmienia (Herseg, 1986). Żyto zajmuje w Polsce czołowe miejsce wśród roślin zbożowych, a w uprawie są głównie odmiany populacyjne. Polskie odmiany populacyjne stosunkowo dobrze plonują i trudniej je zastąpić odmianami heterozyjnymi plonującymi średnio o 10-15% wyżej. Korzyści płynące z uzyskania wyższego plonu pochłaniają bowiem relatywnie wysokie koszty produkcji materiału siewnego odmian heterozyjnych.

Pszenżyto (*Triticosecale* Witt.) jest syntetycznym mieszańcem międzyrodzajowym pszenicy z żytem, łączącym w sobie cechy gatunków użytych do krzyżowania. Pszenżyto do uprawy wprowadzono stosunkowo niedawno. Było to możliwe dzięki hodowli tzw. wtórnych mieszańców.

Heterozja jest zjawiskiem genetycznym do dzisiaj nie w pełni wyjaśnionym. Wysunięto wiele hipotez usiłujących je wytłumaczyć, ale żadna do końca nie wyjaśnia zjawiska. Przypuszczalnie jest tak dlatego, że objawy heterozji są zbyt złożone, aby można je było tłumaczyć za pomocą jednego, prostego sformułowania — teorii (Adamczyk, 2004).

We współczesnej hodowli roślin coraz częściej wykorzystywane są techniki biologii molekularnej oparte na analizie DNA, w związku z tym nieustannie prowadzi się badania nad opracowaniem nowych, skutecznych i tańszych metod otrzymywania markerów molekularnych, które będą narzędziem badawczym wszędzie tam, gdzie niezbędna jest analiza genotypu.

W badaniach, które są przedmiotem tej pracy wykorzystano dwa typy markerów molekularnych RAPD i AFLP. W niniejszej pracy w przypadku markerów molekularnych RAPD liczba wygenerowanych prążków polimorficznych, pozwalających na określenie dystansu genetycznego pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańców F_1 , wynosiła od 4 do 11 dla żyta i od 4 do 11 dla pszenżyta. Markery molekularne RAPD okazały się mniej efektywne w generowaniu polimorfizmu niż markery molekularne AFLP.

Markery molekularne AFLP generowały więcej prążków różnicujących analizowane genotypy niż startery użyte w przypadku markerów RAPD, co pozwoliło na bardziej precyzyjne oszacowanie dystansu genetycznego pomiędzy komponentami rodzicielskimi. Liczba wygenerowanych prążków polimorficznych wynosiła od 7 do 15 dla żyta i od 6 do 15 dla pszenżyta. Mimo różnic w liczbie wygenerowanych prążków polimorficznych pomiędzy obydwoimi typami markerów oszacowany na ich podstawie dystans genetyczny pomiędzy analizowanymi komponentami rodzicielskimi był stosunkowo duży. Dla żyta dystans genetyczny określony przy użyciu markerów RAPD mieścił się w zakresie od 78% do 89%, a dla markerów AFLP od 68% do 84%. W przypadku pszenżyta dla markerów

RAPD dystans genetyczny mieścił się w zakresie od 80% do 95% a w przypadku markerów AFLP od 86% do 94%.

Bardzo ważna z punktu widzenia hodowli roślin jest możliwość użycia markerów molekularnych w badaniach cech ilościowych. Najistotniejszym miernikiem tego typu badań jest analiza komponentów genetycznych cechy i ustalenie, które części genomu są odpowiedzialne za dziedziczenie analizowanej cechy przy użyciu markerów molekularnych. W celu uzyskania wystarczającego rozkładu statystycznego podczas mapowania cech wielogenowych lub ilościowych wymagane jest badanie dużych populacji. Zmienność cech ilościowych ma charakter ciągły, wynikający z nakładania się skokowej zmienności mutacyjnej i modyfikujących wpływów środowiska.

Dużym przełomem w hodowli roślin było zastosowanie markerów molekularnych do badania pokrewieństwa pomiędzy analizowanymi obiektami oraz ustalenie ich filogenezy. Badania taksonomiczne stanowią istotne źródło informacji pozwalających zoptymalizować wykorzystanie istniejących zasobów genowych, na przykład poprzez wybranie najodpowiedniejszych form do krzyżowań oddalonych (Grzebelus, Barański, 1996).

Song i wsp. (1990) przy zastosowaniu markerów RFLP opracowali dendrogram obrazujący podobieństwo między 38 genotypami z rodzaju *Brassica*. Udowodnili między innymi istnienie bliskiego pokrewieństwa pomiędzy genomami brokuła i kalafiora oraz kapusty głowiastej i jarmużu. Wykazali, że wraz z ewolucją rodzaju *Brassica* zwiększyła się liczba chromosomów w jego genomie.

Markery DNA uzyskane metodą RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA) znalazły szerokie zastosowanie do badania dystansu genetycznego u wielu gatunków roślin uprawnych. Segregacje markerów RAPD według praw Mendla oraz ich dziedziczenie obserwowano w takich gatunkach jak: jęczmień, soja i lucerna (Williams i in., 1990; Echt i in., 1992).

W rodzaju *Brassica* markery RAPD są uważane za tak samo efektywne jak markery RFLP (Restriction Fragments Length Polymorphism) do szacowania wewnątrz gatunkowego podobieństwa między genotypami (Demke i in., 1992; Thorman i in., 1994; dos Santos i in., 1994).

Badania nad podobieństwem genetycznym u różnych linii rzepaku ozimego prowadził Liersch i Broda (1996) dowiedli, że linie pochodzenia europejskiego wykazały duże podobieństwo genetyczne, znacznie się jednak różniły od linii azjatyckich, świadczy to, że metoda RAPD może być narzędziem mogącym ujawniać zróżnicowanie genetyczne.

W przeprowadzonych badaniach w przypadku żyta potwierdzono, że wysokie zdolności kombinacyjne występują pomiędzy liniami rodzicielskimi mieszańców F₁: CSIN 9, CSIN 32, CSIN 2493 i CSIN 3693. Mieszańce te charakteryzowały się istotnymi efektami heterozji dla większości analizowanych cech struktury plonu. Linie rodzicielskie mieszańców żyta w większości były ze sobą spokrewnione. Niezależnie od stopnia pokrewieństwa dystans genetyczny pomiędzy tymi liniami był duży i wahał się od 68% do 84% dla markerów molekularnych AFLP i od 78% do 89% dla markerów RAPD. Mieszańcami charakteryzującymi się największym wigorem były CSIN 9 i CSIN 3693.

W badaniach własnych potwierdzono, że najwyższa zdolność kombinacyjna dla pszenżyta występuje pomiędzy komponentami rodzicielskimi mieszańców F₁ BOHT 41 i

BOHT 61. Mieszańce te charakteryzowały się istotnymi efektami heterozji dla większości cech struktury plonu. W świetle otrzymanych wyników można przypuszczać, że stosunkowo niskie efekty heterozji dla pszenżyta mogą, podobnie jak dla żyta, wynikać ze spokrewnienia większości komponentów rodzicielskich. Warto nadmienić, że dystans genetyczny pomiędzy komponentami rodzicielskimi pszenżyta, tak samo jak w przypadku żyta był duży i wahał się od 86% do 94% dla markerów AFLP i od 80% do 95% dla markerów RAPD. Można więc przypuszczać, że na różnice w wielkości efektu heterozji u poszczególnych gatunków większy wpływ ma pochodzenie komponentów rodzicielskich niż dystans genetyczny pomiędzy nimi określony na podstawie markerów molekularnych, gdyż u spokrewnionych gatunków pomiędzy którymi był duży dystans genetyczny występował mniejszy efekt heterozji niż u gatunków nie spokrewnionych przy równie dużym dystansie genetycznym.

W ostatnim dziesięcioleciu wielu naukowców podjęło również próbę wnioskowania o efekcie heterozji poprzez badanie dystansu genetycznego pomiędzy liniami rodzicielskimi (Fabrizius i in., 1998; Tams i in., 2002).

Problem dystansu genetycznego, pokrewieństwa i zjawiska heterozji podejmowany był wielokrotnie między innymi przez: Ajmone Marsan i wsp. (1998); Boppenmaier i wsp. (1993); Chareosset, Essioux, (1994); Dubreuil i wsp. (1996).

Publikacje dotyczące tematu, które są efektem dotychczasowych badań nie przyniosły jednoznacznej odpowiedzi na pytanie, czy podobieństwo genetyczne lub pokrewieństwo może być podstawą do wnioskowania o efekcie heterozji. Rzeczywiście mało jeszcze wiemy o zjawisku heterozji i mechanizmach heterozji, potrafimy tylko wykorzystać wigor mieszańców F_1 tworząc odmiany heterozyjne. Jest to problem od strony genetycznej mało poznany lecz aktualny i ważny hodowli roślin.

W badaniach własnych dotyczących żyta podjęto również próbę predykcji efektu heterozji dla plonu w oparciu o wartość dystansu genetycznego pomiędzy analizowanymi liniami rodzicielskimi. Zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów AFLP opisywał wielomian trzeciego stopnia, a współczynnik dopasowania dla tej funkcji wynosił $r = 0,96$. Zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów RAPD opisywała funkcja liniowa, a współczynnik dopasowania funkcji wynosił $r = 0,85$.

Dla pszenżyta, podobnie jak dla żyta, podjęto próbę przewidywania efektu heterozji dla plonu w oparciu o wartość dystansu genetycznego pomiędzy analizowanymi liniami rodzicielskimi. Zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów AFLP opisywała funkcja liniowa, a współczynnik dopasowania dla tej funkcji wynosił $r = 0,98$. Zależność efektu heterozji dla plonu od dystansu genetycznego określonego na podstawie markerów RAPD opisywał wielomian trzeciego stopnia, a współczynnik dopasowania funkcji wynosił $r = 0,84$.

Na podstawie uzyskanych w tej pracy wyników stwierdzono, że zarówno markery molekularne AFLP jak i RAPD w przypadku żyta i pszenżyta mogą być wykorzystane do grupowania linii pod względem pochodzenia oraz linii o niepełnych danych o pochodzeniu. Dobór linii rodzicielskich do krzyżowań powinien odbywać się głównie z wykorzystaniem

analizy istniejącego pomiędzy nimi pokrewieństwa, linie te powinny być również testowane w warunkach polowych.

WNIOSKI

1. Badania wykazały, że markery molekularne RAPD i AFLP są przydatne do określania dystansu genetycznego komponentów rodzicielskich żyta i pszenżyta dla krzyżowań heterozyjnych.
2. Frekwencja polimorficznych produktów amplifikacji była większa w przypadku markerów AFLP w stosunku do markerów RAPD, co pozwoliło na bardziej precyzyjne oszacowanie dystansu genetycznego pomiędzy komponentami rodzicielskimi w tych gatunkach.
3. Zarówno dla zastosowanych markerów RAPD i AFLP zależności efektu heterozji plonu ziarna od dystansu genetycznego najlepiej opisują funkcje matematyczne: wielomian trzeciego stopnia $y=a+bx+cx^2+dx^3...$ oraz funkcja liniowa $y=a+bx$.

LITERATURA

- Adamczyk J., 2004. Genetyczne podstawy hodowli kukurydzy. Zarys Genetyki Zbóż. Tom 2. Pszenżyto, kukurydza i owies (pr. zbior., red. A. G. Górny), wyd. IGR PAN Poznań: 279 — 310.
- Ajmone Marsan P., Castiglioni P., Fusari F., Kuiper M., Motto M. 1998. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.* 96: 61 — 64.
- Boppenmaier J. A., Melchinger G., Seitz H. H. 1993 Genetic diversity for RFLPs in European maize inbreds; III. Performance of crosses within versus between heterotic groups for grain traits. *Plant Breeding* 111: 217 — 226.
- Charcosset A., Essioux L. 1994. The effect of population structure on the relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci. *Theor. Appl. Genet.* 89: 336 — 343.
- Demeke T., Adams R.P., Chibbar R. 1992. Potential taxonomic use of random amplified polymorphic DNA (RAPD): a case study in *Brassica*. *Theor. Appl. Genet.* 84: 990 — 994.
- dos Santos J.B., Nienhuis J., Skroch P., Tivang J., Slocum M. K. 1994. Comparison of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among *Brassica oleracea* L. genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 87: 909 — 915.
- Dubas A. 1999. Kukurydza (8). Praca zbiorowa: „Szczegółowa uprawa roślin”, pod redakcją Z. Jasińskiej i A. Koteckiego. Tom 1. Wyd. AR Wrocław: 263 — 289.
- Dubreuil P., Dufour E., Krejci M., Cause D. 1996. Organization of RFLP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic groups. *Crop Sci.* 36: 790 — 799.
- Echt C. S., Erdahl L. A., McCoy T. J. 1992. Genetic segregation of random amplified polymorphic DNA in diploid cultivated alfalfa. *Genome.* 35: 84 — 87.
- Fabrizius M. A., Busch R. H., Khan K., Huckle L. 1998. Genetic diversity and heterosis of spring wheat crosses. *Crop Sci.* 38: 1108 — 1112.
- Grzebelus D., Barański R. 1996. Zastosowanie metod biotechnologicznych w hodowli roślin.” Praca zbiorowa pod redakcją Barbary Michalik: 35 — 47.
- Herseg J. 1986. Szczegółowa uprawa roślin. PWN, Warszawa: 81 — 97.
- Karp A., Isaac P. G., Ingram D. S. 1998. Molecular tools for screening biodiversity: plants and animals. Chapman and Hall, London.
- Liersch A., Broda I. 1996. Polimorfizm różnych linii dihaploidalnych rzepaku ozimego określony metodą PCR – RAPD. *Rośliny Oleiste, Oilseed Crops.* Tom XVII: 53 — 60.

- Nei M., and Li W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76: 5269 — 5273.
- Song K., Osborn T. C., Williams P. H. 1990. Brassica taxonomy based on nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLP). *Theor. Appl. Genet.* 79: 497 — 506.
- Srivastava H. K., Arunchalam V. 1977. Heterosis as a function of genetic divergence in triticales. *Zeit. Pflanzenzüchtung* 78: 269 — 275.
- Tams S. H., Melchinger A. E., Oettler G., Bauer E. 2002. Assessment of genetic diversity in European winter triticales using molecular markers and pedigree data. *Proc. 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June-5 July 2002*, I: 95 — 103.
- Thompson D., Henry R. 1995. Single step protocol for preparation of plant tissue for analysis by PCR. *Biotechniques*, 19: 394 — 400.
- Thorman C. E., Ferreira M. E., Camargo L. E. A., Tivang J. G., Osborn T. C. 1994. Comparison of RAPD and RFLP markers for estimating genetic relationship within and among cruciferous species. *Theor. Appl. Get.* 88: 973 — 980.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowanie komponentów wariancji genetycznych w czynnikiem modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 — 13.
- Williams J. G. K., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A., Tingey S. V. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18 (22): 6531 — 6535.

HANNA SZAJSNER¹**DANUTA DROZD**¹**JÓZEF BŁAŻEWICZ**²¹ Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu² Katedra Technologii Rolnej i Przechowalnictwa Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Wpływ stymulacji laserowej nasion na kształtowanie cech morfologicznych siewek i wielkość siły diastatycznej form żyta i pszenżyta*

Influence of grain stimulation by laser radiation on morphological characters of seedlings and diastatic power of rye and triticale

Materiałem do badań były cztery odmiany żyta ozimego: Amilo, Dańkowskie Nowe, Diamant i Warko, dwie odmiany żyta jarego — Abago i Bojko oraz pięć odmian pszenżyta ozimego — Fidelio, Grenado, Presto, Woltario, Zorro i dwie odmiany pszenżyta jarego — Legalo i Dublet. W warunkach laboratoryjnych oceniano wpływ zróżnicowanych dawek światła lasera półprzewodnikowego o mocy 200 mW na wartość siewną, cechy morfologiczne oraz siłę diastatyczną badanych odmian żyta i pszenżyta. Odmiany pszenżyta wykazały mniejszą wrażliwość na przedsiewne napromieniowanie ziarniaków niż odmiany żyta. U form ozimych żyta stwierdzono istotną stymulację pod wpływem promieniowania laserowego długości korzeni zarodkowych, koleoptyli oraz pierwszego liścia. Podwyższenie wartości energii i zdolności kiełkowania na skutek w/w zabiegu obserwowano u odmian żyta jarego. U form ozimych pszenżyta obserwowano istotne wydłużenie pierwszego liścia, natomiast u pszenżyta jarego wydłużenie koleoptyli po przedsiewnym napromieniowaniu. Odmiany żyta ozimego reagowały na światło lasera zwiększeniem a formy jare obniżeniem wartości siły diastatycznej. Obserwowano u pszenżyta ozimego istotną interakcję dawek z odmianami, zaś u jarego istotną stymulację siły diastatycznej.

Słowa kluczowe: długość korzenia zarodkowego, długość koleoptyli, długość pierwszego liścia, pszenżyto, siła diastatyczna, światło lasera, żyto

The studies were carried out on four cultivars of winter rye: Amilo, Dańkowskie Nowe, Diamant and Warko, two cultivars of spring rye: Abago and Bojko, five cultivars of winter triticale: Fidelio, Grenado, Presto, Woltario and Zorro, and two cultivars of spring triticale: Legalo and Dublet. In laboratory conditions, the effects of different doses of light from a 200 mW semiconductor laser on sowing value, morphological features and diastatic power were evaluated. The triticale cultivars,

* Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2005–2008 jako projekt badawczy nr 2PO6R 062 29

compared to the rye ones, showed lower sensitivity to pre-sowing radiation of grains. In winter rye forms, significant stimulation by laser radiation of the radicle, coleoptile and first leaf length was found. Higher values of energy and germination capacity as the result of laser treatment were observed in the cultivars of spring rye. Pre-sowing radiation resulted in significant elongation of the first leaf in winter triticale and of the coleoptile in spring triticale. The rye cultivars responded to laser light with an increase in diastatic power in winter forms, and with a decrease in this trait value in spring forms. Significant doses x cultivars interaction was observed in winter triticale, and marked stimulation of diastatic power was recorded with spring triticale forms.

Key words: coleoptile length, diastatic power, first leaf length, laser light, radicle length, rye, triticale

WSTĘP

Światło lasera jest jednym z czynników fizycznych stosowanych w celu uszlachetniania nasion roślin uprawnych. Czynniki fizyczne takie jak światło białe, zmienne pole magnetyczne i elektryczne, promieniowanie mikrofalowe w przeciwieństwie do zabiegów chemicznych jedynie modyfikują przebieg procesów biochemicznych i fizjologicznych w nasionach, nie powodując niekorzystnych zmian w środowisku przyrodniczym (Dziamba i in., 1996; Drozd i Szajsner, 2001). Przypuszcza się, że metoda przedśiewnej biostymulacji laserowej wykorzystuje zjawisko polegające na zdolności pochłaniania i magazynowania energii świetlnej przez nasiona, które mogą przekształcać ją w energię chemiczną. Energia ta jest gromadzona i wykorzystywana w późniejszym wzroście i rozwoju roślin. Światło czerwone o długości fali około 660 nm powoduje przekształcenie fitochromu inicjując tym samym proces kiełkowania nasion. Zastosowane w badaniach promieniowanie laserowe o zbliżonej długości fali może powodować podobny efekt w nasionach (Lityński, 1977; Duczmal i Tucholska, 2000).

Celem badań było określenie wpływu przedśiewnej biostymulacji laserowej ziarniaków wybranych odmian żyta i pszenżyta, zarówno form jarych jak i ozimych, na zmiany siły diastatycznej i wartości siewnej oraz cech morfologicznych siewek. Siła diastatyczna, jest cechą związaną ściśle z genotypem, formą oraz cechami morfologicznymi, jest miernikiem sumarycznej aktywności enzymów amylolitycznych, podstawowym parametrem jakościowym słodu i wskaźnikiem jakości browarnianej odmiany jęczmienia (Ploch i in., 2005). Alfa-amylaza stanowi zasadniczy czynnik katalityczny przy rozkładzie zapasowej substancji jaką jest skrobia. W czasie kiełkowania ziarna, w tarczce zarodkowej rozpoczyna się intensywna biosynteza alfa-amylazy przy odpowiednim poziomie uwodnienia, określonej temperaturze i dostępie tlenu (Kunze, 1999; Foszczyńska, 1997, 2001; Błażewicz i Rytel, 2003).

Światło czerwone o długości fali około 660 nm powoduje przekształcenie fitochromu inicjując tym samym proces kiełkowania nasion. Zastosowane w badaniach promieniowanie laserowe o zbliżonej długości fali może powodować podobny efekt w nasionach.

MATERIAŁ I METODY

W doświadczeniu laboratoryjnym, w komorze do hodowli roślin typ Sanyo MLR — 351 H, badano wpływ światła lasera na energię i zdolność kiełkowania (zgodnie z zaleceniami Polskiej Normy, 1994). Oceniano również cechy morfologiczne roślin we

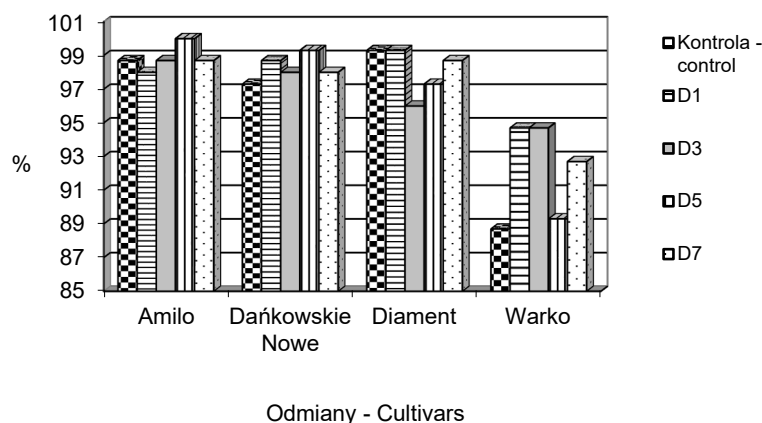
wczesnych fazach rozwojowych — długość korzeni zarodkowych, koleoptyli i pierwszego liścia. Dwuczynnikowe doświadczenia założono metodą serii niezależnych w trzech powtórzeniach, dla form ozimych. W celu zachowania poprawności analiz statystycznych dla form jarych żyta i pszenżyta (badano tylko po dwie odmiany), doświadczenia założono w pięciu powtórzeniach. Do przedświecennego naświetlania ziarniaków żyta i pszenżyta użyto lasera półprzewodnikowego o mocy 200 mW stosując cztery zróżnicowane dawki — jedno (D_1), trzy (D_3), pięć (D_5) i siedmiokrotne naświetlanie (D_7).

Siłę diastatyczną określano w jednostkach Windischa-Kolbacha (W-K). Jednostka W-K odpowiada sile diastatycznej wyrażającej się wytworzeniem przez enzymy zawarte w 100 g słoju jednego grama maltozy z roztworu skrobi (Golachowski i Leszczyński, 1980).

Materiał do badań stanowiły cztery odmiany żyta ozimego: Amilo, Dańkowskie Nowe, Diament i Warko, dwie odmiany żyta jarego: Abago i Bojko oraz pięć odmian pszenżyta ozimego: Fidelio, Grenado, Presto, Woltario, Zorro i dwie odmiany pszenżyta jarego: Legalo i Dublet. Otrzymane z bezpośrednich pomiarów wyniki opracowano statystycznie stosując test F, a w przypadku wystąpienia istotnych różnic w celu wyodrębnienia grup jednorodnych test Duncana.

WYNIKI I DYSKUSJA

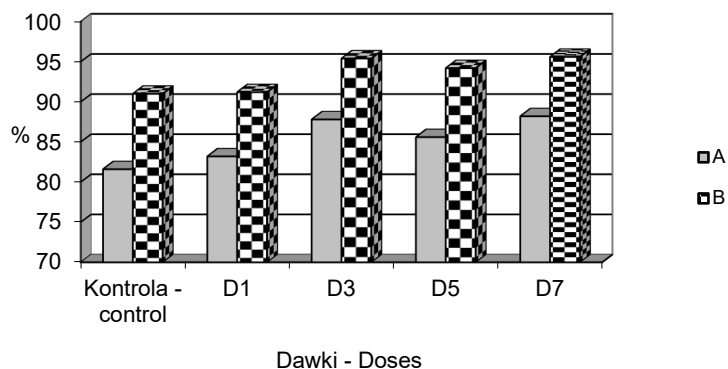
Pod wpływem zastosowanego światła lasera energia kiełkowania nasion żyta uległa zmianie. Dla formy ozimej wykazano interakcję odmian z dawkami (rys. 1), jedynie u odmiany Warko obserwowano istotny wzrost wartości tej cechy.



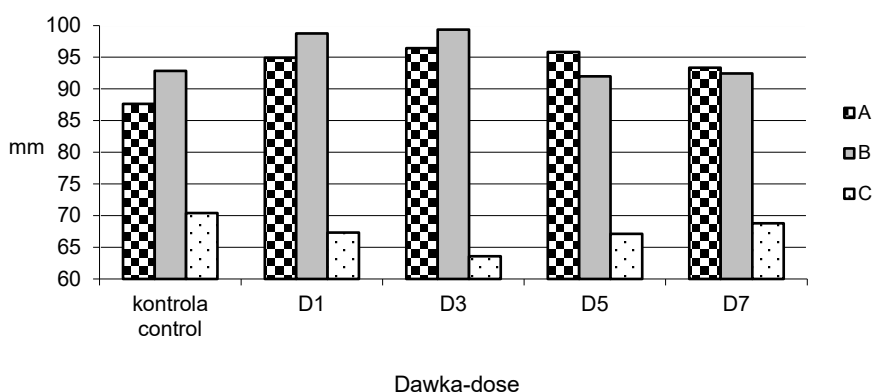
Rys. 1. Energia kiełkowania żyta ozimego — interakcja
Fig. 1. Germination energy of winter rye — interaction

W przypadku jarej formy żyta wartość energii i zdolności kiełkowania zwiększyła się po zastosowaniu trzy-, pięć- i siedmiokrotnego naświetlania (rys. 2). Traktowanie ziarniaków pszenżyta zarówno formy ozimej jak i jarej promieniami lasera półprzewod-

nikowego nie wpłynęło na energię i zdolność kiełkowania. We wcześniej prowadzonych badaniach z innymi odmianami pszenżyta ozimego — Bogo, Presto i Tornado oraz jarego Migo stwierdzono istotny stymulujący wpływ światła laserowego zarówno na energię jak i zdolność kiełkowania nasion (Szajsner i Drozd, 2001).



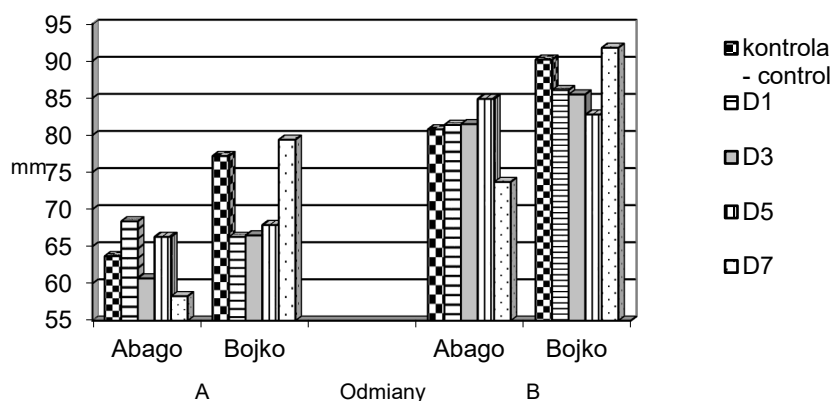
Rys. 2. Energia (A) i zdolność kiełkowania (B) żyta jarego
Fig. 2. Germination energy (A) and capacity (B) of spring rye



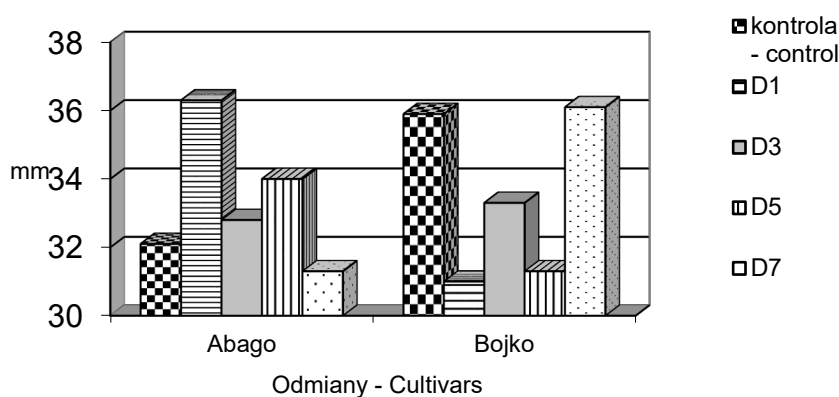
Rys. 3. Długość korzenia zarodkowego (A) i pierwszego liścia (B) żyta ozimego oraz korzenia zarodkowego żyta jarego (C)

Fig. 3. Length of the radicle (A) and first leaf (B) in winter rye and radicle length (C) in spring rye

Długość korzeni zarodkowych u żyta ozimego uległa wydłużeniu po zastosowaniu dawek promieniowania D₁, D₃, D₅ (rys. 3). Stwierdzona interakcja (odmiana × dawka) wykazała największą podatność na światło lasera odmian Amilo i Dańkowskie Nowe. U żyta jarego przeprowadzona analiza statystyczna pozwoliła stwierdzić interakcję odmian z dawkami: u odmiany Bojko korzeń zarodkowy uległ skróceniu (rys.4).

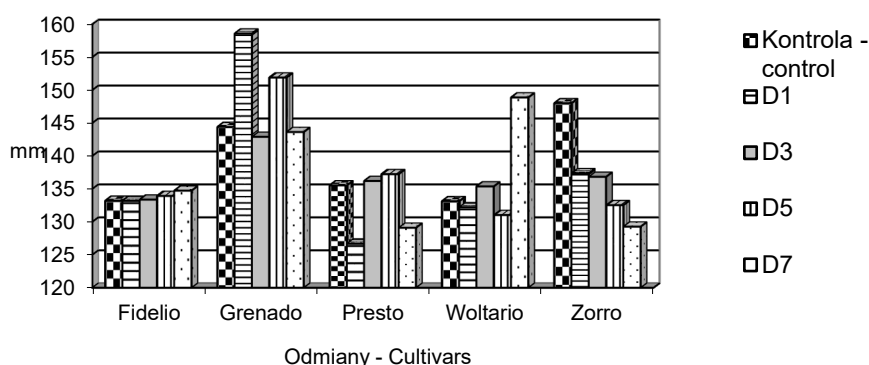


Rys. 4. Długość korzenia zarodkowego (A) i pierwszego liścia (B) żyta jarego — interakcja
Fig 4. Length of the radicle (A) and first leaf (B) in spring rye — interaction



Rys. 5. Długość koleoptyla żyta jarego — interakcja
Fig. 5. Coleoptile length in spring rye — interaction

Pszenżyto jare okazało się gatunkiem mało wrażliwym na promieniowanie laserowe, natomiast dla odmian ozimych otrzymano istotną interakcję — rys. 6. Korzenie zarodkowe odmian Grenado i Woltario uległy wydłużeniu, natomiast u odmiany Zorro obserwowano redukcję długości korzenia zarodkowego. We wcześniejszych badaniach z pszenżytem prowadzonych przez Szajsner i Drozd (2001) stwierdzono istotne wydłużenie korzeni zarodkowych po zastosowaniu przedsiewnego napromieniowania ziarniaków. Może to mieć znaczenie dla wcześniejszego ukorzenienia siewki i intensywniejszego pobierania wody i składników pokarmowych przez rośliny.



Rys. 6. Długość korzenia zarodkowego pszenżyta ozimego — interakcja
Fig. 6. Radicle length in winter triticale — interaction

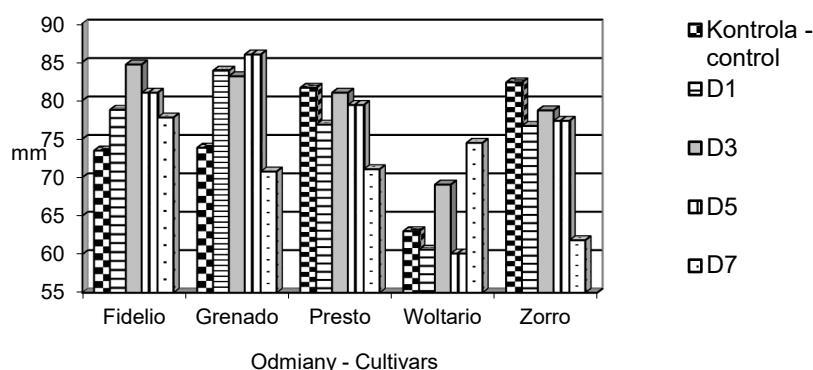
Stwierdzono istotne wydłużenie koleoptyli żyta ozimego po zastosowaniu dawek D₁ i D₃. Odmiany żyta jarego wykazały różną reakcję na zabieg przedsiewnego traktowania nasion światłem laserowym. Dla przykładu u odmiany Abago wystąpiło wydłużenie po zastosowaniu dawki D₁, a u odmiany Bojko skrócenie długości koleoptyli (rys. 5). Tylko wszystkie odmiany pszenżyta jarego zareagowały wydłużeniem koleoptyli po zastosowaniu wszystkich dawek światła lasera (rys. 7).



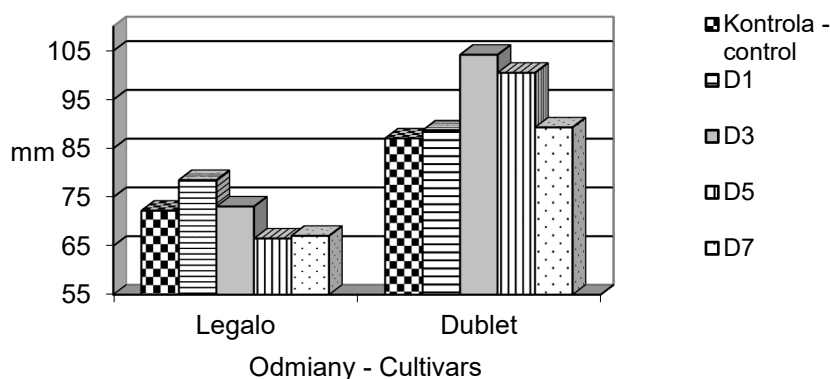
Rys. 7. Długość pierwszego liścia pszenżyta ozimego (A) i koleoptyla pszenżyta jarego (B)
Fig. 7. First leaf length in winter triticale (A) and coleoptile length in spring triticale (B)

Pierwszy liść odmian żyta ozimego, podobnie jak koleoptyl, uległ wydłużeniu pod wpływem dawek D₁ i D₃ (rys. 3). Natomiast żyto jare nie wykazało reakcji na promieniowanie laserowe. Większą reakcję na światło lasera obserwowano u pszenżyta ozimego niż jarego (rys. 7). Otrzymano istotne wydłużenie pierwszego liścia po zastosowaniu dawki D₃ i D₅ oraz interakcję — u odmiany Grenado obserwowano stymulację spowodowaną dawką D₅, zaś u odmiany Zorro skrócenie pod wpływem dawki

D₇ (rys. 8). Podobną stymulację tej cechy stwierdzono u odmian żyta jarego, dla którego najefektywniejsze okazały się dawki D₃ i D₅ (rys. 9).

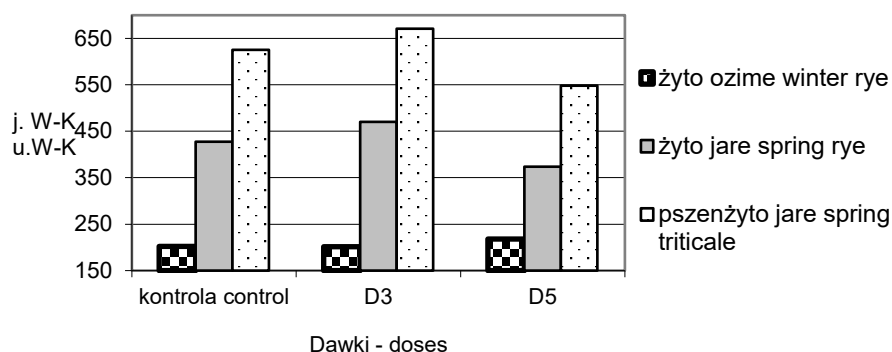


Rys. 8. Długość pierwszego liścia pszenżyta ozimego — interakcja
Fig. 8. First leaf length in winter triticale — interaction



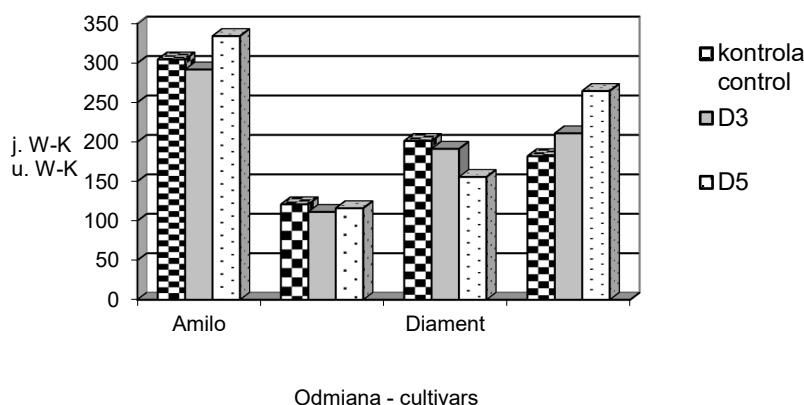
Rys. 9. Długość pierwszego liścia pszenżyta jarego — interakcja
Fig. 9. First leaf length in spring triticale — interaction

Stwierdzono wysoką odziedziczalność wartości siły diastatycznej oraz wykazano skomplikowany mechanizm dziedziczenia zawartości amylaz spowodowany wpływem warunków środowiska (Kunze, 1999). Otrzymane zróżnicowane wyniki oceny siły diastatycznej potwierdzają duży wpływ odmiany oraz formy (jara czy ozima) na badaną cechę jak i na ujawnienie się efektu zastosowania promieniowania laserowego. Badania nad cechami jakościowymi jęczmienia browarnego prowadzonymi przez Ploch i wsp. (2005) również wykazały istotne zróżnicowanie siły diastatycznej badanych rodów. W badaniach własnych wpływ zastosowanych dawek promieniowania obserwowano u żyta ozimego i jarego oraz pszenżyta jarego dla zmian siły diastatycznej (rys. 10).



Rys. 10. Zmiana siły diastatycznej w nasionach badanych gatunków zbóż
Fig. 10. Change of diastatic power in grains of cereals species

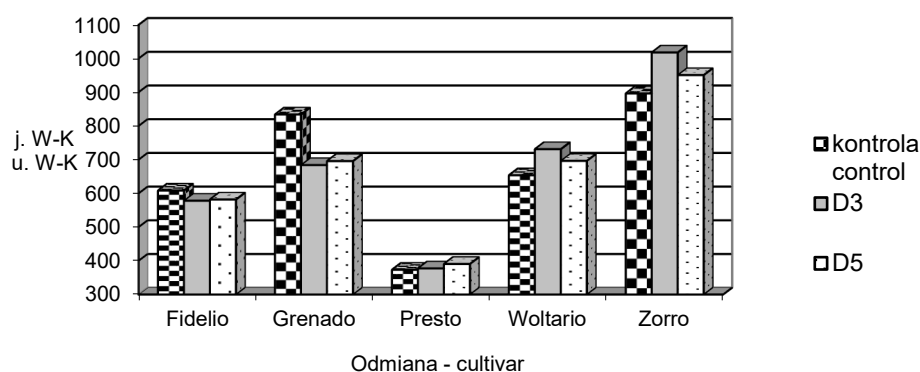
U obu zbóż obserwowano zarówno stymulację jak i redukcję siły diastatycznej pod wpływem światła lasera — stwierdzone interakcje (odmiana × dawka). Spośród odmian żyta ozimego stymulację tej siły obserwowano u odmian Amilo i Warko po zastosowaniu dawki odpowiednio D₅ oraz D₃ i D₅. Obniżenie siły diastatycznej wystąpiło u odmian Amilo po trzykrotnym i Diamant po pięciokrotnym naświetleniu nasion — rys. 11.



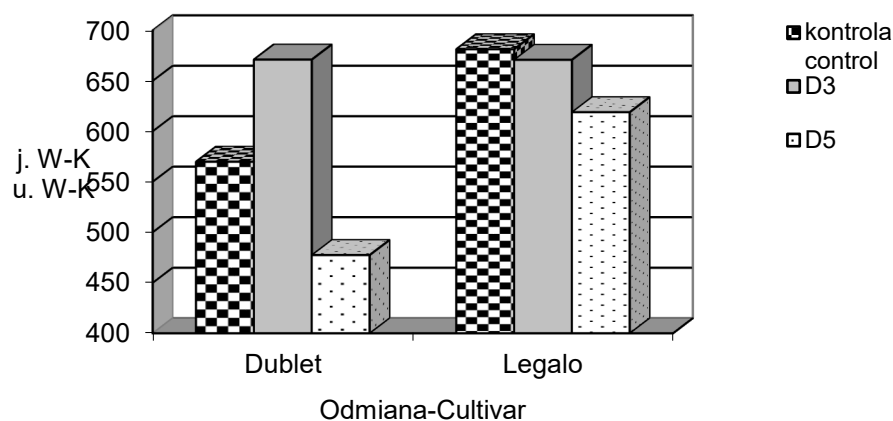
Rys. 11. Siła diastatyczna w nasionach żyta ozimego — interakcja
Fig. 11. Diastatic power in grains of winter rye — interaction

Formy jare żyta zareagowały na pięciokrotne naświetlanie istotnym obniżeniem siły diastatycznej. Obie formy pszenżyta wykazały interakcję odmian z dawkami. Pszenżyto ozime odmian Woltario i Zorro pod wpływem dawek D₃, i D₅ wykazało istotne zwiększenie, zaś odmiana Granado obniżenie siły diastatycznej po zastosowaniu dawek D₃ i D₅ (rys. 12). Zarówno dla odmiany pszenżyta jarego Legalo, jak i Dublet dawka D₅

spowodowała obniżenie siły diastatycznej, natomiast u odmiany Dublet dawka D₃ wywołała stymulację wartości tej cechy (rys. 13).



Rys. 12. Siła diastatyczna w nasionach pszenżyta ozimego - interakcja
Fig. 12. Diastatic power in grains of winter triticale – interaction



Rys. 13. Siła diastatyczna w nasionach pszenżyta jarego – interakcja
Fig. 13. Diastatic power in grains of spring triticale – interaction

Dotychczas prowadzone badania dotyczące wpływu światła lasera na aktywność alfa-amylazy w ziarniakach trzech genotypów pszenżyta wykazały, że przedsięwzięta biostymulacja laserowa jest czynnikiem oddziałującym na układ enzymatyczny w kielkujących ziarniakach. Reakcja odmian była zróżnicowana, największą podatność na światło lasera stwierdzono u odmiany Presto a najmniejszą u odmiany Amigo (Drozd i in., 2003).

Porównanie reakcji form żyta i pszenżyta, pozwala stwierdzić większą wrażliwość odmian żyta na przedsięwzięte naświetlanie ziarniaków niż pszenżyta (tab. 1, tab. 2).

Tabela 1

Porównanie reakcji genotypów żyta na promieniowanie laserowe
Reaction of rye genotypes to laser radiation

Cecha Character	Żyto ozime — Winter rye						Żyto jare — Spring rye					
	energia germina- tion energy	zdolność germina- tion capacity	długość korzeni radicle length	długość koleo- ptyla coleop- tile length	długość pierw- szego liścia first leaf length	siła diasta- tyczna diastatic power	energia germina- tion energy	zdolność germina- tion capacity	długość korzeni radicle length	długość koleo- ptyla coleop- tile length	długość pierw- szego liścia first leaf length	siła diasta- tyczna diastatic power
Dawka Dose			+	+	+	+	+	+	+			+
Odmiana Cultivar	+	+	+	+		+		+	+		+	+
Interakcja Interaction	+		+			+			+	+	+	

+ istotna reakcja

+ significant reaction

Tabela 2

Porównanie reakcji pszenżyta na promieniowanie laserowe
Reaction of triticale genotypes to laser radiation

Cecha Character	Pszenżyto ozime — Winter triticale						Pszenżyto jare — Spring triticale					
	energia germina- tion energy	zdolność germina- tion capacity	długość korzeni radicle length	długość koleo- ptyla coleoptil e length	długość pierw- szego liścia first leaf length	siła diasta- tyczna diastatic power	energia germina- tion energy	zdolność germina- tion capacity	długość korzeni radicle length	długość koleo- ptyla coleoptil e length	długość pierw- szego liścia first leaf length	siła diasta- tyczna diastatic power
Dawka Dose					+					+		+
Odmiana Cultivar	+	+	+	+	+	+	+	+		+	+	+
Interakcja Interaction			+		+	+					+	+

+ istotna reakcja

+ significant reaction

WNIOSKI

1. Po przedsięwzięciu zastosowania promieniowania laserowego u odmian żyta ozimego stwierdzono istotną stymulację długości korzeni zarodkowych, koleoptyli i pierwszego liścia, natomiast u żyta jarego podwyższenie energii i zdolności kiełkowania.
2. Odmiany pszenżyta jarego zareagowały na światło lasera istotnym wydłużeniem koleoptyli, natomiast u form ozimych stwierdzono wydłużenie pierwszego liścia.
3. U odmian żyta ozimego przedsięwzięcie naświetlania spowodowało istotną stymulację siły diastatycznej. Reakcja odmian jarych żyta była odmienna niż ozimych, po naświetleniu stwierdzono obniżenie wartości siły diastatycznej.
4. Wykazano istotne zróżnicowanie dla odmian pszenżyta ozimego po zastosowaniu naświetlania. Odmiany Woltario i Zorro wykazały zwiększenie wartości siły diastatycznej. U pszenżyta jarego stwierdzono istotny stymulujący wpływ dawek promieniowania laserowego na aktywność enzymatyczną słoju.
5. Odmiany pszenżyta zarówno jarego jak i ozimego wykazały mniejszą wrażliwość na przedsięwzięcie napromieniowanie niż odmiany obu form żyta.

LITERATURA

- Błażewicz J., Rytel E. 2003. Wpływ produktów hydrolizy enzymatycznej polisacharydów nieskrobiowych na cechy piwa pszenżytniego. *Technologia Alimentaria* 2 (1): 75 — 82.
- Drozd D., Szajsner H. 2001. Promienie lasera jako czynnik fizyczny stymulujący wartość użytkową nasion. *Acta Agrophysica*. 58: 71 — 79.
- Drozd D., Szajsner H., Bielecki K. 2003. Wpływ światła lasera na aktywność alfa-amylazy w ziarniakach różnych genotypów pszenżyta. *Biul. IHAR*. 226/227/1: 177 — 180.
- Duczmal K., Tucholska H. 2000. Nasiennictwo, PWRiL, Poznań.
- Dziamba S., Dziamba M., Zarębski Z., Rachon L., 1996: Wpływ przedsięwzięcia obróbki nasion odmian pszenżyta światłem na plonowanie. *Mat. Konf. Nauk. „Hodowla uprawa i wykorzystanie pszenżyta”*, 1-4.09.1996, Międzyzdroje: 27.
- Foszczyńska B. 1997. Właściwości brzeczek otrzymanych ze słoju pszenżytnich otrzymanych przy zastosowaniu różnych parametrów zacierania. *Zesz. Nauk. AR Wrocław. Technol. Żyw.* 319: 77 — 97.
- Foszczyńska B. 2001. Aktywność amylolityczna i glukanolityczna ziarna pszenżyta podczas słoju. *Zesz. Nauk. AR Wrocław. Technol. Żyw.* 14, 407: 119 — 125.
- Golachowski A., Leszczyński W. 1980. Oznaczanie siły diastatycznej słoju i ziarna. *Przem. Ferm.* 2, 1 — 3.
- Kunze W., 1999. *Technologie brewing and malting*, VLB, Berlin: 155 — 160.
- Lityński M. 1977. *Biologiczne podstawy nasiennictwa*. PWN Warszawa
- Ploch M., Cyran M., Kasztelowicz K., Boros D., Burek J. 2005: Zmienność i współzależność cech jakości jęczmienia browarnego ze zbiorów w 2004 roku. *Biul. IHAR* 235: 155 — 162.
- Polska Norma 1994, PN — R — 65950.
- Szajsner H., Drozd D. 2001. Ocena efektu przedsięwzięcia biostymulacji laserowej u odmian pszenżyta (*Triticale*). I Międzynarodowa Konferencja Naukowa, Oddziaływanie pól elektromagnetycznych na środowisko rolnicze.: 95 — 99.

HENRYK BUJAK
STANISŁAW JEDYŃSKI
JAN KACZMAREK

Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa,
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod

Evaluation of yield stability of rye cultivars on the basis of parametric and nonparametric methods

W pracy wykorzystano cztery metody parametryczne i pięć nieparametrycznych opartych na różnych przesłankach metodycznych. Spośród metod parametrycznych zastosowano liniowy współczynnik regresji oraz wariancję odchyłeń od regresji Eberharta i Russella, statystykę stabilności Shukli, miernik stabilności genotypowej Hansona i ekowalencję Wrickego. Z metod nieparametrycznych wykorzystano: dwa mierniki stabilności Hühna, metodę Kanga, oraz nową metodę nieparametryczną opartą na rangach grup jednorodnych i współczynnikach zmienności. Materiałem do opracowania statystycznego były wyniki plonowania 12 odmian żyta: Fernando, Klawo, Konto, Picasso, Stach, Caroass, Agricolo, Amilo, Bosmo, Motto, Rostockie, Słowiańskie. Doświadczenia na dwóch poziomach agrotechniki przeprowadzono na Dolnym Śląsku w Kondratowicach, Krościnie Małej, Naroczycach, Tarnowie Śląskim i Tomaszowie Bolesławieckim w latach 2005–2007. Stwierdzono, że najwyżżej plonowały i były najbardziej stabilne odmiany mieszańcowe. Na szczególne wyróżnienie zasługują odmiany: mieszańcowa Fernando oraz populacyjna Bosmo. Zaproponowana nowa metoda Rang Grup Jednorodnych daje łatwe do oszacowania mierniki, w których plon jest liniowo współzależny ze średnią rangą, wyliczoną dla grup jednorodnych odmian. Na podstawie tego miernika najlepsze odmiany to Fernando, Picasso i Konto, które również charakteryzowały się najniższymi współczynnikami zmienności plonowania na obu poziomach agrotechniki.

Słowa kluczowe: miary parametryczne i nieparametryczne, odmiany mieszańcowe, odmiany populacyjne, stabilność plonowania, żyto

The objective of this study was to compare parametric and non-parametric methods in $G \times E$ interaction analysis. Experimental data were from trials conducted in the years 2005–2007 in Lower Silesia at the following locations: Kondratowice, Krościna Mała, Naroczyce, Tarnów Śląski and Tomaszów Bolesławiecki. Twelve rye cultivars: Fernando, Klawo, Konto, Picasso, Stach, Caroass, Agricolo, Amilo, Bosmo, Motto, Rostockie and Słowiańskie were grown at two levels of cultivation (low input and intensive). Stability evaluation was based on parametric methods: linear regression coefficient (b_i), variance of the regression deviations (S_{di}), Shukla's stability variance (σ_i^2), Wricke's ecovalence (W_i^2) and Hanson's statistics (D_i). Nonparametric methods included two Hühn's measures

(S_i^1 , S_i^2), Kang's parameter (RS) and new measure of stability based on homogeneous groups and coefficient of variability. The hybrid cultivars produced higher yield and were more stable than the open-pollinated cultivars. Hybrid Fernando and open-pollinated cultivar Bosmo were found to be most remarkable. The new method proposed is simple and gives measures highly correlated with yield and thus it can be recommended for selection of stable genotypes. According to the new method, Fernando, Picasso and Konto were the most stable hybrid cultivars.

Key words: adaptation, nonparametric measures, parametric measures, rye hybrid cultivars, open-pollinated cultivars, yield stability

WSTĘP

W 2007 roku w Krajowym Rejestrze Odmian znajdowały się 34 odmiany, w tym 21 populacyjnych, 11 mieszańcowych, 1 syntetyczna oraz jedna odmiana przeznaczona do uprawy na zielonkę (Pastar). W ostatnich latach obserwuje się rosnące znaczenie bardziej wymagających odmian mieszańcowych. Odmiany te wyżej plonują, ale są mało poznane pod względem ich interakcji ze środowiskiem. Ocena stabilności plonowania odmian jest możliwa w doświadczeniach prowadzonych w kilku miejscowościach i co najmniej 3 latach badań. Przy mikro- i makrorejonizacji podstawowym kryterium rolniczej stabilności jest wysokość plonowania odmian w latach i miejscowościach.

Odmiany zwykle specyficznie reagują na zmienne warunki środowiska. U jednych interakcja genotypowo-środowiskowa ($G \times E$) może być wysoce istotna, u innych mniejsza. Najbardziej dyskutowane problemy dotyczą stabilności biologicznej, inaczej statycznej i stabilności dynamicznej lub rolniczej (Becker i Leon, 1988; Lin i in., 1986; Mohammadi i in., 2007, 2008). Przy statycznej stabilności odmiana wykazuje minimalną wariancję plonu w różnych środowiskach, czyli ma tendencję do utrzymywania stałego plonu. Statyczna stabilność może być użyteczna w ekstensywnych warunkach agrotechniki. Rolnicy poszukują odmian, które mają wysokie średnie plony i wyraźnie reagują na poziom agrotechniki. Dynamiczna stabilność związana jest z reakcją wysoko plonujących odmian na zmienne warunki środowiska i bardziej przydatna jest w intensywnym rolnictwie.

Do określenia stabilności odmian zaproponowano wiele metod parametrycznych i nieparametrycznych (Becker i Leon, 1988; Hühn, 1990 a, b, 1996; Mohammadi i in., 2007, 2008; Sabaghnia i in., 2006; Scapim i in., 2000). Parametryczne metody oceny stabilności dostarczają dokładnych informacji o biologicznej stabilności plonowania, jednak pod warunkiem spełnienia pewnych statystycznych założeń takich, jak np. rozkład normalny błędów i efektów interakcji $G \times E$. Ponadto trudno jest stosować je do analizy wielokrotnych doświadczeń PDO, w których występuje coroczna dość duża wymiana odmian. Metody parametryczne są czułe na takie zmiany oraz na wartości oddalone.

Metody nieparametryczne oparte są na rangach genotypów w różnych środowiskach, dają wyniki łatwe do interpretacji, a dodanie czy wyłączenie kilku genotypów z analizy nie wpływa na wiarygodność wyników.

Celem badań było wykonanie analizy stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie 4 metod parametrycznych: Eberharta i Russella (1966), Hansona (1970), Shukli (1972), Wrickego (1962) i 5 metod nieparametrycznych: Foxa (1990), Hühna (1990),

Kanga (1988) i metody Rang Grup Jednorodnych (R_D) oraz wykazanie, która z nich jest najbardziej przydatna do oceny odmian w doświadczeniach PDO.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach stabilności wykorzystano plony 12 odmian żyta ozimego uzyskane z doświadczeń PDO na Dolnym Śląsku, w tym 7 populacyjnych Agriolo, Amilo, Bosmo, Motto, Słowiańskie, Rostockie oraz 5 mieszańcowych: Fernando, Klawo, Konto, Picasso, Stach i jedną odmianę syntetyczną Caroass.

Doświadczenia przeprowadzono w 5 miejscowościach odznaczających się zróżnicowanymi warunkami glebowymi i klimatycznymi: Kondratowice, Krościna Mała, Naroczyce, Tarnów Śląski i Tomaszów Bolesławiecki w latach 2005–2007. Doświadczenia założono w dwóch powtórzeniach na poletkach 15 m^2 metodą pasów prostopadłych, porównując wariant standardowy (a_1) z intensywnym sposobem uprawy roślin (a_2). Na poziomie intensywnym (a_2) zastosowano wyższe o 40 kg/ha nawożenie azotowe niż w wariantie standardowym, pełną ochronę chemiczną przed chorobami grzybowymi, regulator wzrostu oraz dolistne dokarmianie roślin preparatem wieloskładnikowym.

Wyniki doświadczeń opracowano statystycznie metodami parametrycznymi i nieparametrycznymi. Celem sprawdzenia hipotez zerowych dla odmian, lat, miejscowości, środowisk oraz interakcji odmian z latami badań, miejscowościami i środowiskami wykonano analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych (Caliński i in., (1987 a, b). Obliczenia przeprowadzono za pomocą programu Sergen 4.

Metody parametryczne

1. Współczynnik regresji b_i i odchylenie od prostej regresji S^2_{di} Eberharta i Russella (1966)

Eberhart i Russell (1966) zaproponowali ocenę reakcji odmian na zmienne warunki środowiska za pomocą liniowego współczynnika regresji b_i i wariancji odchylen od regresji S^2_{di} :

$$b_i = 1 + \frac{\sum_i (x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})}{\sum_j (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})^2}$$

$$S^2_{di} = \frac{1}{E-2} \left[\sum_i (x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) - (b_i - 1)^2 \sum (\bar{x}_{ij} - \bar{x}_{..})^2 \right]$$

gdzie:

x_{ij} — plon i -tej odmiany w j -tym środowisku,

$\bar{x}_{i.}$ — średni plon i -tej odmiany,

$\bar{x}_{.j}$ — średni plon w j -tym środowisku,

$\bar{x}_{..}$ — średnia ogólna,

E — liczba środowisk.

Odmiany, które mają współczynnik regresji $b_i > 1$ są bardziej przystosowane do korzystnych warunków środowiska. W przypadku, gdy $b_i < 1$ odmiany lepiej przysto-

sowują się do mniej sprzyjających warunków środowiska. Jeśli $b_i = 1$ wtedy odmiany charakteryzują się przeciętną adaptacyjnością do różnych warunków środowiska. Odmiany mające wariancje $S_{di}^2 = 0$ są najbardziej stabilne, natomiast wysoka wartość S_{di}^2 oznacza niską stabilność.

2. Statystyka stabilności Shukli (1972)

Statystyka stabilności Shukli (1972) jest miernikiem wkładu każdej odmiany w interakcję $G \times E$.

$$\sigma_i^2 = \frac{1}{(s-1)(t-1)(t-2)} \left[t(t-1) \sum_i (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2 - \sum_i \sum_j (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2 \right]$$

gdzie:

s — liczba środowisk,

t — liczba odmian.

Niska wartość σ_i^2 świadczy o wysokiej stabilności plonowania odmiany.

3. Ekowalencja Wrickego W_i (1962)

Ekowalencja określa wkład każdego genotypu do sumy kwadratów interakcji $G \times E$. Niska wartość W_i oznacza wysoką stabilność plonowania odmiany.

$$W_i = \sum_i^e (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2$$

4. Miernik stabilności genotypowej Hansona D_i (1970)

Metodę tę stosuje się w przypadku małej liczby odmian i środowisk. Wartość D_i jest miernikiem udziału danego genotypu w wariancji interakcji $G \times E$ i jego reakcji na zmienne warunki środowiska, wyrażonej za pomocą współczynnika regresji b_i Eberharta i Russella. Jest to więc miernik stabilności odmiany wyrażony jako odchylenie oczekiwanego plonu (E_{ij}) od jej stabilnego plonu (S_{ij}).

$$D_i = \left[\sum (\hat{E}_{ij} - \hat{S}_{ij})^2 \right]^{\frac{1}{2}}$$

gdzie:

$$\hat{E}_{ij} = (x_{ij} + x_{..} - x_{i.} - x_{.j})$$

$$\hat{S}_{ij} = b_i (x_{.j} - x_{..})$$

Metody nieparametryczne

1. Parametry Hühna (1990)

Zastosowano dwa mierniki stabilności:

$$S_i^1 = \frac{\sum_{j>j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{N(N-1)} = \frac{2 \sum_{j=1}^{N-1} \sum_{j'=j+1}^N |r_{ij} - r_{ij'}|}{N(N-1)}$$

gdzie:

r_{ij} — ranga i -tego genotypu w j -tym środowisku,

r_{ij} — ranga na podstawie poprawionych wartości x_{ij}' ,

N — liczba środowisk.

$x_{ij}' = x_{ij} - x_i - x_{.j}$.

$$S_i^2 = \frac{\sum_{j=1}^N (r_{ij} - \bar{r}_i)^2}{N - 1}$$

gdzie:

$$\bar{r}_i = \sum_{j=1}^N r_{ij} / N$$

$\bar{r}_i$ — średnia ranga dla i -tego genotypu.

2. Metoda Kanga (1988)

Jest nieparametryczną metodą badania stabilności, w której wykorzystuje się plony odmian i wariancje stabilności Shukli, jako kryterium wyboru. Odmiana o najwyższym plonie uzyskuje rangę 1, natomiast odmianie z najniższą wariancją również przypisuje się rangę 1. Rangi dla plonu i wariancji są sumowane. Odmiany o najniższej sumie punktów rangowych są stabilne i najbardziej pożądane.

3. Metoda Foxa (1990)

Według tej metody, odmiany w każdym doświadczeniu w poszczególnych środowiskach uszeregowuje się według wysokości plonów i nadaje się im kolejne rangi. Odmiany z nadanymi wcześniej rangami dzieli się na trzy równe frakcje, górną – wysoko plonującą, środkową — średnio plonującą i dolną — nisko plonującą. Odmiany, które występują w najwyższym procencie środowisk w pierwszej górnej frakcji uznaje się za najbardziej stabilne i pożądane.

4. Metoda rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności (R_D i V)

Po wykonaniu analiz wariancji każdego doświadczenia w latach i miejscowościach, stosuje się wielokrotny test rozstępu Duncana w celu utworzenia grup jednorodnych, którym nadaje się kolejne rangi. W przypadku zachodzenia grup jednorodnych na siebie oblicza się średnią wartość rangi z grup, w których występuje dana odmiana. Po zsumowaniu wszystkich rang dla odmian z doświadczeń, oblicza się średnią rangę ogólną (R_D). Odmiany o najniższej średniej wartości R_D i najniższym współczynniku zmienności zalicza się do najbardziej stabilnych i plennych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza interakcji genotyp $\times$ środowisko ($G \times E$) na podstawie analizy wariancji

Analiza wariancji dla syntezy lat i miejscowości (tab. 1) umożliwiła ocenę zmienności plonowania i weryfikację następujących hipotez:

- o braku interakcji odmian z miejscowościami,
- o braku współdziałania odmian z latami,
- o braku interakcji odmian ze środowiskami.

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla plonów odmian żyta ozimego
Mean squares from ANOVA for yields of 12 rye cultivars

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares	
		wariant standardowy standard variant	wariant intensywny intensive variant
Lata Years	2	1738,55**	1404,29
Miejscowości Locations	4	2799,58**	4604,22**
Środowiska Environments	8	1520,99**	1882,46**
Genotypy Genotypes	11	508,03**	552,71*
Genotypy × lata Genotypes × years	22	26,07*	88,53**
Genotypy × miejscowości Genotypes × locations	44	36,69**	44,09
Genotypy × środowiska Genotypes × environments	88	29,20*	49,92
Regresja względem środowiska Regression on environments	11	16,10	32,83
Odchylenie od regresji Deviation from regression	77	31,07*	52,36
Błąd doświadczeń Experimental error	180	22,23	57,58

W rozważanych wariantach uprawy, standardowym i intensywnym, stwierdzono istotne różnice w plonowaniu odmian oraz interakcję odmian z latami. Na poziomie α_1 obserwowano również interakcje odmiany z miejscowościami i środowiskami. Na poziomie α_2 nie stwierdzono interakcji genotypy × miejscowości, co oznacza, że średnie plony badanych odmian w pięciu miejscowościach odznaczały się podobnym uszeregowaniem. Interakcja odmian ze środowiskiem na poziomie α_1 wskazuje na zróżnicowanie plonów odmian w poszczególnych miejscowościach w każdym roku badań. Na poziomie α_1 , z powodu istotnego odchylenia od regresji, interakcji genotyp × środowisko nie można opisać prostą zależnością regresyjną. Istotna interakcja odmian ze środowiskami i odchylenia od prostej regresji wskazały na potrzebę szczegółowej analizy stabilności plonowania.

Metody parametryczne

W tabelach 2 i 3 przedstawiono ocenę stabilności plonowania za pomocą czterech metod parametrycznych. Rozpatrując wskaźniki Eberharta i Russella stwierdzono, że odmiany Klawo i Rostockie korzystnie reagowały na lepsze warunki uprawy. Najbardziej stabilne i wysoko plonujące okazały się odmiany mieszańcowe Fernando, Picasso i Stach. Do odmian bardziej przystosowanych do niekorzystnych warunków środowiska zaliczono odmiany populacyjne Motto i Bosmo. Średnią adaptację do wszystkich warunków środowiska wykazywały wysoko plonujące mieszańce Picasso i Fernando i niżej plonująca odmiana populacyjna Agrikolo.

Tabela 2

Wyniki dla parametrycznych miar oceny stabilności plonowania odmian na poziomie standardowym (a1)
Mean yields and estimates of parametric stability measures in standard variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Eberhart i Russell		Hanson D _i	Wricke W _i	Shukla σ_i^2
		b _i	S ² _{di}			
Fernando F ₁	77,8	1,02	75,77	579,52	243,60	16,00
Picasso F ₁	74,7	1,00	9,33	428,69	300,58	3,96
Konto F ₁	71,3	0,92	36,54	532,99	257,68	10,72
Klawo F ₁	70,0	1,19	24,10	239,75	291,65	12,87
Stach F ₁	69,1	1,03	19,45	352,20	283,15	14,06
Bosmo	66,1	0,91	17,16	327,57	286,69	8,03
Caroass (Synt)	66,1	0,95	14,99	689,39	264,25	8,92
Agrikolo	65,9	1,03	55,94	309,17	289,00	7,44
Rostockie	64,5	1,10	51,56	179,45	333,40	10,20
Słowiańskie	64,2	1,06	25,89	252,17	159,30	7,94
Amilo	64,2	0,91	44,47	386,67	319,39	10,98
Motto	63,2	0,88	12,24	277,32	262,79	4,85

Tabela 3

Wyniki dla parametrycznych miar oceny stabilności plonowania odmian na poziomie intensywnym (a2)
Mean yields and estimates of parametric stability measures in intensive variant

Odmian Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Eberhart i Russell		Hanson D _i	Wricke W _i	Shukla σ_i^2
		b _i	S ² _{di}			
Fernando F ₁	89,9	0,96	94,89	469,15	422,71	29,95
Picasso F ₁	86,6	1,05	115,96	1277,30	657,25	31,03
Konto F ₁	83,9	0,99	76,09	901,08	507,14	23,58
Klawo F ₁	83,3	1,08	5,60	529,73	518,53	17,92
Stach F ₁	81,8	1,11	46,36	805,59	357,84	26,48
Caroass (Synt)	76,4	0,98	41,94	722,19	725,78	16,55
Motto	74,9	0,87	64,79	548,91	425,05	18,30
Amilo	74,1	0,95	7,86	754,12	358,30	3,04
Agrikolo	74,0	1,05	-29,00	754,98	456,94	22,95
Rostockie	73,8	1,08	-31,78	374,13	637,95	14,02
Bosmo	73,6	0,99	41,44	451,73	924,29	34,82
Słowiańskie	72,0	0,91	-54,32	573,12	459,31	18,18

Według metody Hansona najwyższą stabilnością cechowała się odmiana populacyjna Rostockie. Jednak za najbardziej pożądaną odmianę uznano mieszańca Klawo. Wnioski z metody Hansona są nieco inne, co świadczy o niskiej współzależności z metodą Eberharta i Russela. Metoda Wrickego spośród odmian mieszańcowych wskazuje na odmianę Fernando jako najbardziej stabilną. Natomiast z odmian populacyjnych najbardziej stabilnymi według tej metody były niżej plonujące Słowiańskie i Motto. Na podstawie metody Shukli najbardziej stabilne były: mieszańiec Picasso i odmiana populacyjna Motto, która na poziomie standardowym była najniżej plonującą. Zastosowane metody parametryczne dają różne oceny odmian pod względem ich stabilności. Najwyższe współzależności stwierdzono między metodą Hansona a Eberharta i Russela.

Metody parametryczne dają mierniki stabilności w sensie statycznym. Na ogół nie są one istotnie skorelowane z plonem, a zatem pozwalają na identyfikację odmian zaadaptowanych bardziej do mniej korzystnych warunków środowiska. Do oceny stabilności

odmian na podstawie kilku lat i miejscowości można zalecić stosowanie mierników parametrycznych wraz z plonem.

Metody nieparametryczne

Wartości nieparametrycznych mierników stabilności plonowania odmian żyta przedstawiono w tabelach 4 i 5. Parametry S_i^1 i S_i^2 Hühna są ze sobą wysoko skorelowane ($r = 0,99$) i można je stosować zamiennie, natomiast ich związek z plonem jest stosunkowo niski ($r_{a1}=0,397$, $r_{a2}= 0,494$). Można je rozpatrywać w sensie statycznym i mogą być używane przy wyborze odmian ze średnim plonem i wysoką stabilnością. Według parametru S_i^2 najwyższą stabilnością charakteryzowały się odmiany populacyjne Rostockie, Bosmo i Motto oraz wysokoplenny mieszańiec Picasso. Na intensywnym poziomie agrotechniki najwyższą stabilnością plonowania wyróżniały się odmiany populacyjne Amilo i Słowiańskie oraz mieszańiec Klawo. Do najmniej stabilnych zaliczono odmianę mieszańcową Fernando.

Tabela 4

Wyniki nieparametrycznych miar oceny stabilności plonowania odmian żyta na poziomie standardowym (a_1)

Mean yields and estimates of nonparametric stability measures in standard variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha] Yield	Ranga R _D Rank	Hühn		Kang	Fox		
			S _i ¹	S _i ²		frakcja — fraction		
						górna top	środkowa middle	dolna low
Fernando F ₁	77,8	1,1	4,86	17,92	13	100		
Picasso F ₁	74,7	1,6	3,37	8,54	13	100		
Konto F ₁	71,3	2,4	4,44	14,14	11	100		
Klawo F ₁	70,0	2,7	4,69	15,97	14	80	20	
Stach F ₁	69,1	3,2	4,93	17,7	16	20	80	
Bosmo	66,1	3,9	3,49	9,17	11		80	20
Caroass (Synt)	66,1	4,1	4,19	12,84	13		80	20
Agrikolo	65,9	4,1	4,1	12,03	11		60	40
Rostockie	64,5	4,3	3,16	8,21	16		40	60
Słowiańskie	64,2	4,4	4,13	12,5	14			100
Amilo	64,2	4,4	4,32	13,46	20		40	60
Motto	63,2	4,8	3,5	9,27	14			100
Współczynnik korelacji z plonem Correlation with yield		-0,966	0,397	0,456	-0,513			

Miernik Kanga wskazuje na inne odmiany i, oprócz mieszańca Picasso i populacji Bosmo, do najbardziej stabilnych zalicza mieszańca Konto oraz słabiej plonującą odmianę populacyjną Agrikolo. Na poziomie intensywnym (a_2) najstabilniejsze odmiany to mieszańiec Klawo, syntetyczna odmiana Caroass, populacyjna Amilo, a w dalszej kolejności odmiany mieszańcowe Fernando i Konto. Mierniki Hühna i Kanga wyróżniają jako najbardziej stabilne, różne odmiany dla standardowego (a_1) i intensywnego (a_2) poziomu agrotechniki. W naszych badaniach metoda Kanga dała wartości dodatnio skorelowane z plonem na poziomie ufności 10%. W konsekwencji metoda ta może służyć do wyboru stabilnych i wysokoplennych odmian. Biorąc jednak pod uwagę łatwość obliczeń i wysoką korelację z plonem, lepiej jest posłużyć się metodą Foxa, która polega na podziale odmian na trzy równe frakcje według wysokości plonowania i jest najbardziej

zblizona do metody rang grup jednorodnych (R_D). Słabością tej metody jest to, że nie uwzględnia ona istotnych różnic między odmianami. W analizowanym zestawie odmian do pierwszej frakcji, jako najbardziej pożądanej zaliczono odmiany mieszańcowe Fernando, Konto i Picasso.

Tabela 5

Wyniki nieparametrycznych miar oceny stabilności plonowania odmian żyta na poziomie intensywnym (a2)
Mean yields and estimates of nonparametric stability measures at intensive variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Ranga R _D Rank	Hühn		Kang	Fox		
			S _i ¹	S _i ²		frakcja — fraction		
						górna top	środkowa middle	dolna low
Fernando F ₁	89,9	1,2	4,95	18,26	11	100		
Picasso F ₁	86,6	2,0	4,40	14,12	13	100		
Konto F ₁	83,9	2,4	4,30	13,41	11	80	20	
Klawo F ₁	83,3	2,4	3,37	8,54	8	80	20	
Stach F ₁	81,8	2,9	4,80	17,35	14		40	60
Caroass (Synt)	76,4	4,2	4,25	13,11	9		80	20
Motto	74,9	4,6	4,55	16,21	13	40	60	
Amilo	74,1	5,0	2,86	6,46	9		60	40
Agrikolo	74,0	4,8	4,44	14,41	16		40	60
Rostockie	73,8	4,9	3,79	10,70	12		40	60
Bosmo	73,6	4,8	4,13	12,97	23		40	60
Słowiańskie	72,0	5,0	3,09	7,10	17			100
Współczynnik korelacji z plonem Correlation with yield		-0,979	0,494	0,487	-0,402			

Jednak najwyższą współzależnością z plonem charakteryzuje się metoda Rang Grup Jednorodnych, która uwzględnia istotne różnice między plonami odmian.

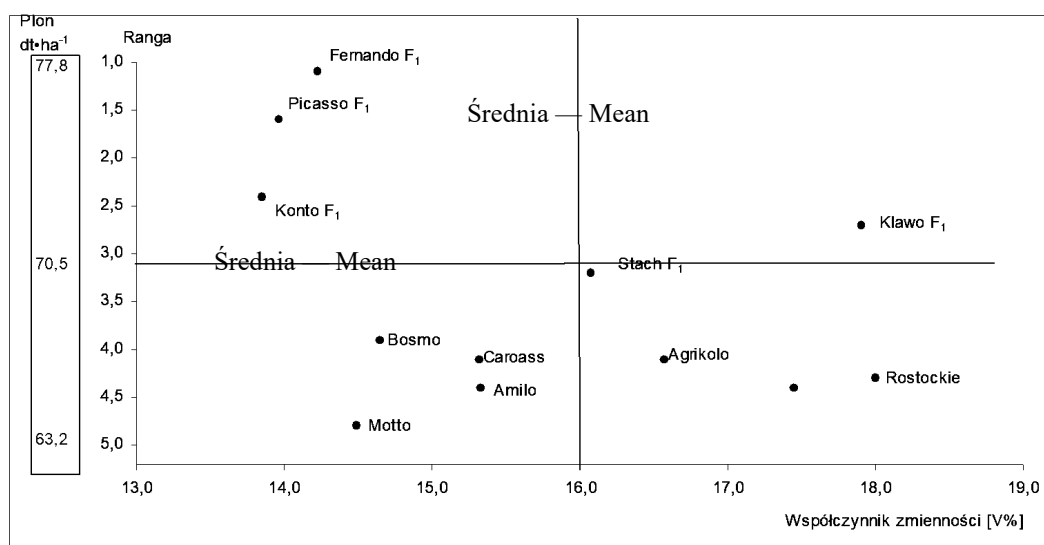
Najniższe wartości mierników w metodzie Rang Grup Jednorodnych (R_D) wskazują na odmiany najplenniejsze i o wysokiej rolniczej stabilności. Przedstawione w tabeli 6 wartości miernika R_D wyróżniają głównie odmiany mieszańcowe: Fernando, Picasso, i Klawo jako najplenniejsze i stabilne rolniczo. Jak wcześniej napisano, metoda Foxa dzieli odmiany na 3 równe frakcje, górną, średnią i dolną według wysokości plonowania. Podział na 3 frakcje jest sztuczny, ponieważ nie uwzględnia istotnych różnic w plonowaniu odmian w poszczególnych środowiskach. Nieparametryczny miernik R_D pozwala zaliczyć odmiany do kolejnych rang zgodnie z wyznaczonymi grupami jednorodnymi według testu Duncana. W tabeli 6 przedstawiono procent środowisk, w których odmiany wystąpiły w poszczególnych rangach. Odmiany, które w najwyższym procencie środowisk przypisano do trzech pierwszych rang uznano za najbardziej stabilne pod względem rolniczym. Dla lepszej oceny stabilności odmian, miernik R_D należy rozpatrywać łącznie ze współczynnikiem zmienności (V).

Tabela 6

Współczynnik zmienności, wartości rang (R_D) oraz procent środowisk, w których odmiany wystąpiły w poszczególnych rangach (grupach jednorodnych)
Grain yield of rye cultivars and proportions particular ranks

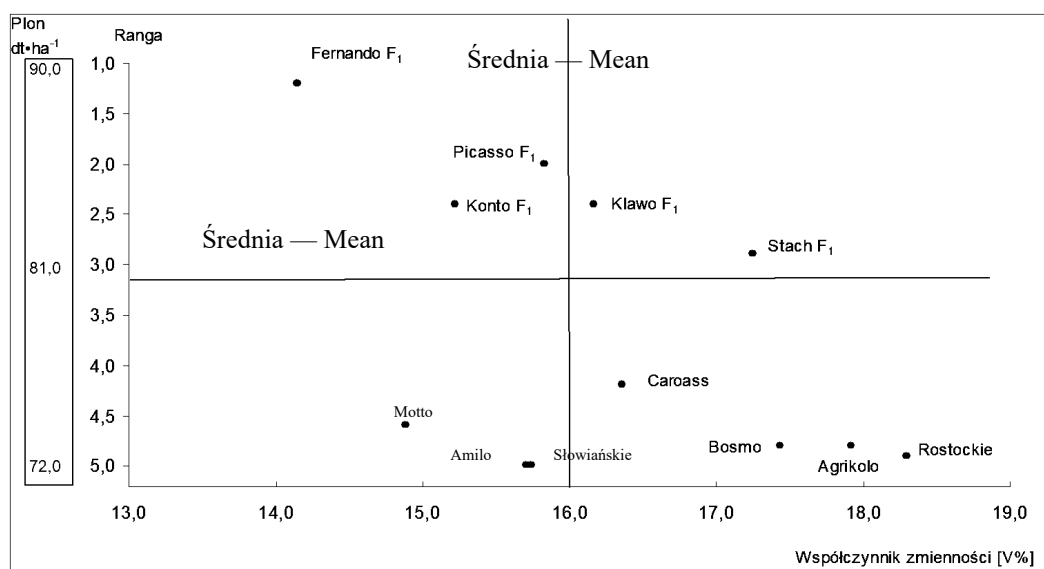
Odmiana Cultivar	Poziom agrotechniki Variant	Plon (dt/ha) Yield	Współczynnik zmienności (V%)	Ranga Rank R_D	% udział odmiany w środowiskach proportion of cultivar in environments				
					ranga — rank				pozostałe remaining ranks
					1	2	3	4	
Fernando F_1	a_1	77,8	14,2	1,1	100				
	a_2	89,9	14,1	1,2	93	7			
Picasso F_1	a_1	74,7	14,0	1,6	53	33	7		7
	a_2	86,6	15,8	2,0	47	40	7		6
Stach F_1	a_1	69,1	16,1	3,2		40	27	27	6
	a_2	81,8	17,2	2,9	7	47	20	20	6
Klawo F_1	a_1	70,1	17,9	2,7	20	33	27	20	
	a_2	83,3	16,1	2,4	13	53	34		
Konto F_1	a_1	71,3	13,8	2,4	20	60	7	7	6
	a_2	83,9	15,2	2,4	33	33	20	14	
Bosmo	a_1	66,1	14,6	3,9		27	20	33	20
	a_2	73,6	17,4	4,8	7	7	27	13	53
Caroass (Synt)	a_1	66,1	15,3	4,1		13	27	46	14
	a_2	76,4	16,4	4,2	7		20	47	26
Agrikolo	a_1	65,9	16,6	3,9		7	27	46	20
	a_2	73,9	17,9	4,8		13	13	27	47
Amilo	a_1	64,2	15,3	4,4			40	14	46
	a_2	74,1	15,7	5,0			20	20	60
Motto	a_1	63,2	14,5	4,8			20	10	70
	a_2	74,9	14,9	4,6		7		40	53
Rostockie	a_1	64,4	18,0	4,3	7	7	20	20	46
	a_2	73,8	18,3	4,9		7	7	33	53
Słowiańskie	a_1	64,2	17,5	4,4		7	27	20	46
	a_2	72,0	15,7	5,0			13	20	67

Na rysunkach 1 i 2 przedstawiono wartości R_D i V. Odmiany, które znajdują się w I ćwiartce (górna lewa) można uznać za najbardziej pożądane ze względu na wysoki plon i stabilność. Takimi odmianami są Fernando, Picasso i Konto, które zarówno na standardowym jak i intensywnym poziomie uprawy znalazły się w I ćwiartce. Z rysunków 1 i 2 wynika, że odmiany populacyjne niżej plonują i niektóre z nich charakteryzują się wyższą zmiennością plonowania w latach i miejscowościach. Często spotykany pogląd, że odmiany populacyjne odznaczają się większą stabilnością plonowania nie potwierdza się w przeprowadzonych badaniach. Odmiany populacyjne charakteryzują się heterozygotycznością i heterogenicznością i z teoretycznego punktu widzenia powinny być bardziej stabilne i odporne na stresy abiotyczne (Allard i Bradshaw, 1964; Lerner, 1954).



Rys. 1. Położenie odmian w układzie współrzędnych: rang R_D i współczynnika zmienności na standardowym poziomie agrotechniki

Fig. 1. Yield stability of rye cultivars based on ranks and coefficient of variability in standard variant



Rys. 2. Położenie odmian w układzie współrzędnych: rang (R_D) i współczynnika zmienności (V) na intensywnym poziomie agrotechniki.

Fig. 2. Yield stability of rye cultivars based on ranks and coefficient of variability in intensive variant

Wyższa stabilność plonowania odmian mieszańcowych jest wynikiem występowania dwóch rodzajów heterozji: typu generatywnego i adaptacyjnego. Zamieszczony w tabeli 6

procentowy udział odmian w środowiskach w kolejnych rangach potwierdza wnioski wyciągnięte na podstawie rysunków 1 i 2. Grupom jednorodnym utworzonym na podstawie testu Duncana nadano odpowiednie rangi, oddzielnie w każdym doświadczeniu.

Cechą charakterystyczną wielokrotnych testów np. Duncana, Newmana-Keulsa, Tukeya i innych jest zachodzenie grup jednorodnych na siebie. Stąd też często odmiany należące do pierwszej grupy jednorodnej mogą występować również w drugiej i w dalszych grupach. W pracy przyjęto, że stuprocentowy udział odmiany w trzech pierwszych rangach świadczy o jej wysokiej rolniczej stabilności. Mieszaniec Fernando w stu procentach zaliczony był do pierwszej rangi, czyli najwyższej plonował we wszystkich 15 doświadczeniach odmianowych i należy go uznać za najbardziej stabilny pod względem rolniczym. Odmianę mieszańcową Picasso we wszystkich doświadczeniach zaliczono do trzech pierwszych rang, co również świadczy o jej dobrej stabilności rolniczej. Wobec tego mieszańce Fernando i Picasso można uznać za uniwersalne i polecać do makrorejonizacji, czyli do uprawy na terenie całego województwa dolnośląskiego, ponieważ z dużym prawdopodobieństwem powinny dobrze plonować w kolejnych latach. Natomiast odmiany mieszańcowe Klawo i Konto można zalecać do uprawy w określonych środowiskach. Tabela 6 pokazuje również różnice w procentowej przynależności odmian do rang na standardowym (a_1) i intensywnym (a_2) poziomie agrotechnicznym. Wynikają one z interakcji odmian z poziomami intensywności uprawy.

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

1. Stwierdzono wpływ warunków glebowo-klimatycznych na plonowanie odmian. Na standardowym i intensywnym poziomie uprawy wystąpiły istotne różnice w plonowaniu odmian oraz interakcje odmian z latami. Na poziomie standardowym obserwowano również interakcję odmian z miejscowościami i środowiskami. W intensywnym wariancie uprawy nie stwierdzono interakcji typu genotyp $\times$ miejscowości, co oznacza, że średnie plony odmian w 5. miejscowościach odznaczały się podobnym uszeregowaniem.
2. Metody parametryczne dały różne oceny odmian pod względem ich stabilności. Uzyskane mierniki stabilności na ogół nie były istotnie skorelowane z plonem, a więc wskazywały na statyczną (biologiczną) stabilność. Nadają się bardziej do oceny odmian uprawianych w ekstensywnych warunkach środowiska, gdzie ważniejsza jest stabilność (wierność plonowania) niż wysokość plonu.
3. Spośród metod nieparametrycznych niskie współzależności z plonem dały wskaźniki S_i^1 i S_i^2 Hühna. Te właśnie metody można rozpatrywać w aspekcie stabilności statycznej. Mogą one stanowić kompromis w wyborze odmian ze średnim plonem i wysoką stabilnością. Pozostałe trzy nieparametryczne metody: Kanga, Foxa i Rang Grup Jednorodnych dają mierniki istotnie skorelowane z plonem. Wartości uzyskane w Metodzie Rang Grup Jednorodnych (R_D) są wysoko skorelowane z plonem i stąd też tę metodę można polecać do oceny dynamicznej stabilności plonowania odmian.
4. Odmiany mieszańcowe Fernando i Picasso były najlepsze pod względem rolniczej stabilności i można zalecić je do makrorejonizacji. Do najniżej plonujących i

charakteryzujących się najmniejszą stabilnością zaliczono odmiany populacyjne Rostockie i Słowiańskie.

LITERATURA

- Allard R. W., Bradshaw A. D. 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop. Sci.* 4: 503 — 508.
- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101: 1 — 23.
- Caliniński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oc. Odm.* 10: 35 — 71.
- Caliniński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Exemple. *Biul. Oc. Odm.* 10: 35 — 71.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.* 6: 36 — 40.
- Fox P. N., Skovmand B., Thompson B., Braun H. J., Cormier R. 1990. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica* 47: 57 — 64.
- Hanson W. D. 1970. Genotypic stability. *Theor. Appl. Gen.* 40: 226 — 231.
- Hühn M. 1990 a. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1 Theory. *Euphytica* 47: 189 — 194.
- Hühn M. 1990 b. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 2 Application. *Euphytica* 47: 195 — 201.
- Hühn M. 1996. Nonparametric analysis of genotype $\times$ environment interaction by ranks. In: Kang M. S., Gauch H. G. (eds.). *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA: 213 — 228.
- Kang M. S. 1988. A rank sum method for selecting high yielding and stable crop genotypes. *Cereal Res. Commun.* 16: 113 — 115.
- Lerner I. M. 1954. *Genetic homeostasis*. Oliver and Boyd, London.
- Lin C. S., Binns M. R., Levkowitz L. P. 1986. Stability analysis: where do we stand? *Crop Sci.* 26: 894 — 900.
- Mohammadi R., Abdulahi A., Haghpour R., Armian M. 2007. Interpreting genotype $\times$ environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. *Euphytica* 157: 239 — 251.
- Mohammadi R., Amri A. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica* 159: 419 — 432.
- Sabaghania N., Dehghani H., Sabaghpour. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype $\times$ environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 — 1106.
- Scapim C. A., Oliveira V. R., Braccini A. L., Cruz C. D., Andrade C. A. B., Vidigal M. C. G. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binn and Hühn models. *Genet. Mol. Biol.* 23: 387 — 393.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Wricke G. 1962. Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Z. Pflanzenzüchtung* 47: 92 — 96.

PAWEŁ MILCZARSKIKatedra Genetyki i Hodowli Roślin
Akademia Rolnicza w Szczecinie

Identyfikacja QTL warunkujących długość liścia flagowego w dwóch populacjach mapujących żyta (*Secale cereale* L.)

Identification of QTLs affecting the flag leaf length in two mapping populations of rye (*Secale cereale* L.)

Celem niniejszych badań była identyfikacja regionów genomowych kontrolujących długość liścia flagowego (FLL) w dwóch populacjach mapujących żyta Ds2 × RXL10 i 541 × Ot1-3. Wykryto łącznie 5 QTL (dwa dla Ds2 × RXL10 i trzy dla 541 × Ot1-3), które zmapowano na chromosomach 2R, 4R i 7R. Tylko QTL zidentyfikowane na chromosomie 2R lokalizowały się w tym samym regionie u obu populacji mapujących. Najważniejsze QTL zlokalizowano na chromosomie 7R, lecz na różnych ramionach map obu mieszańców. Współczynnik determinacji (R^2) obliczony dla wykrytych QTL mieścił się w szerokim zakresie od 4,5 do 30,9%. Identyfikacja QTL może pomóc w wyjaśnieniu mechanizmów genetycznych rozwoju liścia flagowego u żyta.

Słowa kluczowe: długość liścia flagowego, QTL (*loci* cechy ilościowej), żyto

The objective of this study was identification of genomic regions controlling the flag leaf length (FLL) in Ds2 × RXL10 and 541 × Ot1-3 mapping populations of rye. Five QTLs (two on Ds2 × RXL10 map and three on 541 × Ot1-3 map) were detected on chromosomes 2R, 4R and 7R. Only the QTL on chromosome 2R was identified in the same region on both maps. The most important QTLs are located on chromosome 7R, but on different arms in each map. The coefficient of determination (R^2) for QTLs ranged from 4.5 to 30.9%. The identification of QTLs can be helpful in explaining the genetic mechanisms of flag leaf development in rye.

Key words: flag leaf length, QTL (quantitative trait *loci*), rye

WSTĘP

Liście właściwe u żyta, w tym liść flagowy, wykazują u linii wsobnych wysoki poziom polimorfizmu. Różnice dotyczą zarówno powierzchni, kształtu, długości czy szerokości liści, co przekłada się na zwiększenie bądź zmniejszenie powierzchni asymilacyjnej, a w konsekwencji wpływa na produkcję biomasy. Badania nad dziedzicznym podłożem kształtu liścia flagowego prowadzone były między innymi przez Ruebenbauera i wsp. (1980), Kubicką i Dec (2001). Ruebenbauer i wsp. (1980) przebadali charakterystyczny

dla form karłowych trójkątny kształt liścia i stwierdzili, że cecha ta jest kontrolowana 4 recesywnymi genami a allele dominujące odpowiadają za normalny ich kształt. Kubicka i Dec (2001) badali sposób dziedziczenia długości liścia flagowego i podflagowego stwierdzając, że cecha ta jest uwarunkowana 3 genami o działaniu addytywnym. Badania te nie pozwoliły jednak na precyzyjne podanie lokalizacji chromosomowej, oraz ocenę wpływu poszczególnych *loci* na determinację cechy.

Pełna identyfikacja i charakterystyka *loci* warunkujących cechy ilościowe (QTL) jest możliwa w oparciu o mapy genetyczne na bazie, których można określić liczbę *loci*, ich lokalizacje chromosomową, wpływ wykrytych *loci* na determinację cechy a także wnioskować o sposobie dziedziczenia czy interakcjach pomiędzy QTL. Poznanie dziedzicznego podłoża warunkującego tę cechę może pomóc w zrozumieniu złożonego mechanizmu kształtowania się ważnych cech użytkowych.

Celem niniejszej pracy było wstępne rozpoznanie dziedzicznego podłoża długości liścia flagowego z wykorzystaniem dwóch populacji mapujących oraz wskazanie liczby i lokalizacji chromosomowej QTL kontrolujących tę cechę wraz z charakterystyką *loci*.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były potomstwa F₄ (100 i 94 osobniki) dwóch populacji mapujących otrzymanych z mieszańców międzyliniowych: Ds2 × RXL10 oraz 541 × Ot1-3. Formy rodzicielskie wykazywały zróżnicowanie pod względem długości liścia flagowego, a w potomstwie obserwowano segregację. Zmierzono długość liścia flagowego na pędzie głównym u form rodzicielskich i obu populacjach potomnych (min. 20 pomiarów każdego genotypu) i otrzymano szeroki zakres zmienności cechy zbliżony do rozkładu normalnego (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka długości liścia flagowego w dwóch populacjach mapujących żyta
Characteristics of flag leaf length in two mapping population of rye

Cecha Trait	Symbol QTL QTL code	Populacja mapująca Mapping population	Wartość średnia cechy u rodziców Mean trait value in parents		Wartość średnia cechy w populacji (odchylenie standardowe) Mean trait value in population (standard deviation)	Zakres zmienności cechy w populacji Variation range of trait in population	Współczynnik odziedziczalności (H) Coefficient of heritability
Długość liścia flagowego Flag leaf length (cm)	FII	Ds2 × RXL10	DS2 11,1	RXL10 7,5	10,5 (1,69)	7,1–16,2	0,57
		541 × Ot1-3	541 11,7	Ot1-3 9,2	10,7 (1,80)	6,8–18,4	0,71

Dane z pomiarów wprowadzono do programu komputerowego WinQTL Cartographer 2.5 (Wang i in., 2006) w celu wykrycia QTL warunkujących cechę i naniesienia ich na mapy genetyczne utworzone wcześniej (Bednarek i in., 2003; Milczarski i in., 2007), na których została (dla przejrzystości) ograniczona liczba markerów molekularnych. Do identyfikacji

QTL zastosowano model CIM (Composite Interval Mapping), a do wykrywania interakcji i sposobu działania QTL zastosowano moduł MIM (Multiplay Interval Mapping).

Parametrami opisującymi wykryte QTL są: LOD — test logarytmiczny określający pewność lokalizacji QTL w danym miejscu na chromosomie, „a” — efekt addytywny allele rodzicielskiego (tu pochodzącego od linii rodzicielskiej DS2 lub 541) wyrażany jest w jednostkach pomiaru i określa (w zależności od znaku) o jaką wartość allele ten obniża lub podwyższa wartość cechy, R^2 — współczynnik determinacji. Przyjęto min. poziom krytyczny testu LOD = 2,5. Za istotne QTL uznaje się te, których poziom LOD przekracza wartość krytyczną a $R^2 \geq 10\%$.

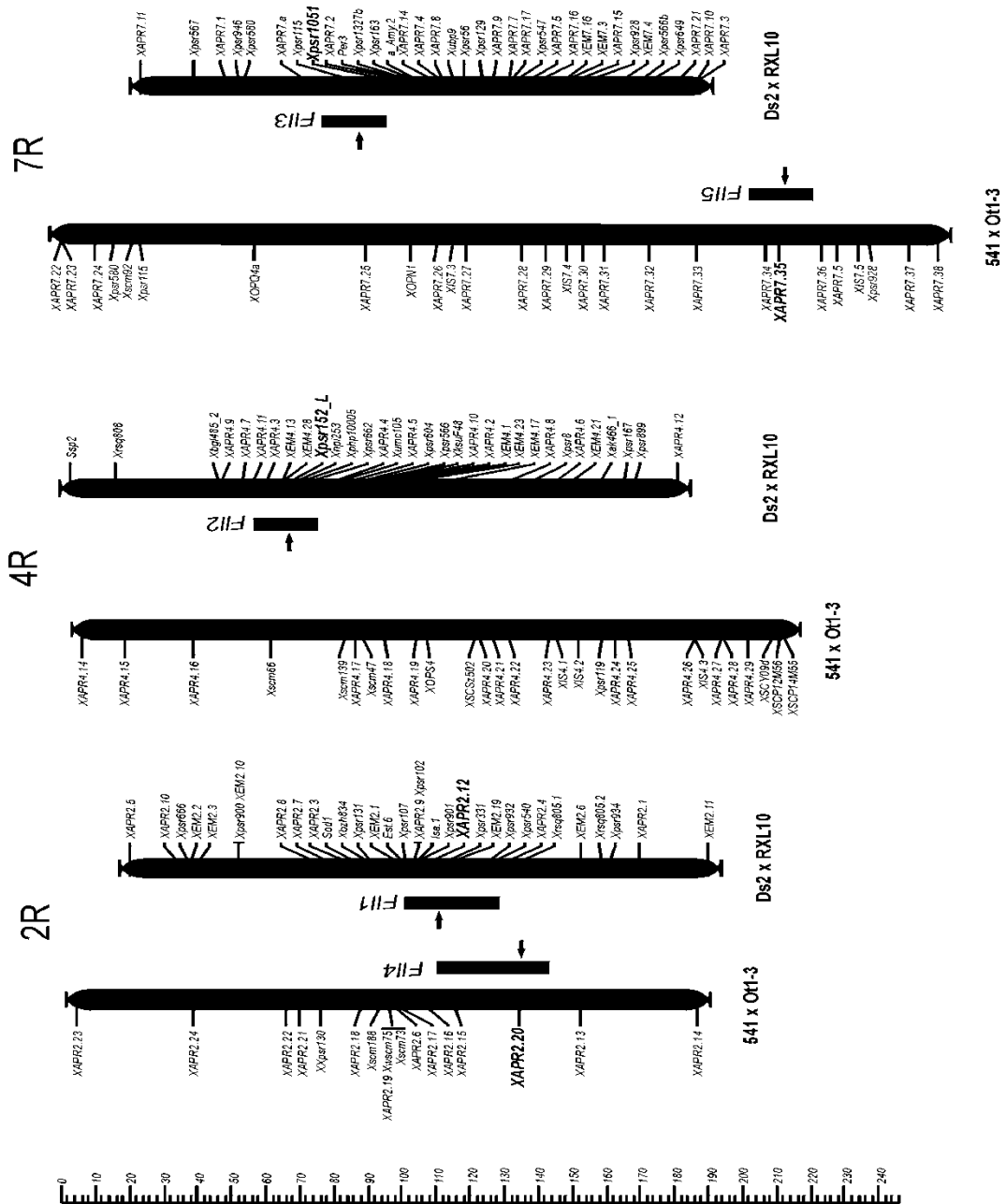
WYNIKI I DYSKUSJA

Formy rodzicielskie użyte do wytworzenia populacji mapujących znacznie różniły się długością liścia flagowego. Linie DS2 i 541 posiadają długi liść, RXL10 (forma karłowa) liść krótki a Ot1-3 liść średniej długości (tab. 1). Stwierdzone różnice wynosiły 26% w przypadku pary linii 541 i Ot1-3 i 48% w przypadku DS2 i RXL10. W populacjach potomnych obserwowano genotypy o dużym rozrzucie cechy i wartościach przekraczających rodziców, co może świadczyć o występowaniu transgresji. Obliczony współczynnik odziedziczalności o szerokim zakresie był różny u obu populacji i wynosił 0,57 dla mieszańca Ds2 $\times$ RXL10 i 0,7 dla 541 $\times$ Ot1-3 (tab. 1).

Identyfikacja i mapowanie *loci* warunkujących cechy ilościowe dokonywana jest poprzez wykrywanie zależności pomiędzy obserwowaną zmiennością cechy (tu długości liścia flagowego) z segregacją markerów molekularnych mapy genetycznej, na której oznaczono genotypy odpowiednimi, zależnymi od stosowanego programu komputerowego, kodami. Wykryte QTL lokalizowane są na mapie genetycznej w przedziale mapowym ograniczonym markerami molekularnymi, a ich odległość do najbliższego markera jest estymowana.

W niniejszej pracy podjęto próbę określenia prawdopodobnej liczby QTL kontrolującej długość liścia flagowego wykorzystując do tego celu dwie populacje mapujące, na bazie których skonstruowano uprzednio mapy genetyczne (Bednarek i in., 2003; Milczarski i in., 2007).

Zidentyfikowano i opisano 5 prawdopodobnych QTL warunkujących długość liścia flagowego: 2 w populacji 541 $\times$ Ot1-3 oraz 3 w populacji Ds2 $\times$ RXL10, którym przypisano skrócony symbol (*Fll*) i umiejscowiono na chromosomach 2R, 4R i 7R (rys. 1, tab. 2). Wykryte QTL na chromosomach 2R i 7R obserwowano u obu populacji, lecz tylko na chromosomie drugim ich pozycje są zbliżone co pozwala sądzić, że *Fll1* i *Fll4* stanowią prawdopodobnie ten sam *locus*. Lokalizowane na chromosomie 7R QTL *Fll3* i *Fll5* zostały zmapowane na odpowiednio krótkim i długim ramieniu tego chromosomu, co wskazuje na możliwość umiejscowienia na 7R dwóch genów odpowiedzialnych za kształtowanie się długości liścia, lecz różnych gdyż ich lokalizacja nie pokrywa się u testowanych populacji.



Rys. 1. Lokalizacja QTL warunkujących długość liścia flagowego na chromosomach żyta na dwóch populacjach mapujących. Boldem zaznaczono markery najbliższe sprzężone z QTL
 Fig. 1. Localization of QTLs related to flag leaf length on chromosomes of two mapping populations of rye. Markers linked to QTL are in bold

Oba wymienione wyżej *loci* wykazują największy wpływ (R^2) na ekspresję tej cechy, a efekty addytywne alleli pochodzących od rodzicielskich linii DS2 i 541 posiadają jednakowe znaki dodatnie oznaczające, że allele wykrywane u tych rodziców wydłużają liść flagowy (tab. 2). Odmienna sytuacja stwierdzona została dla QTL *Fll1* i *Fll4* lokujących się w zbliżonych regionach chromosomu 2RL. Efekty addytywne alleli rodzicielskich dla tych *loci* mają różne znaki a dodatkowo *locus Fll1* charakteryzuje się najniższym efektem addytywnym spośród wszystkich wykrytych QTL. Pojedynczy QTL wykrywany na chromosomie 4R w mieszańcu DS2 × RXL10 nie znajduje potwierdzenia w drugiej populacji mapującej, a jego wpływ na kształtowanie się cechy jest nieznaczny (nie przekracza 10%).

Tabela 2

Identyfikacja i charakterystyka QTL warunkujących długość liścia flagowego na dwóch populacjach mapujących żyta

Identification and characteristics of QTLs related to flag leaf length on two mapping populations of rye

Populacja mapująca Mapping population	Symbol QTL QTL code	Lokalizacja chromosomowa Chromosomal localisation	Najbliższy marker (dystans w cM) Nearest marker (distance in cM)	LOD	Efekt addytywny Additive effect (cm)	R^2 (%)	Działanie QTL The QTL action
Ds2 × RXL10	<i>Fll1</i>	2R	<i>APR3.12</i> (0,0)	3,26	-0,54	4,5	addytywne — additive
	<i>Fll2</i>	4R	<i>psr152_L</i> (0,2)	2,60	-0,64	6,8	addytywne — additive
	<i>Fll3</i>	7R	<i>psr 1051</i> (5,0)	3,24	2,46	16,9	addytywne — additive
541 × Otl-3	<i>Fll4</i>	2R	<i>APR2.20</i> (0,0)	3,3	2,37	24,6	addytywne — additive
	<i>Fll5</i>	7R	<i>APR7.35</i> (3,0)	3,05	1,51	30,6	addytywne — additive

Wszystkie wykrywane QTL testowano przy użyciu moduły MIM w celu określenia typu działania pojedynczego QTL i interakcji pomiędzy nimi. Stwierdzono addytywny sposób działania wszystkich *loci*, nie stwierdzając interakcji pomiędzy QTL.

Parametry liści (długość, szerokość, powierzchnia) dziedziczą się ilościowo i wykazują dużą reakcję na warunki środowiskowe co utrudnia rozpoznanie ich podłoża (Kobayashi i in., 2003). Jak dotąd brak jest opublikowanych prac na wykrywaniu QTL warunkujących długość liścia flagowego u żyta, pomimo faktu że opublikowano już kilka prac identyfikujących QTL kontrolujących inne cechy morfologiczne (Börner i in., 1999 i 2000; Milczarski i Masojć, 2003). Cecha ta była badana u innych gatunków, przede wszystkim u ryżu, u którego ograniczenie powierzchni liści obniża drastycznie plon nasion. Wykrywano tam różną liczbę QTL zależną od składu alleli u form rodzicielskich w zakresie od 2 (Mei i in., 2003) do 8 (Kobayashi i in., 2003). Kobayashi i wsp. 2003 przeprowadzili doświadczenie i pomiary długości liścia flagowego w wielu lokalizacjach i kilku sezonach wegetacyjnych i stwierdzili istotny efekt środowiska wpływający na wykrywanie QTL. W niniejszych badaniach liczba QTL stwierdzanych w populacjach mapujących wynosiła 2 i 3 lecz nie przeprowadzono testu w różnych środowiskach. Otrzymane wyniki potwierdzają

analizy klasycznego oszacowania liczby genów warunkujących długość liścia flagowego na 3 zaproponowanego przez Kubicką i Dec 2001. W pracach Kobayashi i wsp. (2003) oraz Mei i wsp. (2003) efekty wariancji wyjaśniające zmienność pozostającą pod kontrolą QTL (jest to ekwiwalent współczynnika determinacji) były niewielkie i mieściły się w zakresie od 5,1 do 17,3%. Podobny zakres determinacji cechy obserwowano dla QTL wykrywanych w populacji Ds2 × RXL10, a zdecydowanie wyższy (24,6 i 30,6%) dla dwóch QTL w populacji 541 × Ot1-3. W tej drugiej populacji również efekty addytywne allele pochodzącego z linii 541 były wysokie i w obu *loci* wpływały na wydłużenie liścia. Bardziej skomplikowany obraz wyłania się z charakterystyki QTL w mieszańcu Ds2 × RXL10, gdyż efekty addytywne allele pochodzącego z linii Ds2 w dwóch z trzech QTL obniżają (łącznie o ok. 1 cm) długość liścia przy zdecydowanie niskich, poniżej przyjętych za istotne, wartościach współczynnika determinacji. Efekt fenotypowy długiego liścia u linii Ds2 wynika prawdopodobnie z działania *locus Fll3* równoważącego niekorzystny wpływ dwóch pozostałych *loci*.

Zaprezentowany wstępny obraz dziedziczenia się długości liścia flagowego u żyta jest przyczynkiem do prowadzenia szerszych badań nad identyfikacją genów warunkujących kształtowanie się liścia.

WNIOSKI

1. Otrzymane wyniki wskazują, że przynajmniej 4 *loci* kontrolują długość liścia flagowego u żyta wpływając na fenotypowy obraz cechy w różnym stopniu.
2. QTL zlokalizowane na chromosomie 7R w największym stopniu determinują cechę u obu populacji mapujących.
3. Tylko QTL (*Fll1* i *Fll4*) na chromosomie 2R wykrywane u obu populacji zajmują zbliżony obszar na mapie genetycznej.
4. W celu zidentyfikowania wszystkich genów warunkujących długość liścia flagowego u żyta należy rozszerzyć badania o populacje posiadające inne źródła alleli, a następnie weryfikować je w różnych środowiskach.

LITERATURA

- Bednarek P. T., Masojć P., Lewandowska R., Myśków B. 2003. Saturating rye genetic map with amplified fragment length polymorphism (AFLP) and random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *J. Appl. Genet.* 44 (1): 21 — 33.
- Börner A., Korzun V., Voylokov A.V., Weber W. E. 1999. Detection of quantitative trait loci on chromosome 5R of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 98: 1087 — 1090.
- Börner A., Korzun V., Voylokov A. V., Worland A. J., Weber W. E. 2000. Genetic mapping of quantitative trait loci in rye (*Secale cereale* L.) *Euphytica* 116: 203 — 209.
- Kobayashi S., Fukuta Y., Morita S., Sato T., Osaki M., Khush G.S. 2003. Quantitative trait loci affecting flag leaf development in rice (*Oryza sativa* L.). *Breeding Science* 53: 255 — 262.
- Kubicka H., Dec D. 2001. Analiza genetyczna długości i szerokości liścia flagowego i podflagowego u żyta ozimego (*Secale cereale* L.) *Biul. IHAR* 218/219: 351 — 360.
- Mei H. W., Luo L. J., Ying C. S., Wang Y. P., Yu X. Q., Guo L. B., Paterson A. H., Li Z. K. 2003. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two testcross populations. *Theor. Appl. Genet.* 107: 89 — 101.

- Milczarski P., Masojć P. 2003. Interval mapping of genes controlling growth of rye plants. *Plant Breed. Seed Sci.* 48: 135 — 142.
- Milczarski P., Banek-Tabor A., Lebiecka K., Stojalowski S., Myśków B., Masojć P. 2007. New genetic map of rye composed of PCR-based molecular markers and its alignment with the reference map of the DS2 × RXL10 intercross. *J. Appl. Genet.* 48 (1): 11 — 24.
- Ruebenbauer T., Kubara-Szpunar Ł., Łoś T. 1980. Genes controlling quantitative traits in rye (*Secale cereale* L.). *Genetica Polonica* 22 (4): 397 — 410.
- Wang S. C., Basten C. J., Zeng Z. B. 2006. Windows QTL Cartographer 2.5, Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC <http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>).

PAWEŁ MILCZARSKIKatedra Genetyki i Hodowli Roślin
Akademia Rolnicza w Szczecinie

Identyfikacja QTL wybranych cech morfologicznych związanych z wyleganiem u żyta (*Secale cereale* L.)

Identification of QTLs of morphological traits related to lodging of rye (*Secale cereale* L.)

Celem niniejszych badań było rozpoznanie dziedzicznego podłoża wybranych cech morfologicznych związanych z odpornością roślin żyta na wyleganie. Do badań wykorzystano 100 osobników populacji F₄ mieszańca Ds2 × RXL10. Wykonano pomiary biometryczne długości i grubości II międzywęźla (ISL, IST), oraz w oparciu o opublikowane wcześniej wyniki dla wysokości roślin wyliczono współczynnik wylegania (Lc) obliczany jako stosunek grubości II międzywęźla do wysokości roślin. Zidentyfikowano dwa QTL dla długości i trzy QTL dla grubości drugiego międzywęźla oraz 3 QTL dla współczynnika wylegania. Otrzymane QTL zmapowano na chromosomach 2R, 3R, 5R, 6R i 7R. Rozkład QTL na chromosomach wskazuje na różne podłoża genetyczne grubości II międzywęźla i pozostałych cech.

Słowa kluczowe: długość drugiego międzywęźla (SIT), grubość drugiego międzywęźla (SIL), QTL (*Loci* cechy ilościowej), współczynnik wylegania (Lc), żyto

The aim of this study was identification of some morphological traits related to lodging resistance in rye. One hundred F₄ lines of Ds2 × RXL10 mapping population were used. Each F₄ lines plant was measured in respect to length (SIL) and thickness (SIT) of the second internode. With the use of earliner published data on the plant height (Ph), a lodging coefficient (Lc) was calculated as a ratio between the thickness of the second internode and plant height. Two QTLs for the length, three QTLs for the thickness of the second internode and three QTLs for the lodging coefficient were identified on chromosomes 2R, 3R, 5R, 6R and 7R. A distribution of QTLs on chromosomes indicated that genetic background of the second internode thickness differs from that of the other traits.

Key words: SIL (second internode length), SIT (second internode thickness), QTL (quantitative trait loci), (Lc) lodging coefficient, rye

WSTĘP

Wyleganie roślin jest poważnym problemem agrotechnicznym powodującym niżkę plonu, pogorszenie parametrów jakościowych czy utrudnienie mechanicznego zbioru. Wyleganie u zbóż jest definiowane jako nieodwracalne odchylenie źdźbła od pionu

(Pinthus, 1973). Pojawia się ono w skutek działania wiatru, opadów, zwiększonego nawożenia azotowego jak również infekcji patogenów. Odporność roślin na wyleganie związane jest przede wszystkim z morfologicznymi właściwościami roślin, anatomią źdźbła i budową systemu korzeniowego. Hodowla roślin w kierunku odporności na wyleganie jest trudna, ponieważ jest to cecha ilościowa kontrolowana przez wiele genów z istotnym wpływem środowiska na ekspresję cechy (Keller i in., 1999). Szereg badaczy poszukuje cech morfologicznych skorelowanych z wyleganiem, które można by użyć w selekcji genotypów odpornych. Uznaje się, że najbardziej związana z odpornością na wyleganie jest wysokość roślin, a także liczba, długość, grubość międzywęźli, waga źdźbła, sztywność i elastyczność źdźbła oraz inne (Kelbert i in., 2004; Keller i in., 1999; Verma i in., 2005).

Podstawowym sposobem pomiaru odporności na wyleganie jest jej ocena w warunkach polowych z ewentualną prowokacją warunków sprzyjających jej zajściu. Dla potrzeb hodowlanych opracowano cały szereg prostszych metod pozwalających na pośredni pomiar odporności na wyleganie. Jedną z nich jest współczynnik wylegania (L_c) obliczanym jako stosunek średnicy II międzywęźla (liczonego od dołu) do długości słomy.

Celem niniejszych badań było wstępne rozpoznanie dziedzicznego podłoża wybranych cech związanych z wyleganiem, tj. długości II międzywęźla, grubości II międzywęźla oraz powiązania ich ze współczynnikiem wylegania, a następnie mapowanie QTL badanych cech na chromosomach.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach wykorzystano potomstwo F_4 liczącej 100 osobników populacji mapującej powstałej z mieszańca międzyliniowego DS2 (linia o normalnym wzroście) $\times$ RXL10 (linia karłowa). Na wszystkich osobnikach przeprowadzono pomiary długości II międzywęźla i grubości II międzywęźla. Dodatkowo w oparciu o dołączone do badań opublikowane wyniki pomiarów wysokości roślin (Milczarski i Masojć, 2003) wyliczono współczynnik wylegania. Otrzymane dane wprowadzono do programu WinQTLCartographer 2.5 (Wang i in., 2006) w celu wykrycia QTL i lokalizacji ich na skonstruowanej wcześniej mapie genetycznej (Bednarek i in., 2003). Ze względów technicznych ograniczono liczbę markerów na mapie do markerów szkieletowych. Identyfikację QTL przeprowadzono stosując model CIM (Composite Interval Mapping), a do określenia interakcji i sposobu działania QTL zastosowano moduł MIM (Multiplay Interval Mapping). Ponieważ identyfikacja QTL warunkujących wysokość roślin została wykonana z zastosowaniem modułu SIM (Simple Interval Mapping) dokonano ponownego przeliczenia tych danych z wykorzystaniem modułu CIM. Parametrami opisującymi wykryte QTL są: LOD — test logarytmiczny określający pewność lokalizacji QTL w danym miejscu na chromosomie, „a” — efekt addytywny jednego z alleli rodzicielskich (tu pochodzącego od linii rodzicielskiej DS2), R^2 — współczynnik determinacji. Istotne QTL stanowią te, których LOD przekracza poziom krytyczny testu = 2,5, a wartość współczynnika determinacji R^2 jest $\geq 10\%$.

WYNIKI I DYSKUSJA

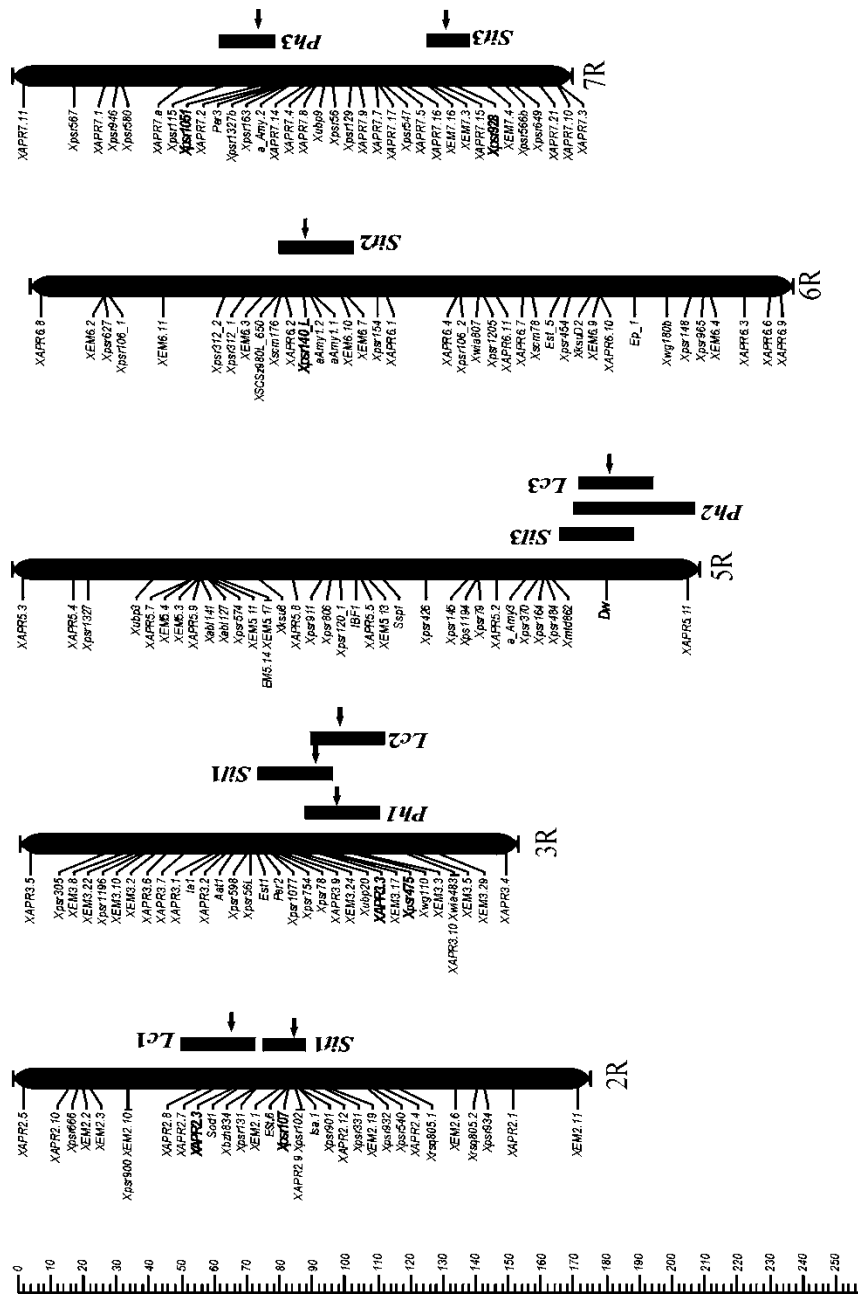
Wszystkie badane cechy rozszczepiały się w populacji mapującej a ich segregacja była zbliżona do rozkładu normalnego, przy czym obserwowano genotypy o wartościach przekraczających (lub mniejszych) od form rodzicielskich (tab. 1). Linie rodzicielskie wykazywały duży polimorfizm pod względem analizowanych cech, którego przyczyną jest obecność w linii RXL10 genu karłowatości *Dw1*. Na podstawie dostępnych danych wyliczono współczynnik odziedziczalności w szerokim zakresie (za wyjątkiem współczynnika wylegania), który mieścił się w zakresie od 0,5 dla grubości drugiego międzywęźla do 0,9 dla wysokości roślin (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka badanych cech: długość i grubość drugiego międzywęźla wysokość roślin oraz współczynnika wylegania u form rodzicielskich i populacji mapującej
Characteristics of length and thickness of the second internode, plant height and lodging coefficient in parents and mapping population

Cecha Trait	Symbol QTL QTL code	Wartość średnia cechy u rodziców Mean trait value in parents		Wartość średnia cechy w populacji (odchylenie standardowe) Mean trait value in population (standard deviation)	Zakres zmienności cechy w populacji Variation range of trait in population	Współczynnik odziedziczalności Coefficient of heritability (H)
		DS2	RXL10			
Długość II międzywęźla II internode length (cm)	<i>Sil</i>	11,1	7,27	11,2 (2,42)	4,7–17,5	0,69
Grubość II międzywęźla II internode thickness (mm)	<i>Sit</i>	4,6	3,8	4,38 (0,32)	3,6–5,2	0,50
Współczynnik wylegania Lodging coefficient	<i>Lc</i>	0,046	0,069	0,038 (0,01)	0,032–0,084	—
Wysokość roślin Plant height (cm)	<i>Ph</i>	98	55	111,5 (26,2)	46,5–144,2	0,90

Zidentyfikowano i scharakteryzowano 11 QTL związanych z badanymi cechami o zróżnicowanym wpływie na ich wykształcenie się, które zmapowano na chromosomach 2R, 3RL, 5RL, 6RL (C), 7RS i 7RL (rys. 1, tab. 2). Stwierdzono, że QTL dla wysokości roślin (*Ph1*, *Ph2*) i długości II międzywęźla (*Sil1*, *Sil2*) lokują się w tych samych regionach chromosomów 3RL i 5RL. Na chromosomie 7R zlokalizowano dwa QTL jeden dla wysokości roślin (*Ph3*) na krótkim ramieniu, a drugi QTL warunkujący grubość II międzywęźla (*Sit3*) na długim ramieniu tego chromosomu. Wykryto dodatkowe dwa QTL kontrolujące grubość II międzywęźla na chromosomie 6RL (*Sit2*) i chromosomie 2RL (*Sit1*), z tym że ten drugi locus był wykrywany testem LOD poniżej wartości krytycznych. Rozkład QTL na chromosomach wskazuje na odrębność genetyczną średnicy II międzywęźla i wysokości roślin oraz długości II międzywęźla. Grubość drugiego międzywęźla była również cechą o najniższej wartości współczynnika odziedziczalności w szerokim zakresie (0,5). Dodatkowym potwierdzeniem otrzymanych wyników jest brak istotnej korelacji pomiędzy średnicą II międzywęźla a pozostałymi cechami.



Rys. 1. Identyfikacja i lokalizacja chromosomowa QTL grubości i długości liścia flagowego, wysokości roślin i współczynnika wylegania użyta. Boldem zaznaczono markery najbliższe sprzężone z QTL
 Fig. 1. Identification and localization of QTLs for length and thickness of the second internode, plant height and lodging coefficient in rye. Markers linked to QTL are in bold

Naniesiony na mapę genetyczną współczynnik wylegania pokrywa się zgodnie jedynie z wysokością roślin i długością II międzywęźla. Zbieżność lokalizacyjna QTL *Lc1* (współczynnik wylegania) i *Sit1* (grubość II międzywęźla) nie jest możliwa do udowodnienia z powodu zbyt niskiej precyzji mapowania. O wpływie danego QTL na wykształcenie się cechy informuje parametr R^2 , który obliczany jest automatycznie przez program mapujący. Z 11 wykrytych QTL 8 przekracza wartości krytyczne, przy czym 6 z nich lokuje się na chromosomach 3R i 5R, co wskazuje na dużą rolę obu chromosomów w ekspresji cech (rys. 1, tab. 2). Na chromosomie 5R zlokalizowany jest gen karłowatości (*Dw1*) pochodzący z linii rodzicielskiej RXL10, który wyraźnie wpływa na morfologię roślin. Brak jest informacji o obecności na chromosomie 3R analogicznego *locus*.

Tabela 2

**Identyfikacja i charakterystyka QTL warunkujących długość i grubość drugiego międzywęźla
wysokość roślin oraz współczynnika wylegania**
**Identification and characteristics of QTL related to length and thickness of the second internode, plant
height and lodging coefficient**

Cecha Trait	Symbol QTL QTL code	Lokalizacja chromosomowa Chromosomal localisation	Najbliższy marker Nearest marker	LOD	Efekt addytywny Additive effect (cm)	R^2 (%)
Długość II międzywęźla] II internode length (cm)	<i>Sil1</i>	3RL	<i>APR3.3</i>	4,4	-0,6	2,0
	<i>Sil2</i>	5RL	<i>Dw1</i>	16,3	2,16	35,4
Grubość II międzywęźla II internode thickness (mm)	<i>Sit1</i>	2RL	<i>psr107</i>	2,2	-0,08	9,0
	<i>Sit2</i>	6RL (C)*	<i>psr140 L</i>	2,58	0,16	12,1
	<i>Sit3</i>	7RS	<i>psr928</i>	3,42	-0,15	12,2
Współczynnik wylegania Lodging coefficient	<i>Lc1</i>	2RS (C)	<i>APR2.3</i>	2,62	0,007	10,8
	<i>Lc2</i>	3RL	<i>psr475</i>	2,81	0,01	23,7
	<i>Lc3</i>	5RL	<i>Dw1</i>	9,9	-0,004	3,0
Wysokość roślin Plant height (cm)	<i>Ph1</i>	3RL	<i>psr475</i>	4,18	-15,4	20,0
	<i>Ph2</i>	5RL	<i>Dw1</i>	20,0	16,4	30,0
	<i>Ph3</i>	7RL	<i>psr1051</i>	2,9	-9,0	25,2

*C — centromer

Wszystkie wykryte QTL wykazywały addytywny sposób działania, przy czym nie stwierdzono istotnych statystycznie interakcji pomiędzy nimi.

Identyfikacje QTL dla cech morfologicznych u żyta zaprezentowali Börner i wsp. (1999 i 2000), Milczarski i Masojć (2003). Za wyjątkiem wysokości roślin prezentowane w niniejszej pracy lokalizacje QTL warunkujących długość i grubość drugiego międzywęźla są pierwszymi doniesieniami dla żyta. U pszenicy Keller i wsp. (1999) podjęli próbę identyfikacji QTL kontrolujących cechy związane z wyleganiem i samego wylegania w tym grubości i długości międzywęźli stwierdzając, że z 10 wykrywanych *loci* dla grubości źdźbła tylko 3 prawdopodobnie lokują się w zbliżonych obszarach QTL odporności na wyleganie a jeden w regionie QTL dla wysokości roślin. Autorzy ci nie stwierdzili istotnej korelacji pomiędzy grubością źdźbła i wyleganiem. Jako najważniejsze cechy morfologiczne mające wpływ na wyleganie Keller i wsp. (1999) wskazują wysokość i sztywność roślin. Podobnego zdania są Verma i wsp. (2005), którzy analizując dodatkowo szereg cech morfologicznych i konfrontując otrzymane korelacje ze zgodnymi

lokalizacjami QTL stwierdzili, że korelacja pomiędzy długością pierwszego międzywęźla a wyleganiem jest tak samo istotna jak pomiędzy wysokością roślin a wyleganiem. W niniejszej pracy nie badano wylegania u roślin w związku z tym nie można powiązać otrzymanych wyników bezpośrednio z tą cechą.

Jako cechę pośrednią wybrano współczynnik wylegania, który koreluje się istotnie statystycznie tylko z wysokością roślin (-0,93) i długością II międzywęźla (-0,5). Wstępne lokalizacje *loci* cech ilościowych warunkujących grubość i długość drugiego międzywęźla poszerzają wiedzę o genach kontrolujących cechy morfologiczne u żyta w tym cechy związane z wyleganiem.

WNIOSKI

1. Stwierdzono, że długość II międzywęźla kontrolowana jest przez 2, a grubość II międzywęźla 3 QTL.
2. Grubość drugiego międzywęźla charakteryzuje się innym podłożem genetycznym niż długość II międzywęźla czy wysokość roślin.
3. Zidentyfikowane QTL związane z pośrednim parametrem — współczynnikiem wylegania pokrywają swoją pozycję mapową z QTL warunkującymi wysokość roślin i długość drugiego międzywęźla na chromosomach 3R i 5R.

LITERATURA

- Bednarek P. T., Masojć P., Lewandowska R., Myśków B. 2003. Saturating rye genetic map with amplified fragment length polymorphism (AFLP) and random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *J. Appl. Genet.* 44 (1): 21 — 33.
- Börner A., Korzun V., Voylokov A. V., Weber W. E. 1999. Detection of quantitative trait loci on chromosome 5R of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 98: 1087 — 1090.
- Börner A., Korzun V., Voylokov A. V., Worland A. J., Weber W. E. 2000. Genetic mapping of quantitative trait loci in rye (*Secale cereale* L.) *Euphytica* 116: 203 — 209.
- Keller M., Karutz Ch., Schmid J. E., Stamp P., Winzeler M., Keller B., Messmer M. M. 1999. Quantitative trait loci for lodging resistance in a segregating wheat × spelt population *Theor. Appl. Genet.* 98: 1171 — 1182.
- Kelbert A. J., Spaner D., Briggs K. G. & King J. R. 2004. The association of culm anatomy with lodging susceptibility in modern spring wheat genotypes. *Euphytica* 136: 211 — 221.
- Milczarski P., Masojć P. 2003. Interval mapping of genes controlling growth of rye plants. *Plant Breed. Seed Sci.* 48: 135 — 142.
- Pinthus, M. J. 1973. Lodging in wheat, barley, and oats: The phenomenon, its causes, and preventative measures. *Adv Agron* 25: 210 — 256.
- Verma V., Worland A. J., Sayers E. J., Fish L., Caligari P. D. S., Snape J. W. 2005. Identification and characterization of quantitative trait loci related to lodging resistance and associated traits in bread wheat. *Plant Breeding* 124: 234 — 241.
- Wang S. C., Basten C. J., Zeng Z. B. 2006. Windows QTL Cartographer 2.5, Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC <http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>.

HENRYK BUJAK
STANISŁAW JEDYŃSKI
JAN KACZMAREK

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Zastosowanie metody rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności do badania stabilności plonowania odmian żyta

Application of the method of homogeneous group ranks and coefficients of variability to evaluation of yield stability of rye cultivars

Na wynikach doświadczeń porejestrowych z lat 2005–2007 wykonano ocenę stabilności plonowania odmian żyta wykorzystując metodę rang grup jednorodnych i współczynników zmienności ($R_D + V$). Metoda w założeniu oparta jest na kolejności plonowania (rangach) odmian w poszczególnych środowiskach. W pojedynczych doświadczeniach przy większej liczbie odmian, tworzy się wiele grup jednorodnych, wewnątrz których różnice w plonach są nieistotne. W pracy grupom jednorodnym nadano kolejne rangi. Odmiany należące do grupy jednorodnej otrzymały tę samą rangę. Po zsumowaniu rang odmian ze wszystkich doświadczeń wyliczono średnią, która jest rangą ogólną odmiany. Współczynnik zmienności obliczono na podstawie średnich plonów wszystkich doświadczeń. Odmiany charakteryzujące się najniższą rangą R_D i niską wartością współczynnika zmienności (V) mają wysoką pożądaną stabilność rolniczą, czyli są wysokopienne i dobrze reagują na korzystne warunki środowiska.

Słowa kluczowe: grupy jednorodne, plon, stabilność, współczynnik zmienności

A new method was proposed for evaluating stability of rye cultivars tested in 15 post-registration trials conducted in the years 2005–2007. The method is based upon ranks of cultivars in particular environments and coefficients of variability calculated across the environments. For multiple comparisons the Duncan's test was used and each cultivar was given appropriate rank. Cultivars in a homogeneous group were assigned the same rank. Because cultivars ranked differently in the 15 experiments, a mean rank R_D was calculated for each cultivar. The cultivars with low R_D value and low coefficient of variability were considered stable. The new method was compared with two Hühn's measures (S_r^1 , S_r^2), Kang's parameter (RS) and stratified ranking technique of Fox.

Key words: coefficient of variability, homogeneous groups, yield stability

WSTĘP

Celem Porejstrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) jest uzyskanie charakterystyki odmian pod względem plonowania w bardziej lub mniej sprzyjających środowiskach. Wyniki pochodzące z kilku lat i miejscowości pozwalają na tworzenie list odmian rekomendowanych do uprawy w województwie. Jednak potrzebna jest dalsza informacja o przydatności poszczególnych odmian do makro i mikrorejonyzacji. W przypadku doświadczeń PDO najważniejsza jest ocena interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$), zwłaszcza z punktu widzenia rolniczej stabilności plonowania odmian i ich adaptacyjności. Wyniki analizy interakcji genotypowo-środowiskowej mogą być pomocne w mikrorejonyzacji, czyli wskazaniu podrejonów, w których należałoby zalecać określone odmiany do uprawy. Wpływ odmian i środowisk na efekty interakcji $G \times E$ jest statystycznie nieaddytywny, co oznacza, że różnice w średnich plonach odmian będą zależały od środowiska (Yue i in., 1997). W konsekwencji oznacza to, że wybór odmian na podstawie średniego plonu w danym środowisku będzie mniej skuteczny (Hopkins, 1995). Można rozważyć dwie strategie wyodrębniania odmian o możliwie niskiej interakcji $G \times E$. W pierwszej dokonuje się podziału heterogenicznego rejonu województwa na podrejon i w nich realizuje się program doświadczeń. W następstwie tego interakcja odmiana $\times$ miejscowości $\times$ lata może jednak pozostać jeszcze na wysokim poziomie, a dodatkowo taka strategia działania jest zbyt kosztowna. Lepiej jest realizować drugi sposób, polegający na obniżeniu interakcji $G \times E$ poprzez wybór odmian z wyższą stabilnością w szerokim zakresie środowisk.

Dotychczas zaproponowano wiele metod do oszacowania i podziału interakcji $G \times E$. Caliński i wsp. (2003) opracowali dla doświadczeń PDO program SERGEN 4, który pozwala na szczegółową analizę struktury interakcji $G \times E$ i charakterystykę odmian pod względem stabilności plonowania i przydatności do określonych środowisk.

Oprócz analizy wielowymiarowej składowych głównych (np. program SERGEN) do identyfikowania stabilnych odmian wykorzystuje się metody jednowymiarowe. Wśród nich często stosowana jest metoda zaproponowana przez Eberharta i Russella (1966). Wariancja odchyleń od regresji S^2_{di} jest traktowana jako miernik stabilności odmiany, a liniowy współczynnik regresji b_i wskazuje na adaptacyjność odmiany do określonych środowisk.

Shukla (1972) zaproponował wykorzystanie nieobciążonego oszacowania wariancji (σ_i^2) do oceny stabilności odmiany. Istotność wariancji wskazuje na niestabilność plonowania odmiany.

Wricke (1962) opracował metodę ekowalencji, za pomocą której mierzy się wkład każdego genotypu do sumy kwadratów dla interakcji. Niska wartość tego parametru oznacza dużą stabilność odmiany.

Hanson (1970) zaproponował metodę oceny stabilności genotypowej dla małej liczby odmian i środowisk wyznaczając parametr (D_i). W tej metodzie stabilność odmiany określa się jako odchylenie plonu oczekiwanego (E_{ij}) od plonu stabilnego (S_{ij}).

Wiarygodność wyników uzyskiwanych za pomocą metod parametrycznych jest uzależniona od spełnienia pewnych założeń statystycznych, takich jak np. rozkład

normalny błąd i efektów interakcji. Przy stosowaniu metod nieparametrycznych nie wymaga się spełnienia tych warunków. Dodanie lub wyłączenie kilku odmian z analizy nie wpływa w większym stopniu na zmianę wyników. Opracowano wiele statystycznych metod nieparametrycznych do testowania interakcji jakościowej, które początkowo stosowane były przede wszystkim w medycynie (Brederkamp, 1974; De Kroon i van der Laan, 1981; Hildebrand 1980; Kubinger, 1986). Metody nieparametryczne nie sprawiają trudności obliczeniowych, a uzyskane za ich pomocą wyniki są łatwe do interpretacji.

Spośród metod nieparametrycznych w badaniach nad stabilnością odmian stosowane są wskaźniki Hühna (1990 a, b), parametr Kanga (1988), który jest sumą rang odmian ustalonych według wielkości plonu i wariancji Shukli (1972) oraz metodę Foxa i wsp. (1990), która polega na uszeregowaniu odmian według wysokości plonów i nadaniu im kolejnych rang. Genotypy z nadanymi wcześniej rangami dzieli się na trzy równe frakcje, górną — wysoko plonującą, środkową — średnio plonującą i dolną — nisko plonującą. Odmiany, które występują w najwyższym procencie środowisk w pierwszej górnej frakcji uznaje się za najbardziej stabilne i pożądane. Wszystkie cytowane metody mają wspólną wadę, ponieważ nie uwzględniają wielkości różnic w plonowaniu odmian, a uzyskane miary stabilności są słabo skorelowane z plonem. W takiej sytuacji każdy wyliczony miernik stabilności należy rozpatrywać łącznie z plonem i dopiero wtedy wyciągać wnioski.

Celem pracy było porównanie nowej metody rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności z czterema nieparametrycznymi metodami badania rolniczej stabilności odmian Hühna S_i^1 , S_i^2 , Kanga i Foxa do badania stabilności plonowania odmian.

MATERIAŁ I METODY BADAŃ

Materiałem badawczym było 12 odmian żyta ozimego z doświadczeń PDO z pięciu miejscowości i trzech lat (2005–2007).

Po wykonaniu analizy wariancji pojedynczych doświadczeń w miejscowościach i latach należy sprawdzić hipotezę zerową o jednorodności obiektów, czyli równości średnich obiektowych. Hipotezę weryfikuje się, korzystając z testu istotności F .

Iloraz $F = \frac{S_o^2}{S_e^2}$ ma rozkład Snedecora z $v_1 = k-1$, $v_2 = (k-1)(r-1)$ stopni swobody.

W przypadku istotności, jedną z metod łączenia odmian w grupy jednorodne jest test Duncana, gdzie SD oznacza błąd standardowy różnicy wyliczany ze wzoru:

$$S_D = \sqrt{\frac{2S_e^2}{r}}$$

gdzie :

S_o^2 — średni kwadrat dla obiektów z analizy wariancji,

S_e^2 — średni kwadrat dla błędu z analizy wariancji,

k — liczba obiektów,

r — liczba powtórzeń.

Dla grupy odmian liczącej p średnich obiektowych wyznacza się różnicę graniczną:

$$D_p = t_p S_D$$

gdzie: t_p — wartość wielokrotnego testu Duncana dla liczby średnich równej p oraz liczby stopni swobody dla S_e^2 .

Jeżeli różnica między średnimi przewyższa wartość graniczną $t_p S_D$, wtedy rozpatrywaną grupę p odmian nie uznajemy jako jednorodną. Odmiany poniżej wartości granicznej $t_p S_D$, tworzą grupę jednorodną.

W pracy przyjęto, że różnice w plonowaniu odmian należących do tej samej grupy jednorodnej są równe zero, a tym samym otrzymują tę samą rangę. Przy większej liczbie odmian zazwyczaj powstaje kilka grup zachodzących na siebie. Niektóre odmiany mogą występować w dwóch lub większej liczbie grup. Rangi przypisywane są w kolejności rosnącej poczynawszy od odmian zaliczonych do najwyższej plonującej grupy jednorodnej.

Każda grupa jednorodna otrzymuje kolejną rangę $R_{D1...k}$, gdzie: k — liczba rang. Odmiana należąca równocześnie do dwóch lub większej liczby rang otrzymuje średnią rangę:

$$R_{D_i} = \frac{\sum_{i=1}^k R_{D_i}}{k}$$

gdzie k — liczba rang reprezentowanych przez i -tą odmianę. Po zsumowaniu wszystkich rang dla odmian z poszczególnych lat i miejscowości wylicza się średnią wartość rangi dla każdej odmiany R_D :

$$R_D = \frac{\sum_{j=1}^n R_{D_i}}{n}$$

gdzie: n — liczba doświadczeń w latach i miejscowościach. Średnie plony z poszczególnych doświadczeń służą do obliczenia współczynnika zmienności (V). Po uszeregowaniu współczynników zmienności V według wysokości, nadaje się im kolejne rangi. Suma rang R_D i V jest miernikiem stabilności rolniczej odmiany. Im wyższa jego wartość tym stabilność odmiany jest mniejsza. Między plonem a miernikami stabilności obliczono współczynniki korelacji Persona i Spearmana.

WYNIKI BADAŃ

Do porównania różnych metod nieparametrycznych wykorzystano wyniki 15 doświadczeń porejestrowych z odmianami żyta z lat 2005–2007. W tabeli 1 przedstawiono plon odmian, średnią rangę R_D i procentowy udział środowisk, w których poszczególne odmiany znajdowały się w kolejnych rangach. Utworzone grupy jednorodne testem Duncana zostały przemianowane na rangi. W każdym z 15 doświadczeń, odmianom nadano rangę według ich przynależności do określonej grupy jednorodnej. Miernik R_D jest średnią rangą z wszystkich środowisk. Niższe wartości tego miernika świadczą o wyższym plonie odmiany. Ponieważ miernik R_D powiązany jest z przedziałem ufności, dlatego występuje liniowa zależność między R_D a plonem. Współczynnik korelacji Pearsona

wynosił 0,97. Różnica między dwiema wartościami R_D o 1 dla odmian, świadczy o dużym prawdopodobieństwie istotnych różnic w plonie.

Tabela 1

Średnie plony, wartości R_D oraz procent środowisk, w których znajdowały się odmiany i frakcje według metody Foxa

Mean yields, R_D values, percentages environments for each cultivar and Fox fractions

Odmiana Cultivar	Plon Yield (dt/ha)	Ranga Rank <i>R_D</i>	Procent środowisk, w których wystąpiła odmiana					Fox % środowisk % of environments		
			% of environments for each cultivar					frakcja — fraction		
			rangi — rank				pozostałe rest	górna top	środkowa middle	dolna low
			1	2	3	4				
Fernando F ₁	77,8	1,1	100					100		
Picasso F ₁	74,7	1,6	53	33	7		7	100		
Stach F ₁	69,1	3,2		40	27	27	6	100		
Klawo F ₁	70,0	2,7	20	33	27	20		80	20	
Konto F ₁	71,3	2,4	20	60	7	7	6	20	80	
Bosmo	66,1	3,9		27	20	33	20		80	20
Caroass (Synt)	66,1	4,1		13	27	46	14		80	20
Agrikolo	65,9	4,1		7	27	46	20		60	40
Amilo	64,2	4,4			40	14	46		40	60
Motto	63,2	4,8			20	10	70			100
Rostockie	64,5	4,3	7	7	20	20	46		40	60
Słowiańskie	64,2	4,4		7	27	20	46			100
Współczynnik korelacji										
Pearsona z plonem		-0,97								
Pearson's correlation with yield										

W celu określenia rolniczej stabilności plonowania, ustalono rangi jakie zajmowała każda odmiana we wszystkich środowiskach. W tabeli 1 przedstawiono procentowy udział środowisk, w których odmiany zajmowały kolejne rangi. Na podstawie tego zestawienia widać, że odmiana Fernando w 100% środowisk plonowała najwyżej i można ją uznać za stabilną rolniczo i uniwersalną, czyli godną polecenia w różnych środowiskach. Pozostałe odmiany w różnym procencie środowisk plonowały najwyżej. Cechą charakterystyczną grup jednorodnych jest ich zachodzenie na siebie, czyli często pierwsza grupa jednorodna swoim zasięgiem obejmuje część drugiej, a nawet dalszych grup. Można więc przyjąć założenie, że odmiany należące do trzech pierwszych rang są stabilne i wysokopienne. Takie podejście do analizy rolniczej stabilności jest najbardziej zbliżone do metody Foxa i wsp. (1990), według której wszystkie badane odmiany dzieli się na trzy równe frakcje, a następnie określa % środowisk, w których poszczególne odmiany znajdują się w I górnej najwyżej plonującej frakcji. Za pożądane uznaje się te odmiany, które w największym % należą do I frakcji. Zarówno metoda Foxa i Rang Grup Jednorodnych na ogół dają zbliżone oceny pod względem rolniczej stabilności plonowania odmian. Słabością metody Foxa i wsp. (1990) jest to, że nie uwzględnia ona wielkości i istotności różnic w plonowaniu odmian. Sam miernik R_D jest nie wystarczający do pełnej oceny stabilności plonowania. Dla lepszej oceny odmiany, należy wartości miernika R_D rozpatrywać łącznie ze współczynnikiem zmienności „V”. W tabeli 2 przedstawiono wskaźnik R_{D+V} oraz mierniki S_i^1 , S_i^2 Hühna oraz parametr Kanga.

Tabela 2

Nieparametryczne miary oceny stabilności plonowania odmian żyta
Non-parametric measures of yield stability

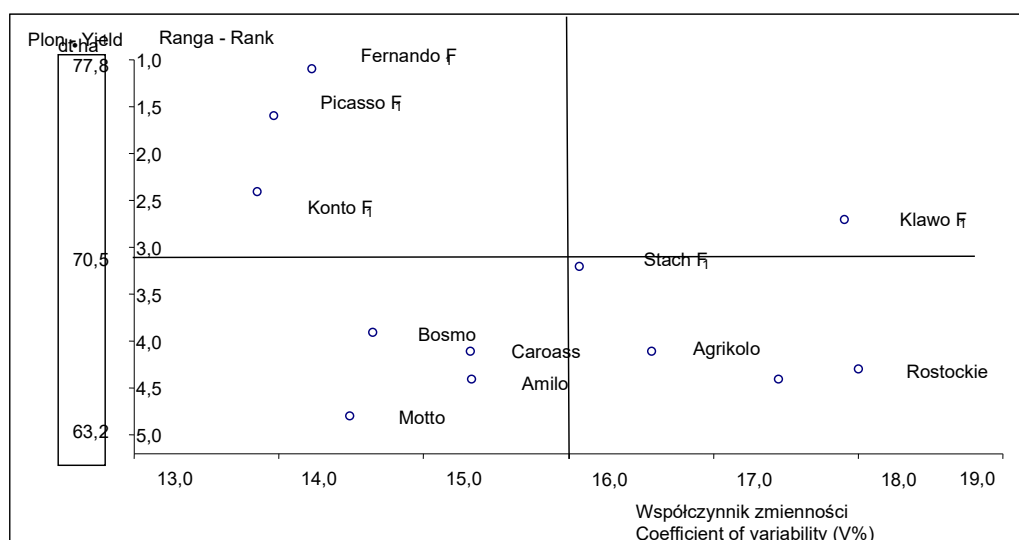
Odmiana Cultivar	Plon — Yield (dt/ha)	R_{D+V}	Hühn		Kang
			S_i^1	S_i^2	
Fernando F ₁	77,8	4,1	4,86	17,92	13
Picasso F ₁	74,7	3,6	3,37	8,54	13
Konto F ₁	71,3	3,4	4,44	14,14	11
Klawo F ₁	70,0	3,7	4,69	15,97	14
Stach F ₁	69,1	11,2	4,93	17,7	16
Bosmo	66,1	8,9	3,49	9,17	11
Caroass (Synt)	66,1	10,6	4,19	12,84	13
Agrikolo	65,9	12,9	4,1	12,03	11
Rostockie	64,5	16,3	3,16	8,21	16
Słowiańskie	64,2	14,4	4,13	12,5	14
Amilo	64,2	10,9	4,32	13,46	20
Motto	63,2	8,8	3,5	9,27	14
Współczynnik korelacji Pearsona z plonem Pearson's correlation with yield		-0,71	0,40	0,46	-0,51
Współczynnik korelacji Spearmana Spearman's correlation with yield		0,87	0,42	0,42	0,41

Wartości krytyczne; Critical values: Pearsona — $r_{0,05} = 0,57$ Spearmana — $r_s = 0,56$

Na podstawie wskaźnika R_{D+V} kolejność odmian: była następująca: Konto, Picasso, Fernando, Motto, Bosmo, Caroass, Amilo, Stach, Agricolo, Klawo, Słowiańskie, Rostockie i różni się od uszeregowania odmian na podstawie samych wartości R_D . Metoda oparta na wskaźniku R_{D+V} zbliżona jest do metody Kanga, która opiera się na sumie rang plonu i wariancji Shukli (Kang, 1988). Miernik Kanga wskazuje już na nieco inne odmiany, bowiem oprócz mieszańców Konto, Fernando i Picasso do odmian stabilnych zalicza również odmiany populacyjne Bosmo i Agricolo. Współczynnik korelacji Spearmana między miernikami Kanga a plonem był nieistotny i wynosił $r_s = 0,41$. Współczynnik korelacji między wskaźnikiem R_{D+V} był wysoki i wynosił $r_s = 0,87$. Wynik ten świadczy o przydatności wskaźnika R_{D+V} do oceny rolniczej stabilności odmian. Znacznie wyższe współczynniki korelacji między wartościami miernika Kanga a plonem uzyskali Sabaghania i wsp. (2006) u soczewicy $r = 0,84$.

Mierniki S_i^1 , S_i^2 Hühna były również słabo skorelowane z plonem $r_s = 0,42$ i oceniają głównie stabilność biologiczną. Ponieważ są ze sobą wysoko skorelowane można je stosować zamiennie.

Ocenę stabilności można również przedstawić graficznie na wykresie w układzie współrzędnych (rys. 1). Z rysunku 1 wynika, że odmiany w pierwszej górnej lewej ćwiartce charakteryzują się wysokim plonowaniem i niskim współczynnikiem zmienności. Są to wyłącznie odmiany mieszańcowe, natomiast odmiany populacyjne plonowały niżej i można je podzielić na dwie grupy pod względem współczynnika zmienności. Taka koncepcja badania stabilności zbliżona jest do metody Francisa i Kannenberga (1978), w której stabilność plonowania odmian ocenia się na podstawie średnich plonów i współczynnika zmienności.



Rys. 1. Stabilność plonowania odmian żyta ozimego na podstawie zmienności i rangi
Fig. 1. Yield stability of rye cultivars based on ranks and coefficient of variability

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

1. Metoda rang grup jednorodnych i współczynników zmienności stanowi dodatkowy miernik do oceny rolniczej stabilności plonowania i podziału odmian na uniwersalne i przystosowane do lokalnych warunków środowiska.
2. Nowa metoda rang grup jednorodnych może być wykorzystana do wykrywania interakcji jakościowej.
3. Ze względu na łatwość obliczeń i interpretacji, metodę rang grup jednorodnych można polecać zespołom PDO podejmującym decyzje o rekomendacji odmian do uprawy w określonych mikroregionach.
4. Metoda rang grup jednorodnych daje podobne wyniki oceny stabilności odmian, jak metoda Foxa, jednak dostarcza dokładniejszych informacji o rolniczej stabilności plonowania odmian.

LITERATURA

- Brederkamp J. 1974. Nonparametric Prüfung von Wechselwirkung. Psychol. Beitr. 16: 398 — 416.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P. 2003. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 4. IGR PAN Poznań.
- De Kroon J., van der Laan P. 1981. Distribution-free test procedures in two-way layout: a concept of rank-interaction. Stat Neeri 35: 189 — 213.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop. Sci. 6: 36 — 40.
- Fox P. N., Skovmand B., Thompson B., Braun H. J., Cormier R. 1990. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. Euphytica 47: 57 — 64.

- Francis T. R., Kannenberg L. W. 1978. Yield stability studies in short season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Can. J. Plant Sci.* 58: 1029 – 1034.
- Hanson W. D. 1970. Genotypic stability. *Theor. Appl. Gen.* 40: 226 — 231.
- Hildebrand H. 1980. Asymptotische verteilungsfreie Rangtests in linearen Modellen. *Med. Inform. Stack.* 17: 344 — 349.
- Hopkins A. A., Vogel K. P., Moore K. J., Johnson K. D., Carlson L. T. 1995. Genotype effects and genotype by environment interactions for trait of elite switch grass populations. *Crop. Sci.* 35: 125 — 132.
- Hühn M. 1990 a. Non parametric measures of phenotypic stability. Part. 1 Theory. *Euphytica* 47: 189 — 194.
- Hühn M. 1990 b. Non parametric measures of phenotypic stability. Part. 2 Application. *Euphytica* 47: 195 — 201.
- Kang M. S. 1988. A rank sum method for selecting high yielding and stable crop genotypes. *Cereal Res. Commun.* 16: 113 — 115.
- Kubinger K. D. 1986. A note on non-parametric tests for the interaction on two-way layouts. *Biometrics J.* 28: 67 — 72.
- Sabaghnia N., Dehghani H. Sabaghpour S. H. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype x environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 – 1106.
- Scapim C. A., Oliveira V. R., Braccinil A. L., Cruz C. D., Andrade C. A. B., Vidigal M. C. G. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Hühn models. *Genet. Mol. Biol.* 23: 387 — 393.
- Shukla G., K. 1972. Some aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Thennarasu K. 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D. thesis. P. J. School, IARI, New Delhi, India.
- Wricke G. 1962. Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Zeit. Pflanzenzüchtung* 47: 92 — 96.
- Yue G. J., Roozeboom K. L., Schapaugh Jr., W. T., Liang G. H. 1997. Evaluation of soybean cultivars using parametric and nonparametric stability estimates. *Plant Breed.* 116: 272 — 275.

AMÍLCAR OLIVEIRA¹**TERESA OLIVEIRA**¹**STANISŁAW MEJZA**²**JOÃO TIAGO MEXIA**³¹ Universidade Aberta, and Center of Statistic and Applications, University of Lisbon, Portugal² Poznan University of Life Sciences, Poland³ Nova University of Lisbon, Portugal

Joint Regression Analysis applied to genotype stability evaluation over years

Zastosowanie analizy regresji łącznej do badania stabilności genotypów w doświadczeniach wieloletnich

Most genotype differences connected with yield stability are due to genotype $\times$ environment interaction. The presence and dimension of this interaction are the factors that determine the performance of genotypes in distinct environments. The environmental factors, like annual rainfall, temperature, diseases or soil fertility, can only explain part of this interaction. Many statistical tools have been developed with the aim to explain the information contained in the GE interaction data matrix. In our work we use the Joint Regression Analysis (JRA), the Zig-Zag Algorithm to estimate the regression coefficients and the multiple comparison tests of Scheffé, Tukey and Bonferroni. We point out not just the limitations of the JRA when used year by year, but also genotype selection advantage from general JRA over years. Data of the Portuguese Plant Breeding Board were used to carry the year and over years analyses of yielding stability of 22 different genotypes of oat (*Avena sativa* L.) at six different locations in the years 2002, 2003 and 2004.

Key words: genotype stability, joint regression analysis, oat

Interakcja genotypowo-środowiskowa jest jednym z głównych źródeł różnic w plonowaniu odmian. Istnienie i zakres interakcji determinuje przydatność odmian w różnych środowiskach. Częściowo możemy ją wyjaśnić poprzez niektóre cechy charakteryzujące środowisko takie jak np.: roczna wielkość opadów, temperatura powietrza, częstość występowania chorób, żyzność gleby. W celu wyjaśnienia interakcji genotypowo-środowiskowej wykorzystujemy w pracy informację zawartą w dwuwymiarowej tabeli danych, stosując przy tym następujące metody statystyczne: analiza regresji łącznej, algorytm naprzemienny Zig-Zag, estymacja parametrów równań regresji oraz testy jednoczesne Scheffego, Tukeya i Bonferroniego. Ponadto dyskutujemy użyteczność metody regresji łącznej do selekcji odmian w doświadczeniach pojedynczych oraz w doświadczeniach wielokrotnych i wieloletnich. Rozważania teoretyczne ilustrujemy danymi pochodzącymi z Portugalskiej Sekcji Hodowli Roślin. Dane dotyczą badania stabilności plonu 22 genotypów owsa (*Avena sativa* L.) na podstawie doświadczeń przeprowadzonych w sześciu miejscowościach w latach 2002, 2003 i 2004.

Słowa kluczowe: analiza regresji łącznej, owies, stabilność genotypów

1. INTRODUCTION

To perform successfully, a certain genotype should be dominant or at least not dominated in consecutive years of evaluation. Then, the stability of parameters is a very important issue in plant breeding programs, and methods for testing and interpreting the genotype $\times$ environment interaction have been a matter of concern not only in agronomic literature, but also from the point of view of statistical tools development. Joint regression analysis (JRA) is a powerful tool to analyse this interaction, as was shown for example by Aastveit, and Mejza (1992).

The yield data, obtained for 22 different genotypes of oat (*Avena sativa* L.) at six locations in the years 2002, 2003 and 2004 kindly provided by the Portuguese Plant Breeding Board, were used:

- to study and evaluate genotype stability in three consecutive years, year by year;
- to compare the results over years and to draw conclusions on genotype selection.

We used the JRA year by year and over years. The Zig-Zag Algorithm was used to estimate the regression coefficients. Multiple comparison tests of Scheffé, Tuckey and Bonferroni were also done.

2. REGRESSION ADJUSTMENT AND UPPER CONTOUR

In the JRA, the environmental index is a synthetic variable used to measure the productive capacity of each block by year combination.

Since in our problem every genotype is present in each block, this is the complete case. For this case the corresponding environmental indexes are estimated through their average yields, as it can be seen in Gusmão (1985 a, b). The next step is to adjust linear regressions, one per genotype, of yields on environmental indexes.

Considering J genotypes occurring in each of the b blocks, where b is the number of locations multiplied by the number of replications, $y_{i,j}$ as the yield for the j^{th} genotype on the i^{th} block, $j=1, \dots, J$; $i=1, \dots, b$, then to adjust the regression coefficients we minimize the objective function

$$S(\boldsymbol{\alpha}^J, \boldsymbol{\beta}^J, \mathbf{x}^b) = \sum_{j=1}^J \sum_{i=1}^b p_{i,j} (y_{i,j} - \alpha_j - \beta_j x_i)^2$$

The pairs (α_j, β_j) , $j=1, \dots, J$, represent the regression coefficients for the J genotypes, $\mathbf{x}^b = (x_1, \dots, x_b)$ is the vector of environmental indexes, $\boldsymbol{\alpha}^J = (\alpha_1, \dots, \alpha_J)$ and $\boldsymbol{\beta}^J = (\beta_1, \dots, \beta_J)$. In the general case $p_{i,j}$, $i=1, \dots, b$; $j=1, \dots, J$, represent the genotype weight in the block. We will assume $p_{i,j} = 1$ since we are in the complete case — all genotypes are present in all blocks. The minimization procedure is carried out using the Zig-Zag Algorithm, (see Pereira and Mexia, 2002).

After the adjustment procedure we need to carry on joint representation of regression lines and make the interpretation of upper contour.

The upper contour of the adjusted regression lines on genotypes selection and comparison was introduced by Mexia *et. al.* (1997), and it is shown to be a convex polygonal.

The upper contour is constituted by segments of the adjusted regression lines where each of them corresponds to a range of variation of the environmental indexes in which the corresponding genotype has maximum adjusted yield.

The genotypes whose regressions partake in the upper contour are the dominant ones. The other genotypes must be compared with the dominant ones to check if they are significantly dominated throughout the entire range of environmental indexes.

3. GENOTYPE STABILITY EVALUATION IN PLANT BREEDING: APPLICATION TO OATS BREEDING PROGRAM

Our research is based on the joint regression analysis and multiple comparison methods, on the study of oats yield data. These data were obtained in the experiments carried out in the years 2002, 2003 and 2004 by the Portuguese National Plant Breeding Board, who kindly allowed us to use them. During this period, 22 genotypes were compared at six different locations, as we explain in Table 1.

Table 2 presents the names of genotypes investigated.

Table 1

Experiments: locations and years Doświadczenia: miejscowości i lata		
Trial Doświadczenie	Location / experimental station Miejscowość/ stacja doświadczalna	Year Rok
1	Évora	2002, 2004
2	Herdade da Comenda	2003, 2004
3	E.N.M.P.	2002, 2003, 2004
4	Beja	2002, 2004
5	Benavila	2002
6	Portalegre	2003

Table 2

Experiments: genotypes names Doświadczenia: nazwy genotypów			
S. MATEUS	AE9402	87SA29	AVON*S.MATEUS
St. ALEIXO	AE9403	COBER79-19	COBER79-19*AVON
AE9301	AE9701	S.VICENTE*COBER	X2795/IJUIL1743
AE9302	AE9702	S.VICENTE*AE8303	TX88AB1494
AE9303	AE9703	QR772	
AE9401	Sta. EULÁLIA	QR720	

3.1. Year by year analysis

3.1.1 Regression adjustments

In Table 3 we present the adjusted coefficients and the corresponding R^2 for the years 2002, 2003 and 2004. The results were obtained using Zig-Zag algorithm, after 4 iterations.

Table 3

Adjusted coefficients and R^2 : years 2002, 2003 and 2004 Poprawione współczynniki regresji i R^2 : Lata: 2002, 2003 i 2004										
Genotype Genotyp	Year Rok	2002			2003			2004		
		$\tilde{\alpha}$	$\tilde{\beta}$	R^2	$\tilde{\alpha}$	$\tilde{\beta}$	R^2	$\tilde{\alpha}$	$\tilde{\beta}$	R^2
S.VICENTE*AE8303		-1141.5	1.411	0.985	421.65	0.620	0.356	-305.69	1.064	0.856
COBER79-19		-908.54	1.359	0.852	-115.41	1.202	0.694	-269.78	1.101	0.874
AE9403		-800.02	1.30	0.947	1020.59	0.347	0.321	69.26	1.036	0.949
AE9302		-646.85	1.292	0.952	162.79	0.802	0.633	-340.35	1.064	0.917
AE9301		-1040.67	1.277	0.953	114.02	0.731	0.755	-335.22	1.033	0.893
AE9401		-370.62	1.172	0.972	234.64	0.843	0.441	560.14	0.881	0.873
S.MATEUS		-408.15	1.144	0.904	-376.41	1.218	0.847	-719.53	0.980	0.867
TX88AB1494		-264.67	1.059	0.857	462.81	0.730	0.752	1069.64	0.734	0.785
AE9303		332.33	1.042	0.867	-322.89	1.685	0.961	729.17	0.926	0.899
S. VICENTE*COBER		173.75	1.01	0.784	55.86	0.793	0.387	555.73	0.923	0.832
AE9703		11.72	1.004	0.876	-229.74	0.771	0.432	-317.56	1.186	0.942
AE9402		-213.97	0.994	0.918	388.9	0.626	0.601	879.02	0.724	0.844
X2795/IJUIL1743		87.23	0.984	0.798	-362.43	1.383	0.760	-426.55	1.102	0.851
AVON*S.MATEUS		572.03	0.903	0.945	278.52	0.844	0.670	681.80	0.925	0.866
AE9702		-117.22	0.866	0.908	421.8	0.783	0.705	-142.46	1.079	0.915
AE9701		98.79	0.837	0.820	983.05	0.347	0.759	992.15	0.709	0.848
COBER79-19*AVON		207.55	0.834	0.938	115.31	0.530	0.761	299.46	0.820	0.850
Sta EULÁLIA		495.67	0.823	0.708	-3.34	1.125	0.490	-189.29	0.982	0.826
87SA29		2091.39	0.692	0.493	-869.55	1.952	0.801	-994.76	1.390	0.916
QR720		1305.55	0.602	0.525	-607.92	1.491	0.697	-41.33	0.985	0.899
ST. ALEIXO		998.58	0.598	0.723	-383.78	1.146	0.935	-505.99	1.114	0.759
QR772		1145.6	0.566	0.649	-639.43	1.514	0.823	-580.82	1.072	0.933

The ranges of environmental indexes were as follows:

For year 2002 — [2444.77 ; 5225.95];

For year 2003 — [701.45 ; 1945.91];

For year 2004 — [1823.73 ; 4915.15].

3.1.2 Upper contour analysis

According to Mexia *et al* (1997), the representation of all the adjusted regression lines defines a convex polygonal as the upper contour. The genotypes whose adjusted regressions partake of the upper contour are dominant, and each dominant genotype has a dominance range. Non dominant genotypes should be compared with the dominant ones to test if they are significantly dominated, or not. In Figures 1, 2 and 3 we present the graphics for the adjusted linear regressions to the years 2002, 2003 and 2004, respectively.

In 2002, considering the entire dominance range of environmental indexes [2444.77 ; 225.95]; we observe two dominant genotypes: 87SA29 dominant in [2447.77 ; 4496.37] and S.VICENTE*AE8303 dominant in [4496.37 ; 5225.95]. To see which genotypes are dominated by 87SA29 in the leftmost range and by S.VICENTE*AE8303 in the rightmost range, we made the following multiple comparisons:

— at point 2444.77 we had to compare 87SA29 with the genotypes with lesser adjusted slopes;

- at point 4496.37 we had to compare 87SA29 with the genotypes with larger adjusted slopes;
- at point 4496.37 we had to compare S.VICENTE*AE8303 with all the other genotypes.

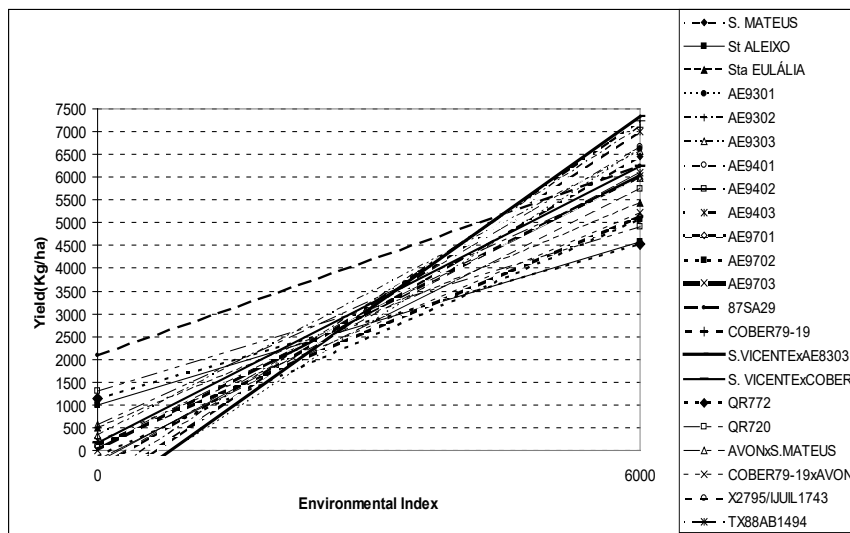


Fig. 1. Upper contour for oat genotypes in 2002
Rys. 1. Górny kontur dla genotypów owsa w 2002

In 2003, considering the entire dominance range of environmental indexes [701.45 ; 1945.91], we observe two dominant genotypes: AE9403 dominant in [701.45 ; 1004.1] and AE9303 dominant in [1004.1 ; 1945.91].

To see which genotypes are dominated by AE9403 in the leftmost range and by AE9303 in the rightmost range, the following multiple comparisons were made:

- at point 701.45 we had to compare AE9403 with the genotypes with lesser adjusted slopes;
- at point 1004.1 we had to compare AE9403 with the genotypes with larger adjusted slopes;
- at point 1004.1 we had to compare AE9303 with the genotypes with lesser adjusted slopes;
- at point 1945.91 we had to compare AE9303 with the genotypes with larger adjusted slopes;

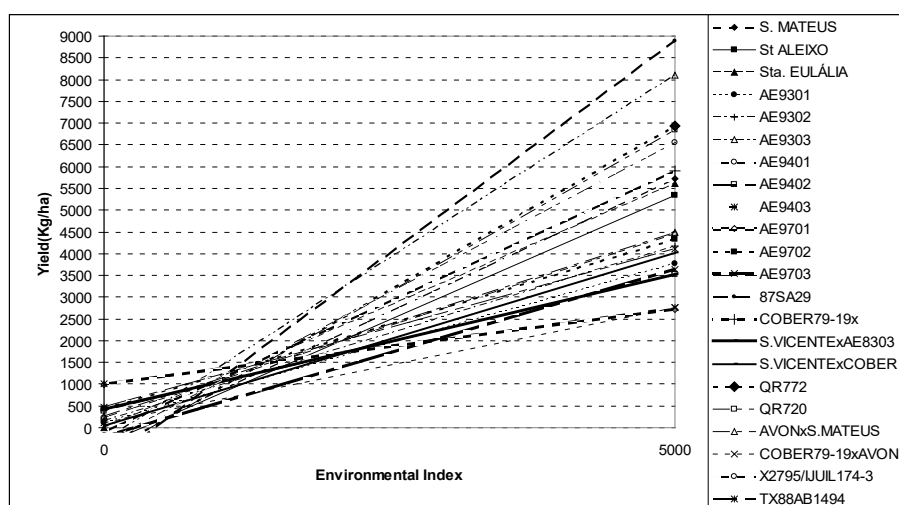


Fig. 2. Upper contour for oat genotypes in 2003
Rys. 2. Górny kontur dla genotypów owsa w 2003

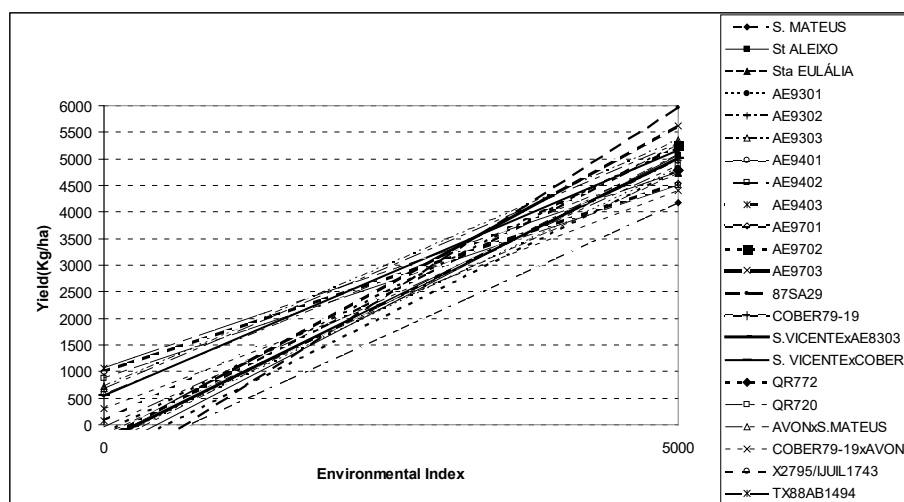


Fig. 3. Upper contour for oat genotypes in 2004
Rys. 3. Górny kontur dla genotypów owsa w 2004

In 2004, considering the entire dominance range of environmental indexes [1823.73 ; 4915.15], we observe two dominant genotypes: AE9303 dominant in [1823.73 ; 3715.37] and 87SA29 dominant in [3715.37 ; 4915.15].

To see which genotypes are dominated by AE9303 in the leftmost range and by 87SA29 in the rightmost range, we made out the following multiple comparisons:

— at point 1823.73 we had to compare AE9303 with the genotypes with lesser adjusted slopes;

- at point 3715.37 we had to compare AE9303 with the genotypes with larger adjusted slopes;
- at point 3715.37 we had to compare 87SA29 with the genotypes with lesser adjusted slopes;

3.1.3 Multiple comparison tests

Tables 4, 5 and 6 show the results on genotypes comparison in the years 2002, 2003 and 2004, respectively using Scheffé, Tukey and Bonferroni methods at the 5% level of significance.

Table 4

Significantly dominated genotypes in 2002 Istotnie dominujące genotypy w roku 2002			
Method Metoda	87SA29 $x_0=2444.77$	87SA29 $x_0=4496.37$	S.VICENTE*AE8303 $x_0=4496.37$
Scheffé	QR720, ST ALEIXO, QR772	AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON	AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON, QR720, ST ALEIXO, QR772
Bonferroni	QR720, ST ALEIXO, QR772	TX88AB1494, AE9402, AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON, STA EULÁLIA	AE9301, S. MATEUS, TX88AB1494, S.VICENTE*COBER, AE9703, AE9402, X2795/IJUIL1743, AVON*S.MATEUS, AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON, STA EULÁLIA, QR720, ST ALEIXO, QR772
Tukey	QR720, ST ALEIXO, QR772	AE9301, S. MATEUS, TX88AB1494, S. VICENTE*COBER, AE9703, AE9402, X2795/IJUIL1743, AVON*S.MATEUS, AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON, STA EULÁLIA	TX88AB1494, AE9402, AE9702, AE9701, COBER79-19*AVON, STA EULÁLIA, QR720, ST ALEIXO, QR772

Table 5

Significantly dominated genotypes in 2003 Istotnie dominujące genotypy w roku 2003				
Method Metoda	AE9403 $x_0=701.45$	AE9403 $x_0=1004.1$	AE9303 $x_0=1004.1$	AE9303 $x_0=1945.91$
Scheffé	---	---	---	---
Bonferroni	---	S. MATEUS, ST. ALEIXO, S.VICENTExCOBER, AE9703, AE9301, COBER79-19xAVON	QR772, QR720, S. MATEUS, ST. ALEIXO, S.VICENTExCOBER, AE9703, AE9301, COBER79-19xAVON, AE9701	---
Tukey	---	---	---	---

Table 6

Significantly dominated genotypes in 2004 Istotnie dominujące genotypy w roku 2004			
Method Metoda	AE9303 $x_0 = 1823.73$	AE9303 $x_0 = 3715.37$	87SA29 $x_0 = 3715.37$
Scheffé	---	---	---
Bonferroni	AE9702, AE9703, COBER79-19xAVON	---	QR772, QR720, COBER79-19, ST ALEIXO, STA EULÁLIA, AE9401, AE9302, S. VICENTE x COBER, AE9702, S.VICENTExAE8303, AE9403, AE9701
Tukey	---	---	AE9702

3.2 Over years analysis

3.2.1 Regression adjustments

Table 7 contains the adjusted coefficients and the corresponding R^2 . These results were obtained using the Zig-Zag algorithm, after 4 iterations. The genotypes are presented according to decreasing adjusted slopes order.

Table 7

Adjusted coefficients and R^2 Poprawione współczynniki regresji oraz R^2			
Genotype — Genotyp	$\tilde{\alpha}$	$\tilde{\beta}$	R^2
AE9703	-564.36	1.19	0.911
S.VICENTE*AE8303	-457.06	1.178	0.914
AE9302	-407.0	1.168	0.934
87SA29	140.16	1.164	0.775
COBER79-19	-213.72	1.146	0.871
AE9301	-469.20	1.103	0.937
AE9403	-72.43	1.09	0.929
S. VICENTE*COBER	-73.83	1.079	0.853
AE9401	39.98	1.046	0.913
S. MATEUS	-345.86	1.031	0.845
X2795/IJUIL1743	17.53	1.003	0.851
AVON*S.MATEUS	274.11	1.002	0.918
AE9303	611.61	0.978	0.899
COBER79-19*AVON	-191.61	0.938	0.911
TX88AB1494	345.51	0.913	0.860
St. ALEIXO	9.95	0.909	0.802
AE9402	182.15	0.898	0.894
Sta EULÁLIA	230.58	0.888	0.791
QR720	298.62	0.885	0.797
AE9702	227.41	0.862	0.85
QR772	214.82	0.839	0.819
AE9701	539.32	0.763	0.83

In our problem the range of environmental indexes was [701.45 ; 5225.95].

3.2.2 Upper contour analysis

Figure 4 shows a graphic for the adjusted linear regressions over the years 2002, 2003 and 2004.

Considering the entire dominance range of environmental indexes over years, [701.45 ; 5225.95], we find two dominant genotypes: AE9303 dominant in [701.45 ; 2534.68] and 87SA29 dominant in [2534.68 ; 5225.95].

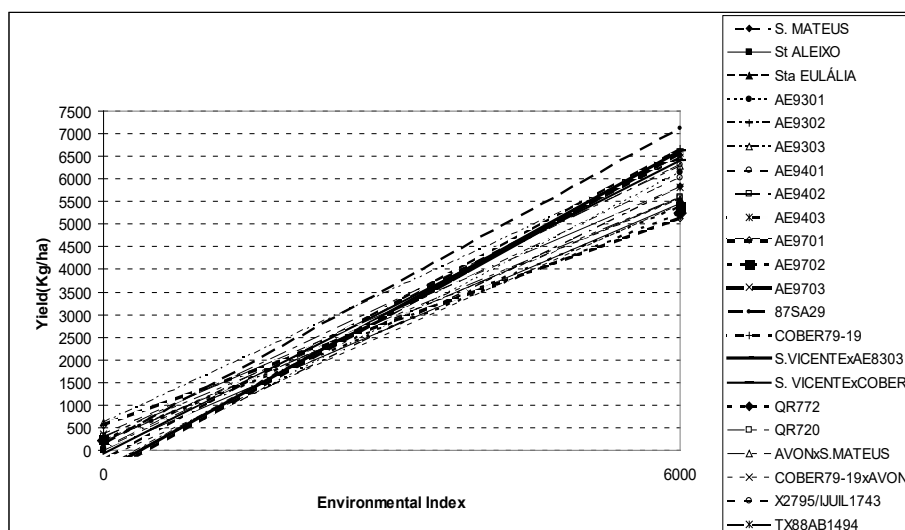


Fig. 4. Upper contour for oat genotypes
Rys. 4. Górny kontur dla genotypów owsa

Table 8

Significantly dominated genotypes Istotnie dominujące genotypy			
Method Metoda	AE9303 $x_0 = 701.45$	AE9303 $x_0 = 2534.68$	87SA29 $x_0 = 2534.68$
Scheffé	---	AE9301, S. MATEUS	AE9301, S. MATEUS, X2795/IJUIL1743, COBER79-19*AVON, TX88AB1494, St. ALEIXO, AE9402, Sta EULÁLIA, QR720, AE9702, QR772, AE9701
Bonferroni	COBER79-19*AVON, St. ALEIXO, AE9402, AE9702, QR772	AE9703, S.VICENTE*AE8303, AE9302, COBER79-19, AE9301, AE9403, S. VICENTE*COBER, AE9401, S. MATEUS, X2795/IJUIL1743, AVON*S.MATEUS, COBER79-19*AVON, TX88AB1494, St. ALEIXO, AE9402, Sta EULÁLIA, QR720, AE9702, QR772, AE9701	AE9703, S.VICENTE*AE8303, AE9302, COBER79-19, AE9301, AE9403, S. VICENTE*COBER, AE9401, S. MATEUS, X2795/IJUIL1743, AVON*S.MATEUS, AE9303, COBER79-19*AVON, TX88AB1494, St. ALEIXO, AE9402, Sta EULÁLIA, QR720, AE9702, QR772, AE9701
Tukey	---	AE9703, S.VICENTExAE8303, AE9302, AE9301, S.MATEUS, X2795/IJUIL1743	AE9301, S. MATEUS, X2795/IJUIL1743, COBER79-19*AVON, TX88AB1494, St. ALEIXO, AE9402, Sta EULÁLIA, QR720, AE9702, QR772, AE9701

To see which genotypes are dominated by AE9303 in the leftmost range and by 87SA29 in the rightmost range, we made the following multiple comparisons:

- at point 701.45 we had to compare AE9303 with the genotypes with lesser adjusted slopes;
- at point 2534.68 we had to compare AE9303 with the genotypes with larger adjusted slopes;
- at point 2534.68 we had to compare 87SA29 with the genotypes with lesser adjusted slopes;

3.2.3 Multiple comparison tests

Table 8 contains the results on genotype comparison using Scheffé, Tukey and Bonferroni methods, at the 5% level of significance.

3.3 Synthesis on multiple comparisons

A global analysis on multiple comparisons year by year and over years is presented in Table 9.

Table 9

Global analysis on the multiple comparisons
Synteza na podstawie testów wielokrotnych

Genotypes — Genotypy	Year by year					Over years 2002/2003/2004
	2002	2003	2004	NyD	Nyd	
AE9703	d	d	d	0	3	d
S.VICENTE*AE8303	R		d	1	1	d
AE9302			d	0	1	d
87SA29	L		R	2	0	R
COBER79-19			d	0	1	d
AE9301	d	d		0	2	d
AE9403		L	d	1	1	d
S. VICENTE*COBER	d	d	d	0	3	d
AE9401			d	0	1	d
S. MATEUS	d	d		0	2	d
X2795/IJUIL1743	d			0	1	d
AVON*S.MATEUS	d			0	1	d
AE9303		R	L	2	0	L
COBER79-19*AVON	d	d	d	0	3	d
TX88AB1494	d			0	1	d
St. ALEIXO	d	d	d	0	3	d
AE9402	d			0	1	d
Sta EULÁLIA	d		d	0	2	d
QR720	d		d	0	3	d
AE9702	d		d	0	2	d
QR772	d	d	d	0	3	d
AE9701	d	d	d	0	3	d
Number of dominant genotypes at the 5% level of significance	2	2	2			2
Number of dominated genotypes at the 5% level of significance	15	8	14			20

NyD — number of years in which the genotype was dominant

Nyd — number of years in which the genotype was dominated

d — significantly dominated genotype, at 5% level of significance

R — dominant genotype at the rightmost range

L — dominant genotype at the leftmost range

The data show that considering both kinds of analysis, year by year and over years, we always have two dominant genotypes at the 5% level of significance. In 2002 we have 15 dominated genotypes, in 2003 — 8 dominated genotypes, and in 2004 — 14 dominated

genotypes, while the over years analysis resulted in 20 dominated genotypes, at the 5% level of significance.

4. CONCLUSION

According to the JRA year by year, in the year 2002 the genotypes S.VICENTE*AE8303 and 87SA29 could be recommended as the preferable ones in program evaluation; in 2003 the best genotypes were AE9403 and AE9303; in 2004 we should select 87SA29 and AE9303. In the over years analysis we can see that 87SA29 and AE9303 are the recommendable genotypes.

It can be concluded that it is not a good way to select genotypes based on the year by year analysis alone. It is seen that, for example in 2002, the genotype 87SA29 was dominant at the leftmost range, whereas in 2003 it was neither dominant nor dominated, not too relevant. However, in 2004, this genotype could be again dominant, and according to the over years on analysis it is one of the best two genotypes.

Genotype AE9303 was neither dominant nor dominated in 2002, and it was dominant in 2003 and 2004 and can be recommended in the over years analysis.

It is also to be pointed out that the over years analysis is likely to be very discriminate in what concerns significantly dominated genotypes, but very important in selection of dominant genotypes. The results of the over year analysis show that only two types of genotypes have been identified: dominant genotypes and dominated genotypes.

In a plant breeding program we should take into account the results of both analyses to draw proper conclusions. The year by year analysis is important, but when taken alone, it may cause the risk of discarding good genotypes. Comparatively, over years analysis is very important in selecting the most promising genotypes, but in the case of our studies it was not flexible enough to distinguish intermediate oat genotypes.

REFERENCES

- Aastveit A. H., Mejza S. 1992. A selected bibliography on statistical methods for the analysis of genotype $\times$ environment interaction. *Biul. Oc. Odm.* 24-25: 83 — 97.
- Gusmão L. 1985 a. An adequate design for regression analysis of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 71: 314 — 319.
- Gusmão L. 1985 b. Inadequacy of blocking in cultivar yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 72: 98 — 104.
- Mexia J. T., Amaro A. P., Baeta J. 1997. Upper contour of a Joint Regression Analysis, *J. Genet. Breed.* 51: 253 — 255.
- Mexia J. T., Pereira D. G., Baeta J. 2001. Weighted linear Joint Regression Analysis. *Biometrical Letters* 38: 33 — 40.
- Pereira D., Mexia J. T. 2002. Multiple comparison in Joint Regression Analysis with a special reference to variety selection. *Scientific papers of the Agricultural University of Poznan, Agriculture Vol. 3:* 67 — 74.
- Scheffé, H. 1959. *The analysis of variance.* John Wiley & Sons, New York.
- Seber G. A. F. 1977. *Linear Regression Analysis.* John Wiley & Sons, New York.

ARTUR TOPOLSKI

Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc Sp. z o.o.

Ocena wartości testerów w krzyżowaniach topcrossowych kukurydzy (*Zea mays* L.)

Estimation of value of testers in topcrossing maize (*Zea mays* L.)

Przedmiotem analiz było potomstwo 6 linii wsobnych kukurydzy (różnych dla każdego roku) krzyżowanych z ośmioma testerami (układ czynnikowy). Cztery testery charakteryzowały się ziarnem szklistym (flint) a cztery ziarnem zębokształtnym (dent). Doświadczenia założono, w kolejnych dwóch latach, metodą bloków niekompletnych w dwóch powtórzeniach. W okresie wegetacji roślin określono: odporność na krzewienie (w skali 9°), rośliny nie porażone przez głownię oraz rośliny stojące przed zbiorem (w stopniach Bliss). Po zbiorze oceniono: zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna z poletka. Przeprowadzono analizę wariancji GCA i SCA i oszacowano efekty dla obu zdolności kombinacyjnych korzystając z programu EKSPLAN. Zdolność kombinacyjną liczone osobno dla testerów flint i dent. W obu układach przeprowadzono obliczenia z 4, 3, i 2 testerami w grupie, eliminując kolejno najsłabsze testery. Biorąc pod uwagę koszty testowania i ilość informacji uzyskanych o testowanych liniach stwierdzono, że optymalny jest układ z 3 testerami. Stwierdzono przewagę addytywnego działania genów nad działaniem nieaddytywnym dla większości badanych cech. Najlepszymi liniami wśród użytych testerów flint okazały się linie K154 (udział tylko w dośw. z 2003 r.) i K296 (udział tylko w dośw. z 2004 r.) ze względu na wysoką dodatnią wartość efektu GCA dla plonu ziarna oraz K376 z powodu wysokich wartości GCA dla zawartości suchej masy w ziarnie. W grupie testerów dent w roku 2003 najlepsza była linia K182 z dodatnim efektem GCA dla plonu ziarna, a w 2004 linia S335 z dodatnim efektem dla suchej masy w ziarnie.

Słowa kluczowe: kukurydza, linie wsobne, testery, wartość informacyjna, zdolność kombinacyjna

The analysis concerned the offspring of 6 inbred lines of maize (different for each year) crossed with 8 testers using factorial design (North Carolina Design II). Four flint type and four dent type testers were applied. The experiments were carried in two successive years using incomplete block design with two replications. During the plants vegetation data were recorded for: resistance to tillering (in 9° scale), plants uninfected by smut and erect plants before harvest (both values in Bliss degrees). After harvest dry matter content of grain and grain yield from plot were assessed. Analyses of general and specific combining ability were done and their effects were estimated. The combining ability was assessed separately for flint type and dent type testers, with 4, 3 and 2 testers in a group, eliminating successively the weakest testers. Analysis of the cost of testing and the amount of information obtained on the tested lines showed that the design with 3 testers is likely to be optimal. The advantage of additive gene action over non-additive one was found for the majority of traits studied. K154, K296 and K376 lines from flint type testers, and K182 and S335 lines from dent type testers appeared to be most valuable.

Key words: combining ability, inbred lines, information value, maize, testers

WSTĘP

Obecna hodowla kukurydzy opiera się na wykorzystaniu zjawiska heterozji u odmian mieszańcowych, polegającym na większej bujności wzrostu i żywotności u pierwszego pokolenia mieszańców międzyliniowych. Początek tej metodzie dali niezależnie od siebie w pierwszych latach dwudziestego wieku dwaj Amerykanie Shull i East (Ruebenbauer, 1964).

Nowoczesne rolnictwo i sektory produkcji z nim związane stawiają wysokie wymagania mieszańcom kukurydzy. Dla uzyskania wysokoplennych mieszańców o dobrej jakości niezbędne są odpowiednio dobrane linie wsobne. Dostęp do różnych genetycznie materiałów wyjściowych, ich grupowanie i trafna ocena linii pod względem przydatności do tworzenia najlepszych mieszańców pozwala uzyskać największy efekt heterozji w postaci wysokości i jakości plonu. Posiadanie dobrych linii wsobnych ma zasadnicze znaczenie nie tylko dla uzyskania dużego efektu heterozji w mieszańcach, ale też dla tworzenia nowych jeszcze lepszych linii kolejnych cykli chowu wsobnego i możliwości wyboru dobrych testerów do ich oceny hodowlanej (Kuriata i Topolski, 2006). Według szacunku Kiesselbacha, spośród około 100 tys. linii (zbadanych do 1951r.) tylko mniej więcej 60 było na tyle wartościowych by można je było wykorzystać w produkcji mieszańców handlowych (Allard, 1968).

Dla zdobycia informacji o wartościach linii w krzyżowaniach ocenia się ich zdolność kombinacyjną. Ocena ta dokonywana jest z zastosowaniem metod doświadczalnych i parametrów statystyczno genetycznych (Hoffman i in., 1979). Do parametrów tych zalicza się ogólną (GCA) i swoistą (SCA) wartość kombinacyjną.

Ogólna wartość kombinacyjna jest to średnia wartość cechy ilościowej mieszańców, uzyskanej przez krzyżowanie badanej formy w licznych kombinacjach, a więc jest to średnia wartość gamet jednego z rodziców - siła ich addytywnego oddziaływania.

Addytywne działanie genów ma charakter ustalony i stanowi o genetycznym uwarunkowaniu cechy. Im wyższa jest część addytywna wariancji, tym wyższa jest wariancja GCA.

W świetle powyższego linie o wysokiej ocenie GCA są liniami o najlepszej zdolności przekazywania najkorzystniejszych cech potomstwu.

Swoista wartość kombinacyjna wyraża różnicę pomiędzy przewidywaną ogólną wartością kombinacyjną, a rzeczywistą wartością określonej kombinacji krzyżówkowej.

Odnosi się więc do pojedynczych kombinacji krzyżówkowych, których wartość może być niższa lub wyższa od ogólnej wartości kombinacyjnej i jest częścią nieaddytywnych efektów działania genów (Ubysz-Borucka i in., 1985).

Składniki wariancji nieaddytywnej (SCA): dominacji i interakcji nieallelicznych (epistazy) są wysoce niestabilne. Znając wartość wariancji ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej można określić wartość ich wzajemnego stosunku, a to daje możliwość oceny sposobu działania genów warunkujących daną cechę (Lipińska, 1985). Ocena SCA ma znaczenie dla hodowli odmian mieszańcowych, ponieważ pozwala na znalezienie najlepszych kombinacji, w których jest łączona wysoka zdolność GCA i SCA.

Na wyższym poziomie wsobności dość powszechnie stosuje się najbardziej wydajny, jeżeli chodzi o ilość testowanych linii, układ krzyżowania czynnikowego (Węgrzyn, 1996). Układ czynnikowy linia $\times$ tester pozwala na obliczenie zarówno GCA jak i SCA. Konieczność dążenia do coraz to lepszych, zróżnicowanych genetycznie materiałów przy otwarciu na różne dostępne zasoby stwarza problemy przy ich właściwej ocenie i grupowaniu.

Materiały wyjściowe pochodzą często ze źródeł, o których nie mamy pełnej informacji (np. mieszańce i linie innych firm, populacje o pochodzeniu których mamy częściowe informacje). Właściwy dobór partnerów rodzicielskich ogranicza rozmiary programów krzyżowań, równocześnie zwiększając ich efektywność. Doświadczenia polowe są jednym z droższych etapów hodowli. Określenie optymalnej liczby testerów, a zatem liczby obiektów do badania w doświadczeniach, pozwala uzyskać dobrą odpowiedź na temat zdolności kombinacyjnej badanych linii przy niezbyt wysokich kosztach.

Jeszcze jednym aspektem badania zdolności kombinacyjnej jest pytanie czy stosować testery o wysokiej zdolności GCA, czy o mniejszej w obawie przed przykrywaniem przez te pierwsze efektu badanych linii (Kaczmarek i in., 1992). Obecnie wiadomo, że szczególnie w ostatnich etapach badania powinno się stosować testery o wysokiej zdolności GCA. Wymienię tu dwa powody:

- interesują nas takie linie, które są zdolne dawać wysoki efekt heterozji z najlepszymi partnerami,
- połączenie, przy doborze takich testerów, wysokiego efektu GCA i SCA daje możliwość znalezienia gotowych formuł mieszańców.

Celem badań była ocena wartości informacyjnej testerów w krzyżowaniach topcrossowych w doświadczeniach czynnikowych z 2, 3 i 4 testerami.

MATERIAŁY I METODY

Materiałem badawczym w kolejnych 2 latach było 48 mieszańców (różnych dla każdego roku), powstałych ze skrzyżowania w układzie czynnikowym linia $\times$ tester (North Carolina II Design) 12 linii matecznych S_6 (po 6 dla każdego roku) z 8 testerami. Wśród użytych testerów w każdym roku były 4 linie o ziarnie szklistym typu flint oraz 4 formy zębokształtne typu dent.

W 2003 roku w grupie testerów flint użyto linie: K188, K194, K376, K154 i w grupie testerów dent linie: K182, K324, S335, K192. Badane linie mateczne S_6 to: dwie formy semi-dent i cztery dent.

W roku 2004 w grupie testerów flint zamieniono linię K154 na linię K296, a w grupie testerów dent linię K192 na K231. Jako pozostałe testery użyto linie identyczne jak w 2003 roku. Badane linie mateczne S_6 to: po jednej formie flint i semi-dent oraz 4 formy dent.

Linie wykorzystane jako testery należały do najlepszych z hodowli w Smolicach i Kobierzycach. Linie mateczne pochodziły z: dwóch krzyżówek wstecznych (2 linie), dwóch mieszańców rodzicielskich (4 linie) i czterech mieszańców handlowych (6 linii).

Doświadczenia założono metodą bloków niekompletnych w 2 powtórzeniach na czarnej ziemi, kl. 1. Zmianowanie na polu doświadczalnym było następujące: kukurydza, pszenica

jara, bobik. Przed siewem nasiona zaprawiono mieszaniną zapraw Vitawax i Promet. W czasie wegetacji roślin przeprowadzono obserwacje liczby roślin porażonych przez głównię guzową (*Ustilago majdis*), odporność na krzewienie roślin (na kolejnych dziesięciu roślinach w skali 9 stopniowej, gdzie 9 = 0 lub 1 roślin krzewiących), liczba roślin wyległych przed zbiorem. Określono na podstawie tych obserwacji % roślin nie porażonych przez głównię oraz % roślin stojących przed zbiorem. Do obliczeń statystycznych obie te wartości przekształcono na stopnie Blissa. Po zbiorze ziarna oznaczono procentową zawartość suchej masy metodą podsuszkową i obliczono plon ziarna przy wilgotności 15%.

Na uzyskanych wynikach przeprowadzono analizę wariancji dla ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej (GCA i SCA) metodą klasyfikacji krzyżowej dla linii oraz testerów, a następnie wykorzystując średnie oszacowano ogólne i swoiste efekty. Do sprawdzenia hipotez zerowych mówiących o zerowych efektach GCA linii i testerów oraz zerowych efektach SCA badanych mieszańców stosowano statystykę F. Testowane linie zestawiono w dwóch grupach: z testerami flint i testerami dent. Kolejne układy testowania były prowadzone z 4, 3 i 2 testerami a eliminowane były kolejno najslabsze testery w każdej grupie. Dla porównania wyniki zestawiono w tabelach.

Na podstawie porównania średnich kwadratów dla GCA i SCA określono sposoby działania genów dla badanych cech.

WYNIKI

Średnie kwadraty z analiz wariancji dla zdolności kombinacyjnych układów z 4, 3 i 2 testerami flint i dent w poszczególnych latach przedstawiono w tabelach 1–4.

Tabela 1

Analiza wariancji zdolności kombinacyjnych dla badanych cech w układzie z testerami flint 2003 roku Variation analysis of combining abilities for all features in configuration with flint type testers in 2003

Źródło zmienności Variability	Liczba testerów w układzie Number of testers in configuration	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square				
			plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia - rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
GCA linii GCA of lines	4 3 2	5 5 5	5,86** 5,69** 4,75**	14,89** 12,08** 4,48**	1,22** 1,36 1,61	188,15* 135,65 145,41	35,02 38,46 11,29
GCA testerów GCA of testers	4 3 2	3 2 1	9,40** 8,87** 9,19**	30,82** 41,58** 13,29**	0,42 0,47 0,75	114,42 173,21 14,13	56,64 100,12 138,86
SCA mieszańców SCA of hybrids	4 3 2	15 10 5	0,53 0,33 0,27	2,30* 2,63* 0,97	2,14** 1,84* 0,46	45,85 48,,56 134,21	69,35 76,66 14,63
Błąd Error	4 3 2	20 14 8	0,46 0,25 0,23	0,58 0,64 0,61	0,23 0,33 0,35	49,04 70,23 68,72	43,82 31,23 32,25

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

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

Tabela 2

Analiza wariancji zdolności kombinacyjnych dla badanych cech w układzie z testerami dent 2003 roku
Variation analysis of combining abilities for all features in configuration with dent type testers in 2003

Źródło zmienności Variability	Liczba testerów w układzie Number of testers in configuration	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square				
			plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia - rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
GCA linii	4	5	7,35**	6,67**	2,22	93,08	66,67
GCA of lines	3	5	4,19**	3,56	2,73*	106,57	26,23
	2	5	1,58*	1,91	2,40	58,17	8,60
GCA testerów	4	3	2,46*	20,86**	2,28	195,37	232,00**
GCA of testers	3	2	2,51*	1,01	2,21	126,51	349,45**
	2	1	0,29	0,90	1,79	103,47	370,49**
SCA mieszańców	4	15	0,87	0,88	1,59	44,14	21,57
SCA of hybrids	3	10	0,60	0,99	1,65	31,56	24,81
	2	5	0,22	0,83	1,33	16,61	39,92
Błąd	4	20	0,44	0,89	0,99	76,42	34,59
Error	3	14	0,47	1,18	0,57	61,85	22,10
	2	8	0,45	1,09	0,83	67,55	21,675

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Analiza wariancji zdolności kombinacyjnych dla badanych cech w układzie z testerami flint 2004 roku
Variation analysis of combining abilities for all features in configuration with flint type testers in 2004

Źródło zmienności Variability	Liczba testerów w układzie Number of testers in configuration	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square				
			plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia - rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
GCA linii	4	5	4,33**	12,81**	35,86**	78,00	62,20
GCA of lines	3	5	3,63**	16,22**	40,02**	122,92*	153,80*
	2	5	3,22**	13,39**	28,83**	187,37*	39,96
GCA testerów	4	3	5,20**	42,96**	22,77**	328,26**	26,69
GCA of testers	3	2	4,78**	31,88**	14,00**	486,83**	5,12
	2	1	4,31**	41,30**	13,05*	8,82	1,03
SCA mieszańców	4	15	0,83	3,73**	4,15*	108,22*	56,91
SCA of hybrids	3	10	0,63	2,72**	2,31	160,56**	35,86
	2	5	0,22	1,17*	2,71	180,47*	30,34
Błąd	4	20	0,27	0,28	1,51	46,60	44,04
Error	3	14	0,31	0,23	1,76	27,23	43,92
	2	8	0,32	0,20	1,51	39,85	25,68

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

W roku 2003 zmniejszenie liczby testerów powodowało, że dla odporności na krzewienie, główni — rośliny zdrowe i wylegania przed zbiorem, zmienność średnich kwadratów dla GCA była nieistotna (tab. 1 i 2). Zasadniczy wpływ na to miał przebieg pogody. Występujące na początku czerwca i sierpnia okresy braku opadów połączone z wysokimi temperaturami powodowały wolniejszy przebieg wegetacji, co skutkowało mniejszym

krzewieniem roślin i wolniejszym rozwojem główki, a warunki wilgotnościowe gleby nie sprzyjały występowaniu wylegania korzeniowego.

W doświadczeniach przeprowadzonych w 2004 roku analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie dla większości cech we wszystkich układach. Najmniej cech wykazuje jednak istotność w układzie z 2 testerami (tab. 3 i 4).

Tabela 4

Analiza wariancji zdolności kombinacyjnych dla badanych cech w układzie z testerami dent 2004 roku
Variation analysis of combining abilities for all features in configuration with dent type testers in 2004

Źródło zmienności Variability	Liczba testerów w układzie Number of testers in configuration	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square				
			plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia - rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
GCA linii GCA of lines	4 3	5 5	9,93** 7,72**	25,99** 12,26**	13,79** 15,12**	152,54** 180,25**	479,42** 361,06**
	2	5	6,33**	9,08**	7,78	84,58*	392,49**
GCA testerów GCA of testers	4 3	3 2	0,72 1,02	22,11** 11,73**	18,59** 18,30*	78,81* 70,43*	342,97** 465,94**
	2	1	0,46	3,92	6,36	121,55*	8,24
SCA mieszaneńców SCA of hybrids	4 3 2	15 10 5	0,80 1,08 0,53	3,10** 1,58 1,77	3,94 3,52 4,74	59,32** 51,00* 22,40	80,77 77,91 74,67
Błąd Error	4 3	20 14	0,55 0,55	0,83 0,83	2,49 3,09	12,81 14,88	43,44 41,92
	2	8	0,52	0,90	2,19	17,53	26,56

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

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

Poza wpływem warunków meteorologicznych, ogólnie można stwierdzić (dla obu lat), że najmniejsza ilość istotnych efektów dla cech występuje dla układów z 2 testerami, a eliminacja testerów nie zawsze wpływała na zmniejszenie ilości istotnych efektów.

Wśród testerów flint wyróżnić należy linię K376 za dodatni efekt GCA dla zawartości suchej masy (s.m.) w ziarnie, a linię K154 (biorącą udział w testowaniu tylko w 2003 r.) i linię K296 (która miała udział w testowaniu w 2004 r.) za dodatni efekt GCA dla plonu ziarna (tab. 5).

Wśród testerów dent największymi pozytywnymi efektami GCA wyróżniały się: linia K182 dla plonu ziarna i linia S335 dla zawartości s.m. w ziarnie (tab. 6).

Zestawienie porównań tych testerów, które powtarzały się w latach 2003-04 wykazuje, że mimo innego zestawu testowanych linii i interakcji genotypy $\times$ lata ich ogólna ocena jest podobna. Wagi efektów genotypowych poszczególnych testerów są trochę zmienione ale ogólne kierunki działania tych efektów w układach są zbliżone (tab. 5 i 6).

Na przykładzie wyróżnionych linii widać jak trudno jest połączyć wszystkie korzystne wartości GCA w jedną całość. U większości z tych linii, poza K154, stwierdzono inne niekorzystne efekty GCA, a u linii K182, zarówno korzystny efekt dla główki jak i niekorzystny dla krzewienia (w 2004 r.). Można jednak polecić te linie jako testery,

ponieważ dla zasadniczych cech wnoszą do testowania wysoce istotną pozytywną ogólną wartość kombinacyjną.

Tabela 5

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej testerów flint
Effects of general combining ability of the flint testers

2003					
tester	plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia -rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
K154	1,26**	0,11	-0,26	1,22	-3,39
K188	-0,82**	0,06	-0,05	-0,75	1,04
K194	0,04	-2,17**	0,17	3,64	1,09
K376	-0,48*	1,99**	0,14	-4,11	1,26
2004					
K296	0,94**	-0,37*	-1,80**	-3,19	-0,32
K188	-0,44**	-0,51**	-0,22	7,12**	-1,91
K194	-0,57**	-1,93**	1,68**	1,54	1,89
K376	0,07	2,82**	0,33	-5,47**	0,34

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

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

Tabela 6

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej testerów dent
Effects of general combining ability of the dent testers

2003					
tester	plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	głównia -rośliny zdrowe smuted - healthy plants	rośliny stojące erected plants
S335	-0,04	0,51	0,18	-4,25	3,13
K182	0,48*	0,34	-0,69	4,28	-5,69**
K192	-0,65**	1,16**	0,32	4,73	4,46*
K324	0,22	-2,02**	0,19	-4,75	-1,90
2004					
S335	0,11	1,71**	-0,07	-3,54**	-6,95**
K182	0,22	0,38	-2,01**	3,58**	-0,90
K231	-0,40	-0,57*	1,10*	-1,31	6,86**
K324	0,07	-1,52**	0,98*	1,28	0,99

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

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

Biorąc pod uwagę koszty testowania i ilość informacji uzyskanych o testowanych liniach najbardziej optymalny wydaje się być układ z 3-ma testerami (tab. 7–10). Wyniki te są zbieżne z wnioskami uzyskanymi przez Kaczmarka i wsp. (1992) dla analizy wartości informacyjnej testerów w doświadczeniach topcrossowych z żytem.

W badaniach wykazano też celowość stosowania w testowaniu podziału na grupę testerów flint i dent. Niektóre linie miały korzystny efekt tylko z jedną grupą testerów np. 1450-9 w 2003r. (tab. 7 i 9) i 1560-17 w 2004 r. (tab. 8 i 10).

Tabela 7

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla testowanych linii z testerami flint 2003 roku
Effects of general combining ability of the tested lines with flint testers in 2003

Linia Line	Liczba testerów Number of testers	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Głównia - rośliny zdrowe Smuted - healthy plants	Rośliny stojące Erected plants
1291-2	4	-1,94**	3,02**	0,41	2,21	-4,74
	3	-2,40**	3,80**	0,21	4,87	-8,53
	2	-3,20**	4,00**	1,75	0,53	-5,90
1360-5-2	4	-2,21**	3,14**	0,18	11,52**	-2,86
	3	-2,17**	2,49**	0,36	12,62	0,30
	2	-1,46*	0,44	-0,75	15,91	2,11
1450-9	4	1,22**	-2,19**	-0,88**	-9,80*	1,65
	3	1,31*	-2,06*	-0,87	-11,80	0,28
	2	0,93*	-1,87*	-0,75	-17,65	-1,58
1470-8	4	1,00*	-0,66	-0,86**	3,39	-1,80
	3	1,10*	-0,67	-1,10	0,38	-0,84
	2	1,30*	0,74	-0,25	18,05	-1,68
1470-12	4	0,98*	-1,43**	0,48	-1,97	3,72
	3	0,96*	-1,31*	0,18	0,17	4,49
	2	0,83*	-1,88**	-1,25	1,19	4,95
1470-15	4	0,95*	-1,89**	0,67*	-5,35	4,04
	3	1,20**	-2,25**	1,23	-6,24	4,30
	2	1,60**	-1,43*	1,25	-12,03	2,10

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 8

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla testowanych linii z testerami flint 2004 roku
Effects of general combining ability of the tested lines with flint testers in 2004

Linia Line	Liczba testerów Number of testers	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Głównia - rośliny zdrowe Smuted - healthy plants	Rośliny stojące Erected plants
1390-19	4	-1,02**	1,92**	-1,67**	0,24	0,91
	3	-1,16**	2,13**	-2,73**	-0,47	2,52
	2	-1,21**	2,34**	-3,25**	4,73	0,67
1417-3	4	-0,25	1,03**	2,07**	4,21	-5,68
	3	0,08	1,93**	2,59**	6,68**	-9,75**
	2	-0,48	1,26**	2,82**	8,97*	-6,09
1560-5	4	0,48*	-0,62**	-3,68**	-4,73	0,85
	3	0,60*	-0,76**	-4,23**	-7,53**	-0,52
	2	0,96*	-0,47	-3,96**	-9,27*	-2,24
1560-10	4	-0,72**	0,48*	2,07**	1,61	4,07
	3	-0,71*	0,22	2,56**	3,16	7,26*
	2	-0,60	0,84*	2,48**	5,23	3,66
1560-17	4	0,92**	-1,14**	-0,21	-3,03	-1,34
	3	0,94**	-1,42**	-0,10	-2,84	-1,96
	2	1,15**	-0,89**	0,25	-5,96	0,13
1565-24	4	0,59**	-1,66**	1,42**	1,70	1,20
	3	0,26	-2,10**	1,90**	1,01	2,45
	2	0,18	-3,08**	1,66*	-3,70	3,88

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 9

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla testowanych linii z testerami dent 2003 roku
Effects of general combining ability of the tested lines with dent testers in 2003

Linia Line	Liczba testerów Number of testers	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Głównia - rośliny zdrowe Smuted - healthy plants	Rośliny stojące Erected plants
1291-2	4	-2,26**	2,21**	1,02	4,83	-6,06
	3	-2,65**	2,89	1,20	5,36	-6,53
	2	-1,72*	2,24	-0,42	1,34	5,41
1360-5-2	4	-2,05**	1,89**	0,82	2,88	-2,47
	3	-1,80*	2,45	2,23**	7,11	-3,08
	2	-1,93*	3,76	2,58	6,59	-3,64
1450-9	4	1,07**	-0,39	0,09	-6,99	0,02
	3	1,65*	-0,48	0,80	-7,06	-2,94
	2	2,51*	-1,39	1,08	-3,57	-2,06
1470-8	4	1,46**	-0,61	-0,14	3,51	9,03
	3	1,57*	-1,22	-0,45	-0,69	6,08
	2	1,78*	-2,60	0,58	-2,27	1,49
1470-12	4	0,42	-1,29*	-1,80	-2,62	3,71
	3	-0,04	-1,91	-2,63**	-6,46	4,33
	2	-0,86	-0,88	-2,42	-7,34	2,59
1470-15	4	1,36**	-1,82**	0,00	0,39	-4,23
	3	1,27*	-1,73	-1,15	4,73	2,13
	2	0,22	-1,12	-1,42	4,26	-3,79

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 10

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla testowanych linii z testerami dent 2004 roku
Effects of general combining ability of the tested lines with dent testers in 2004

Linia Line	Liczba testerów Number of testers	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Głównia - rośliny zdrowe Smuted - healthy plants	Rośliny stojące Erected plants
1390-19	4	-1,57**	1,91**	-1,27*	-1,49	-4,45
	3	-1,71**	1,23**	-2,30**	-5,27**	-5,77*
	2	-2,28**	2,10**	-1,03	-5,05	-5,43
1417-3	4	-0,17	1,76**	1,58*	9,34**	-17,06**
	3	-0,01	1,10*	1,51	10,57**	-15,91**
	2	-0,43	1,01	1,92*	10,29**	-16,94**
1560-5	4	0,40	0,06	-2,18**	-2,81*	4,82
	3	0,29	0,05	-1,91*	-2,47	3,78
	2	0,65	-0,04	-2,88*	-0,74	1,32
1560-10	4	-1,15**	0,32	0,75	-0,04	10,91**
	3	-1,11**	0,33	1,13	0,28	13,03**
	2	-0,96*	-0,02	0,13	-2,14	14,31**
1560-17	4	1,17**	-0,83*	-0,18	-1,06*	7,78**
	3	1,21**	0,09	0,22	0,24	10,12**
	2	1,89**	-0,48	-0,02	-2,72	13,57**
1565-24	4	1,32**	-3,21**	1,30*	-3,94**	-2,00
	3	1,34**	-2,79**	1,34	-3,34	-5,24
	2	1,13*	-2,57**	1,88	0,36	-6,83*

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Postęp w hodowli mieszańców kukurydzy jest ściśle związany z intensyfikacją hodowli linii wsobnych o dużych korzystnych efektach GCA i różnorodnością posiadanego materiału (Allard, 1968; Królikowski i Adamczyk, 2000). Różnorodność ta daje możliwość sumowania w mieszańcach efektów gamet rodziców (linii wsobnych) w różnych *loci*.

Ilorazy średnich kwadratów GCA i SCA były większe od 1 (poza jednym przypadkiem — tab. 1: odp. na krzewienie). Świadczy to o zdecydowanie addytywnym sposobie działania genów, co pozwala na skuteczną selekcję linii. Podobne wyniki uzyskano w innych badaniach (Kadłubiec i in., 2000; Kuriata i Topolski, 2006).

WNIOSKI

1. Najlepszymi wśród użytych testerów flint okazały się linie: K154 i K296 ze względu na wysoką dodatnią wartość efektu GCA dla plonu ziarna oraz linia K376 ze względu na wysoką wartość GCA dla zawartości suchej masy w ziarnie. W grupie testerów dent należy wyróżnić linię K182, wykazującą wysoką dodatnią wartość efektu GCA dla plonu ziarna i dodatni efekt GCA dla roślin nieporażonych przez głownię w 2004 roku oraz linię S335 za wysoką dodatnią wartość efektu GCA dla zawartości suchej masy w ziarnie.
2. Najbardziej optymalnym dla testowania efektów ogólnej wartości kombinacyjnej okazał się układ krzyżowania z trzema testerami. Dał on dostateczną ilość informacji wartościach o badanych genotypach i jest optymalny ze względu na koszty prowadzenia doświadczeń. Eliminacja testerów do tej liczby nie pogarszała możliwości różnicowania linii ze względu na efekty GCA dla badanych cech.
3. Niektóre z badanych linii wykazują lepsze efekty GCA z jedną grupą testerów, co potwierdza słuszność testowania z podziałem testerów na grupy flint i dent.
4. Na podstawie porównania średnich kwadratów dla ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej wykazano przewagę addytywnego działania genów dla większości badanych cech, co świadczy o możliwości poprawy tych cech w następnych cyklach hodowli linii wsobnych.

LITERATURA

- Allard R. W. 1968. Podstawy hodowli. PWRiL, Warszawa.
- Hoffman W., Mudra A., Plarre W. 1979. Szczegółowa hodowla roślin. PWRiL, Warszawa.
- Kaczmarek J., Kadłubiec W., Grochowski L. 1992. Analiza wartości informacyjnej testerów w doświadczeniach topcrossowych żyta. Biul. IHAR 181/182: 3 — 12.
- Kadłubiec W., Karwowska C., Kurczyk Z., Kuriata R., Walczowska-Kurczyk S. 2000. Zdolność kombinacyjna linii wsobnych kukurydzy. Biul. IHAR 216/2: 371 — 378.
- Królikowski Z., Adamczyk J. 2000. Badanie zróżnicowania genetycznego linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.) i ich efektów heterozji. Biul. IHAR 215: 255 — 263.
- Kuriata R., Topolski A. 2006. Wartość hodowlana linii wsobnych kukurydzy z hodowli w Kobierzycach. Biul. IHAR 240/241: 167 — 173.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. Biul. IHAR 156: 91 — 101.
- Ruebenbauer T. 1964. Kukurydza. PWRiL, Warszawa.

- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński W. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wydawnictwo SGGW-AR, Warszawa.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowanie komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. Biul. IHAR 200: 7 — 13.

ALINA LIERSCH¹WIESŁAWA POPLAWSKA¹MARIA OGRODOWCZYK¹IWONA BARTKOWIAK-BRODA¹JAN BOCIANOWSKI²¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Charakterystyka fenotypowa samosiewów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) występujących w północnych regionach Polski*

Phenotypic characteristics of winter oilseed rape volunteers (*Brassica napus* L.) occurring in northern regions of Poland

W ostatnich latach obserwuje się na plantacjach rzepaku ozimego występowanie roślin o budowie morfologicznej odbiegającej od budowy morfologicznej typowej dla roślin rzepaku. Jednocześnie w różnych rejonach Polski pojawiają się problemy z utrzymaniem jakości surowca olejarskiego dla przemysłu tłuszczowego. Z tego względu podjęto badania mające na celu wyjaśnienie czy przyczyną tego są samosiewy. Badania obejmowały 122 samosiewy pobrane z plantacji rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego w sezonie 2005/2006 w trzech województwach: zachodniopomorskim, pomorskim, warmińsko-mazurskim. Samosiewy podzielono na dwie grupy roślin: o morfotypie rzepaku i morfotypie rzepiku. Jako wzorce do badań wybrano odmiany uprawiane na plantacjach, z których pochodziły samosiewy: Californium, Castille, Lisek i Rasmus oraz odmiany rzepiku ozimego Ludowy i Brachina. Na podstawie pomiaru ploidalności roślin metodą cytometrii przepływowej (FCM) określono względną zawartość jądrowego DNA, która dla roślin rzepikopodobnych wyniosła średnio 50,8, a dla roślin rzepakopodobnych 117,7. Rośliny rzepikopodobne charakteryzowały się wysoką zawartością kwasu erukowego (średnio 39,6%) i sumy glukozyzolanów (średnio 97,5 $\mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion). W grupie roślin o morfotypie rzepaku obok genotypów podwójnie ulepszonych, stwierdzono samosiewy o podwyższonej zawartości kwasu erukowego (powyżej 40%) i sumy glukozyzolanów (powyżej 100,0 $\mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion). Wyniki te wskazują na długotrwałe przeżywanie w glebie, we wtórnym stanie spoczynkowym, nasion tradycyjnych i niskoerukowych odmian rzepaku, które są źródłem samosiewów zanieczyszczających plantacje produkcyjne.

Słowa kluczowe: cechy morfologiczne, glukozyzolany, kwas erukowy, ploidalność, rzepak (*Brassica napus* L.), samosiewy

* Badania wykonano w ramach projektu badawczego w 6. Programie Ramowym UE „Sustainable introduction of GMOs into European agriculture” Nr kontraktu SSPE-CT-2004-501986 oraz umowy nr 1/POZ z Zakładami Tłuszczowymi „Kruszwica” S.A. — „Badanie prób nasion rzepaku oraz nasion z roślin rzepakopodobnych”

The occurrence of plants with abnormal morphology has been observed on oilseed rape (*B. napus*) plantations in the last few years. Simultaneously, the problems with maintaining the quality of raw material for oil industry appear in various regions of Poland. Therefore, the investigations aiming at explanation of this phenomenon have been undertaken. The investigations included 122 volunteers collected from winter oilseed rape fields in the growing season 2005/2006. The plantations were selected in three voivodeships: Western Pomerania, Pomerania and Warmia-Mazuria. The volunteers were divided into two groups: plants with morphotype of oilseed rape and plants with morphotype of turnip rape. The following cultivars of double low winter oilseed rape cultivated in the field of origin of volunteers were chosen as standard: Californium, Castille, Lisek, Rasmus as well as winter turnip rape (*B. campestris*) Ludowy and Brachina. On the basis of measurement of ploidy level, which was carried out using flow cytometry, average relative DNA content 117.7 was stated for oilseed rape-like plants and for turnip rape-like plants it had an average value 50.8. Plants with turnip rape morphotype were characterized by high erucic acid (mean 39.6%) and high total glucosinolates content (mean 97.5 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ of seeds). Oilseed rape-like volunteers were double low genotypes or older oilseed rape genotypes with high erucic acid content (above 40%) and total glucosinolates content (above 100.0 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ of seeds). These results indicate that the seeds of traditional or low erucic varieties persist for a long time (almost 20 years) in the soil seed bank at the stage of secondary dormancy and these are the source of volunteers polluting plantations of oilseed rape.

Key words: erucic acid, glucosinolates, morphological traits, oilseed rape (*Brassica napus* L.), ploidy, volunteers

WSTĘP

Samosiewy rzepaku występują we wszystkich strefach klimatycznych gdzie uprawia się rzepak. Powstają one w wyniku osypywania się nasion przed zbiorem, ze względu na łatwo pękające łuszczyzny oraz głównie podczas zbioru, kiedy w korzystnych warunkach pogodowych osypuje się od kilku do około 15% plonu nasion (Tys, 2005; Sausse i in., 2006). Część osypanych nasion kiełkuje na powierzchni gleby zaraz po zbiorze plantacji ale znaczna ich ilość zasila glebowy bank nasion zachowując zdolność do kiełkowania, gdy znajdą się w odpowiednich warunkach, do 10 i więcej lat (Lutman i in., 2005 a; Squire, 2005). Zachowanie przez tak długi okres zdolności do kiełkowania jest wynikiem występowania cechy zdolności do wtórnego stanu spoczynku nasion. Większość odmian rzepaku ozimego i jarego posiada tę cechę. Badania wykazały, że zdolność do wtórnego stanu spoczynku może dotyczyć kilku- do kilkudziesięciu procent nasion poszczególnych odmian (Momoh i in., 2002; Gulden i in., 2004; Gruber i Claupein, 2005; Lutman i in., 2005 b) i cecha ta ma charakter dziedziczny (Gruber, Claupein, 2004).

W ostatnich latach problem samosiewów rzepaku w rzepaku nasila się. Przyczyną coraz liczniejszego występowania samosiewów jest znaczący wzrost powierzchni uprawy rzepaku zwłaszcza po wprowadzeniu do uprawy odmian podwójnie ulepszonych tj. bezerukowych i niskoglukozyzolanowych. W ciągu ostatnich 25 lat produkcja światowa nasion rzepaku potroiła się, a w krajach dawnej Unii Europejskiej (15) wzrosła 4,5 krotnie, w Polsce 4-krotnie (Bartkowiak-Broda, Ogrodowczyk, 2007). W niektórych gospodarstwach wielkoobszarowych udział rzepaku w strukturze zasiewów przekracza 25%.

Od wprowadzenia do uprawy w Polsce podwójnie ulepszonych odmian rzepaku ozimego i jarego upłynęło prawie 20 lat, a pomimo to w różnych rejonach kraju pojawiają się problemy z utrzymaniem czystości plantacji, co powoduje pogorszenie jakości surowca do przerobu.

W niektórych partiach nasion dostarczanych do punktów skupu występuje kwas erukowy i glukozynolany w ilościach przekraczających obowiązującą w Polsce dopuszczalną normę dla materiału konsumpcyjnego pochodzącego z odmian podwójnie ulepszonych (odpowiednio 1% i 25 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ nasion). Jedną z przyczyn tego zjawiska mogą być występujące na plantacjach rzepaku samosiewy odmian tradycyjnych (wysokoerukowych i wysokoglukozynolanowych) i niskoerukowych oraz rośliny o budowie morfologicznej znacznie odbiegającej od budowy typowej dla roślin rzepaku, tzw. rzepakochwasty.

Z tego względu podjęto próbę charakterystyki fenotypu roślin występujących jako samosiewy na plantacjach rzepaku ozimego w Polsce północnej. Zbadanie zwłaszcza cech jakościowych przyczyni się do wyjaśnienia czy samosiewy powodują pogarszanie jakości plonu rzepaku w badanym regionie.

MATERIAŁ I METODY

Obiektem badań były 122 rośliny pobrane wiosną 2006 roku jako samosiewy na plantacjach rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego w województwach: zachodniopomorskim (gminy: Pyrzyce, Widuchowa, Banie, Balice), pomorskim (gminy: Pszczółki, Suchy Dąb, Świecie) oraz warmińsko-mazurskim (gminy: Giżycko, Korsze, Bartoszyce). Samosiewy pobrane z pola w fazie początku wydłużania pędu głównego (30 — w skali BBCH — wg BASF AG) posadzono na polu Zakładu Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych w Poznaniu w celu obserwacji budowy morfologicznej roślin oraz uzyskania z nich nasion. W nasionach z izolowanych roślin zbadano zawartość kwasów tłuszczowych i glukozynolanów. Wzorzec do badań stanowiły odmiany rzepaku ozimego (*B. napus*) podwójnie ulepszanego uprawiane na plantacjach, z których pobrano samosiewy: Californium, Castille, Lisek i Rasmus oraz odmiany rzepiku ozimego (*B. rapa*) — Ludowy i Brachina.

Skład i zawartość kwasów tłuszczowych w oleju z nasion oznaczono metodą estrów metylowych opracowaną przez Byczyńską i Krzymańskiego (1969). Oznaczenie zawartości poszczególnych glukozynolanów wykonano metodą chromatografii gazowej silylowych pochodnych glukozynolanów (Michalski i in., 1995). Ponadto określono ploidalność badanych roślin metodą cytometrii przepływowej (FCM — ang. *flow cytometric method*) (Doležel, 1997). W tej metodzie dokonuje się analizy ilościowej względnej intensywności fluorescencji emitowanej przez jądra komórkowe wybarwiane fluorochromem. Wynik uzyskuje się w formie graficznej z pikiem dominującym odpowiadającym jądom interfazowym w fazie G_1 (2C DNA) cyklu komórkowego (Rogalska in., 1999).

W przeprowadzonych badaniach kontrolę stanowiły pomiary wykonywane każdorazowo na początku i w połowie serii oznaczeń prób DNA: z diploidalnych roślin rzepiku — odmian Ludowy i Brachina oraz allotetraploidalnych roślin rzepaku — odmian Castille, Californium, Lisek i Rasmus. Analizy względnej zawartości DNA jądrowego — ploidalności wykonano dla 93 roślin rzepakopodobnych i 29 rzepikopodobnych, porównując na wykresie lokalizację ich pików G_1 z pikiem G_1 roślin kontrolnych. Na wykresie względnej zawartości DNA jądrowego wyizolowanego z młodych liści odmian wzorcowych rzepaku pik dominujący G_1 w kanale fluorescencji odpowiada wartości dla: Californium 118,4, Castille 116,9, Liska 115,6 oraz

odmiany Rasmus 114,3 (tab. 1). Pik dominujący G_1 dla rzepiku odmiany Ludowy wynosi 49,4, a dla odmiany Brachina 51,0.

Wykres typu boxplot ilustrujący podstawowe statystyki opisowe badanych zmiennych w formie charakterystycznych skrzynek otrzymano za pomocą pakietu statystycznego Genstat (Genstat 5 Committee, 1993). Pozioma linia w środku skrzynki charakteryzuje medianę, natomiast góra i dół odpowiednio górny i dolny kwartył.

WYNIKI

Morfologiczne zróżnicowanie roślin

Na podstawie obserwacji morfologicznych roślin w fazie rozety, pobranych na plantacjach rzepaku ozimego w trzech województwach dokonano podziału badanego materiału na dwie zasadnicze grupy: rośliny o morfotypie rzepaku (93) oraz rośliny o morfotypie rzepiku (29). Dla oceny budowy morfologicznej roślin brano pod uwagę takie cechy jak: barwę i kształt liści, występowanie na dolnej i górnej stronie blaszki liściowej włosków zgodnie z opisem botanicznym podanym przez Muśnickiego i wsp. (1999).

Rośliny rzepikopodobne posiadały rozety o krótkich międzywęzłach, a liście rozetowe o krótkich ogonkach miały kształt lirowaty z głębokimi wcięciami blaszki liściowej (rys. 1). Liście były trawiasto-zielone z włoskami rozmieszczonymi na górnej i spodniej stronie blaszki liściowej, co nadawało im charakterystyczną dla liści rzepiku szorstkość (rys. 2). Rośliny te znacznie różniły się od roślin o morfotypie rzepaku, które miały zwarte rozety o lirowatych liściach osadzonych na długich ogonkach. Barwa liści była błękitno-zielona, a ich powierzchnia nieowłosiona. Zróżnicowanie w budowie morfologicznej obu grup roślin było widoczne także w dalszych fazach rozwojowych.



Rys. 1. Roślina rzepikopodobna w stadium rozety
Fig. 1. Turnip rape-like plant at the rosette stage



Rys. 2. Liście rozetowe rośliny rzepikopodobnej z licznymi włoskami na blaszce liściowej
Fig. 2. Rosette leaves of turnip rape-like plant with numerous hairs on the leaf blade

Skład chemiczny nasion

W nasionach zebranych po samozapyleniu roślin zbadano zawartość kwasów tłuszczowych i glukozydów. Na podstawie wyników analiz chemicznych nasion

badane rośliny podzielono na 4 grupy różniące się cechami jakościowymi: rzepak podwójnie ulepszony „00”, rzepak niskoerukowy o wysokiej zawartości glukozynolanów „0WG”, rzepak wysokoerukowy o niskiej zawartości glukozynolanów „WE0” oraz rzepak wysokoerukowy i wysokoglukozynolanowy „WEWG” (tab. 1). 30,3% badanych roślin stanowiły rośliny w typie rzepaku „0WG”. Odnotowano wysoki, wynoszący 39,3% udział roślin o składzie chemicznym nasion typu „WEWG”.

Tabela 1

Zawartość kwasu erukowego, sumy glukozynolanów w nasionach oraz względna zawartość jądrowego DNA w samosiewach rzepaku ozimego
Erucic acid, total glucosinolate content in seeds and relative DNA content of nuclei in volunteers of oilseed rape

Roślina Plant	Liczeb- ność Number	Kwas erukowy Erucic acid [%]			Suma glukozynolanów [μmol·g ⁻¹ nasion] Total glucosinolate content [μmol·g ⁻¹ of seeds]			Względna zawartość jądrowego DNA – numer kanału fluorescencji Relative content of nucleic DNA – fluorescence channel number		
		śred- nia mean	zakres range	współczynnik zmienności coefficient of variability	śred- nia mean	zakres range	współczynnik zmienności coefficient of variability	śred- nia mean	zakres range	współczynnik zmienności coefficient of variability
Rośliny o morfotypie rzepaku — Oilseed rape-like plants										
Rzepak „00” Oilseed rape „00”	2	0,0	0	—	19,6	13,4– 25,8	44,7	119,0	114,6– 123,4	5,2
Rzepak „0WG” Oilseed rape „0HG”	37	0,08	0–1,8	—	73,0	39,4– 108,8	24,9	117,7	112,0– 128,0	2,6
Rzepak „WE0” Oilseed rape „HE0”	6	24,5	2,7–45,5	66,2	12,7	10,3– 16,5	17,8	117,9	115,2– 123,1	2,3
Rzepak „WEWG” Oilseed rape „HEHG”	48	25,7	7,6–49,6	50,4	72,0	26,8– 102,8	25,9	116,4	51,2– 128,0	8,6
Castille		0,0	—	—	12,4	—	—	116,9	—	—
Californium		0,0	—	—	14,8	—	—	118,4	—	—
Lisek		0,0	—	—	9,9	—	—	115,6	—	—
Rasmus		0,0	—	—	9,9	—	—	114,3	—	—
Rośliny o morfotypie rzepiku — Turnip rape-like plants										
Rzepik Turnip rape	29	39,9	26,6– 47,8	11,7	90,9	42,5– 135,4	21,8	50,8	46,1– 119,1	25,9
Brachina		39,5	—	—	44,3	—	—	51,0	—	—
Ludowy		39,5	—	—	44,3	—	—	49,4	—	—

„00” — rzepak niskoerukowy, niskoglukozynolanowy (podwójnie ulepszony)

„00” — low erucic, low glucosinolate oilseed rape (double low)

„0WG” — rzepak bezerukowy, wysokoglukozynolanowy (jednozerowy)

„LEWG” — low erucic, high glucosinolate oilseed rape

„WE0” — rzepak wysokoerukowy, niskoglukozynolanowy

„HE0” — high erucic, low glucosinolate oilseed rape

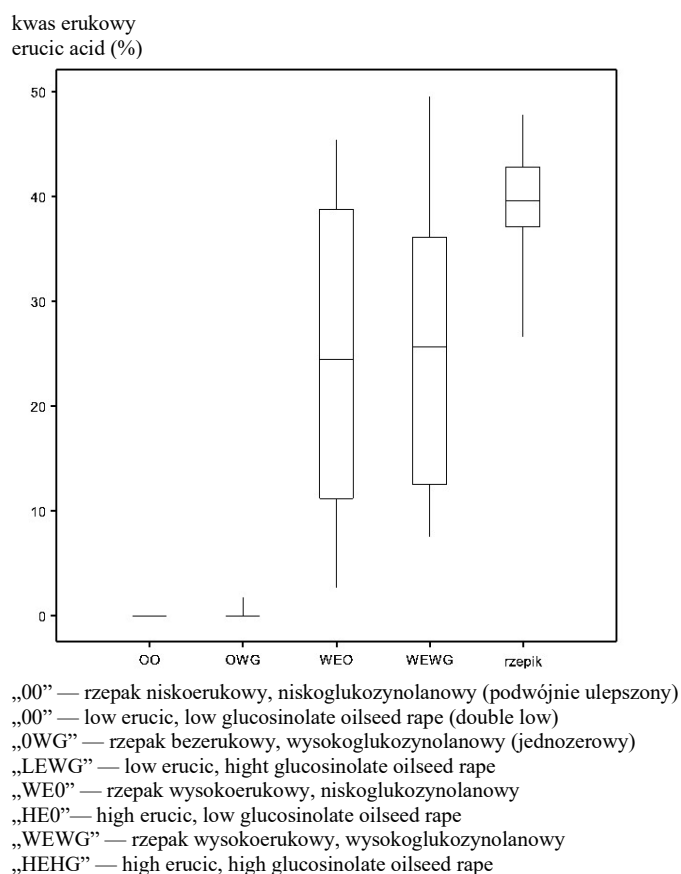
„WEWG” — rzepak wysokoerukowy, wysokoglukozynolanowy

„HEHG” — high erucic, high glucosinolate oilseed rape

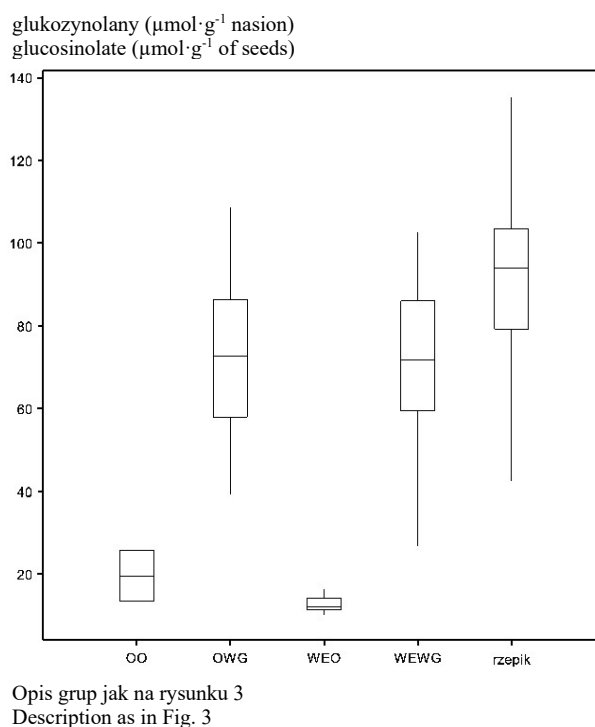
Badane samosiewy rzepaku podzielono ze względu na zawartość kwasu erukowego i glukozynolanów kierując się standardami jakościowymi dla nasion „konsumpcyjnych” rzepaku, które decydują o ich przydatności do dalszego przetwórstwa w przemyśle olejarskim:

- „00” — rzepak podwójnie ulepszony o zawartości kwasu erukowego do 2% w oleju z nasion i zawartości glukozynolanów alkenowych do $25 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion;
- „0WG” — rzepak niskoerukowy (do 2% kwasu erukowego w oleju z nasion) o wysokiej, ponad $25 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion zawartości glukozynolanów alkenowych;
- „WE0” — rzepak wysokoerukowy (ponad 2% kwasu erukowego w oleju z nasion), ale o niskiej zawartości glukozynolanów alkenowych, nie przekraczającej $25 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion;
- „WEWG” — rzepak wysokoerukowy (ponad 2% kwasu erukowego w oleju z nasion) oraz wysokoglukozynolanowy (ponad $25 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$ nasion).

Rośliny w typie rzepiku stanowią oddzielną grupę i ich udział w badanej populacji wynosi 23,8%.



Rys. 3. Boxplot zawartości kwasu erukowego w nasionach samosiewów rzepaku
Fig. 3. Boxplot of erucic acid content in seeds of volunteers of winter oilseed rape



Rys. 4. Boxplot całkowitej zawartości glukozynolanów w nasionach samosiewów rzepaku
Fig. 4. Boxplot of total content of glucosinolates in seeds of volunteers of winter oilseed rape

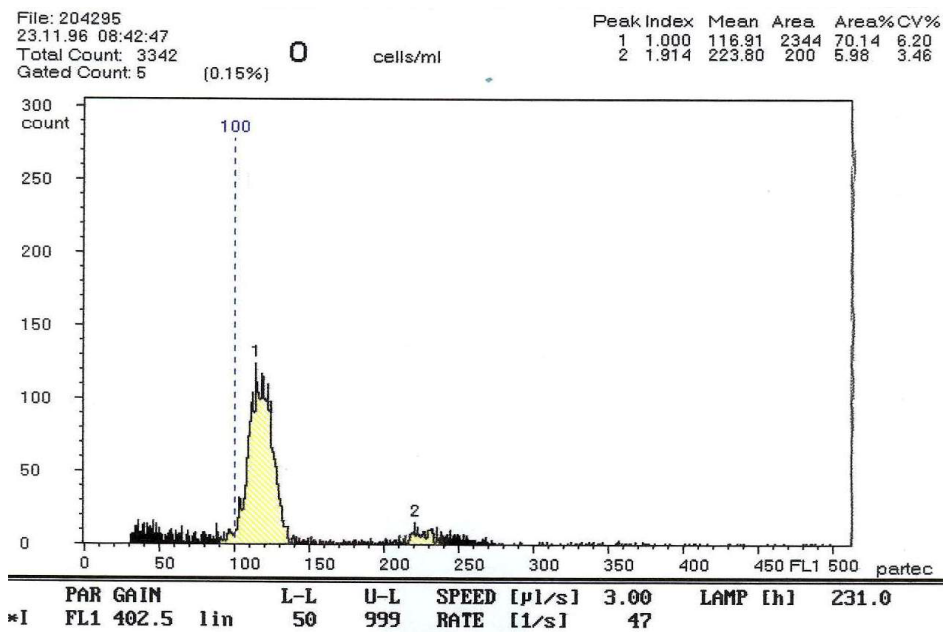
Zawartość kwasu erukowego w nasionach rzepikopodobnych wynosiła od 26,6 do 47,8%. Zawartość sumy glukozynolanów w nasionach znacząco przekraczała zawartość tych związków typową u odmian podwójnie ulepszonych rzepaku ozimego i wynosiła od 42,5 do 135,4 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ nasion. Skład chemiczny nasion roślin o budowie morfologicznej odbiegającej od budowy typowych roślin rzepaku był zbliżony do składu chemicznego nasion tradycyjnych odmian rzepaku lub rzepiku (tab. 1).

Zawartość kwasu erukowego u 50% roślin rzepakopodobnych „WE0” wysoko-erukowych o niskiej zawartości glukozynolanów oraz w typie „WEWG” rzepaku wyniosła od ponad 10 do blisko 38% kwasu erukowego, a u roślin o morfotypie rzepiku od 37 do 42% (rys. 3). Rysunek 4 ilustruje zakres zmienności jaki otrzymano dla zawartości glukozynolanów w nasionach badanych samosiewów o morfotypie rzepaku oraz o morfotypie rzepiku. 50% roślin rzepakopodobnych o wysokiej zawartości glukozynolanów („OWG” i „WEWG”) zawierało od 60 do 90 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ nasion, a roślin rzepikopodobnych od 78 do ponad 100 $\mu\text{mol}\cdot\text{g}^{-1}$ nasion.

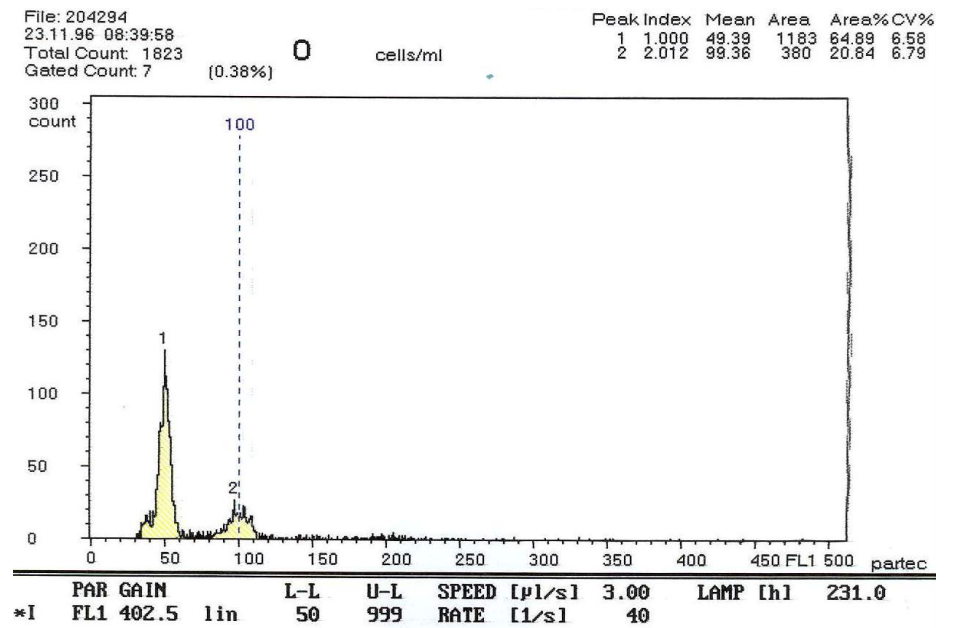
Badania cytometryczne

Metoda cytometrii przepływowej (FCM) pozwoliła na weryfikację czy badane rośliny są rzepakiem czy rzepikiem lub formą mieszańcową powstałą poprzez krzyżowanie rzepiku i rzepaku.

A



B

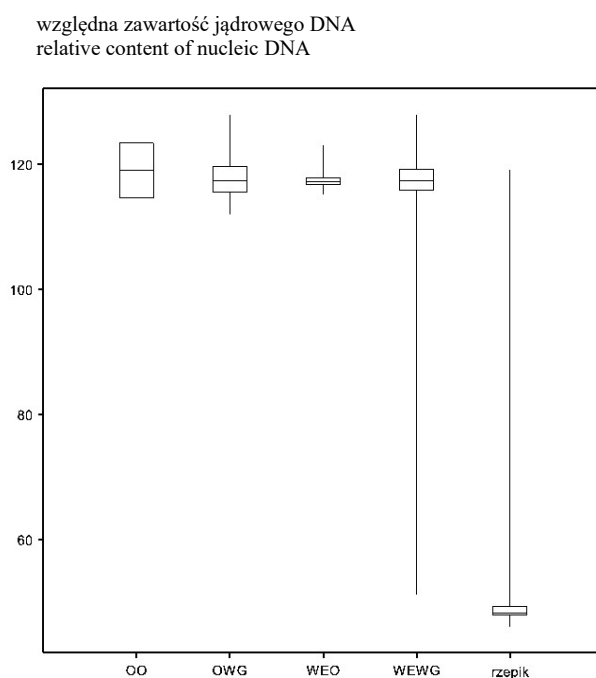


A — rzepak *Brassica napus* L. odm. Castille B — rzepik *Brassica campestris* L. odm. Ludowy
A — oilseed rape *Brassica napus* L. cv. Castille B — turnip rape *Brassica campestris* L. cv. Ludowy

Rys. 5. Względna zawartość jądrowego DNA
Fig. 5. Relative content of nucleic DNA

Względna zawartość DNA jądrowego dla roślin o budowie morfologicznej odpowiadającej roślinom rzepaku zawierała się w przedziale od 112,0 do 128,0 (rys. 5A). Lokalizacja jego była zbliżona do umiejscowienia pików G_1 rzepaku. Natomiast dla roślin rzepikopodobnych stwierdzono lokalizację pików dominujących w kanałach fluorescencji od 46,1 do 50,1, a więc zbliżonych do pików G_1 form referencyjnych rzepiku (rys. 5B). W badanym materiale nie stwierdzono lokalizacji pików dominujących G_1 w kanale fluorescencji pośrednim między rzepakiem a rzepikiem. Wynik niezgodny z obserwacjami morfologicznymi otrzymano dla czterech roślin określonych na podstawie budowy morfologicznej jako rzepakopodobne, a lokalizacja ich pików dominujących G_1 była zbieżna z pikami G_1 charakterystycznym dla rzepiku — odmiany Ludowy oraz jednej rośliny rzepikopodobnej, której zawartość jądrowego DNA wyniosła 119,1 co wskazuje na genotyp odpowiadający rzepakowi (tab. 1).

Względną zawartość jądrowego DNA dla wszystkich wyróżnionych grup roślin o morfotypie rzepaku oraz rzepikopodobnych ilustruje rysunek 6. Wszystkie rośliny rzepakopodobne niezależnie od składu chemicznego nasion umieszczone są w górnej części wykresu ze względną zawartością jądrowego DNA przekraczającą 110. Natomiast rośliny o morfotypie rzepiku znajdują się w dolnej części wykresu, z wartościami względnej zawartości jądrowego DNA nie przekraczającymi 50.



Opis grup jak na rysunku 3

Description as in Fig. 3

Rys. 6. Boxplot poziomu ploidalności samosiewów rzepaku

Fig. 6. Boxplot of ploidy level of winter oilseed rape volunteers

DYSKUSJA

Pierwsze informacje o występowaniu na plantacjach rzepaku ozimego roślin o morfotypie nietypowym dla rzepaku w Polsce pojawiły się pod koniec lat dziewięćdziesiątych. Szczegółowe analizy rzepakochwastów wykonane przez Wojciechowskiego i wsp. (2000) uwzględniające zarówno cechy morfologiczne, liczbę chromosomów w komórkach somatycznych i generatywnych, ocenę żywotności i wielkości ziaren pyłku oraz ocenę stopnia samoniezgodności pozwoliły stwierdzić, że badane rośliny były rzepikiem, bądź potomstwem mieszańca powstałego w wyniku spontanicznego krzyżowania rzepaku z rzepikiem. Charakteryzowały się one wysoką zawartością kwasu erukowego i glukozynolanów. Popławska i Bartkowiak-Broda (2004) także badały przyczyny pogarszania się jakości nasion konsumpcyjnych rzepaku. Oceniono rośliny zebrane z pola po plantacji rzepaku ozimego odmiany Lisek oraz populację roślin uzyskanych po wysiewie nasion zebranych z tej plantacji. Na podstawie obserwacji morfologicznych dokonano podziału badanego materiału roślinnego na dwie grupy: rośliny o morfotypie rzepaku oraz rośliny o morfotypie rzepiku. Na podstawie analizy względnej zawartości DNA jądrowego roślin rzepikopodobnych stwierdzono występowanie także form pośrednich pomiędzy rzepikiem a rzepakiem, które powstały w wyniku niekontrolowanego krzyżowania międzygatunkowego pomiędzy tymi gatunkami (Popławska, Bartkowiak-Broda, 2004). Stwierdzono również podwyższoną zawartość kwasu erukowego i glukozynolanów w nasionach. Szczegółową charakterystykę zawartości kwasów tłuszczowych w nasionach rzepakochwastów podają Aleksandrak i wsp. (2007). Rzepakochwasty o morfotypie rzepaku wykazywały jedynie śladową zawartość kwasu erukowego, natomiast w rzepakochwastach w typie rzepikowym przekraczała ona 30%. W prezentowanych wynikach badań samosiewów w województwach północnej Polski obserwowano przekroczenie normy zawartości kwasu erukowego wymaganej dla nasion konsumpcyjnych zarówno w grupie roślin rzepako- jak i rzepikopodobnych.

Uzyskane wyniki, zwłaszcza dotyczące cech jakościowych pokazują, że w glebowym banku nasion znajdują się nasiona różnych typów rzepaku: podwójnie ulepszone, bezerukowe, tradycyjne i formy pośrednie, prawdopodobnie powstałe w wyniku krzyżowania się samosiewów pochodzących z odmian tradycyjnych lub niskoerukowych z odmianami podwójnie ulepszonymi. Wskazuje to na długi okres wtórnego spoczynku nasion odmian tradycyjnych i niskoerukowych w glebie, który trwał nawet do 20 lat. Możliwość taką potwierdzają liczne badania odnośnie tej cechy nasion rzepaku (Momoh i in., 2002; Gruber, Claupein, 2004; Lutman i in., 2005 a). Cecha ta jest cechą dziedziczną, podlegającą modyfikującemu wpływowi środowiska (Gulden i in., 2004) i stwarzającą wiele problemów związanych z uprawą rzepaku.

Wyniki przedstawione w pracy pokazały, że samosiewy poszczególnych typów odmian krzyżowały się z nowymi typami odmian i między sobą, na co wskazują formy pośrednie odnośnie zawartości kwasu erukowego i glukozynolanów. Obserwacje te przeprowadzone na nielicznej populacji samosiewów wskazują, że skala problemu samosiewów w uprawach rzepaku może być duża. Ponadto dodatkowy problem jak się wydaje stwarzają

nasiona rzepiku często wysiewanego jako poplon, także zachowujące w glebie zdolność do kiełkowania przez długi czas.

Dotychczasowe badania prowadzone przez autorów niniejszej publikacji, jak i innych cytowanych w dyskusji dotyczyły tylko plantacji produkcyjnych. Według informacji otrzymanych z Zakładów Przemysłu Tłuszczowego przypadki dostarczenia surowca nie odpowiadającego normie jakościowej zdarzają się i uważa się, że konieczne jest zbadanie przyczyn tego zjawiska.

Na podstawie przeprowadzonych badań własnych i innych autorów można stwierdzić, że rzepikochwasty występują rzadziej niż rzepakochwasty, zatem główną przyczyną zanieczyszczeń plantacji rzepaku są te ostatnie, a nie rzepikochwasty.

PODSUMOWANIE

Typowa dla nasion chwastów cecha długotrwałego zachowania żywotności w glebowym banku nasion w udomowionym gatunku jakim jest rzepak powoduje, że roślina ta może raz występować jako roślina uprawna raz jako chwast, zwłaszcza w uprawie tego samego gatunku.

W okresie poprzedzającym wprowadzenie do uprawy odmian jakościowych rzepaku, tj. niskoerukowych i podwójnie ulepszonych problem ten nie występował. Jednakże może się on jeszcze nasilić gdy do uprawy zostaną wprowadzone różne typy odmian, np. o zróżnicowanych proporcjach kwasów tłuszczowych w oleju z nasion, GMO itd. Zapewnienie koegzystencji różnych typów odmian zwłaszcza w Europie będzie trudne. Zdolność nasion do wtórnego spoczynku okazuje się być istotną cechą decydującą o możliwości koegzystencji różnych typów odmian. Zatem ważnym celem selekcyjnym może być hodowla odmian nie posiadających zdolności do przechodzenia nasion we wtórny stan spoczynku lub charakteryzujących się ograniczoną zdolnością do wtórnego stanu spoczynkowego nasion. Hodowla w tym kierunku pozwoliłaby na ograniczenie w przyszłości przepływu genów pomiędzy różnymi typami odmian poprzez nasiona.

LITERATURA

- Aleksandrak Ł., Broda Z., Michalski K., Kurasiak-Popowska D. 2007. Charakterystyka zawartości kwasów tłuszczowych w nasionach chwastów rzepakopodobnych. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XXVIII (1): 167 — 173.
- Bartkowiak-Broda I., Ogrodowczyk M. 2007. Strategiczne kierunki hodowli roślin oleistych. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR* 27/2007: 99 — 113.
- Byczyńska B., Krzymański J. 1969. Szybki sposób otrzymywania estrów metylowych kwasów tłuszczowych do analizy metodą chromatografii gazowej. *Tłuszcze Jadalne*, XIII: 108 — 114.
- Doležel J. 1997. Application of flow cytometry for the study of plant genomes. *J. Appl. Genet.* 38: 285 — 302.
- Genstat 5 Committee 1993. *Genstat 5 Release 3 Reference Manual*. Clarendon Press, Oxford.
- Gruber S., Claupein W. 2004. Secondary dormancy of oilseed rape: first aspects of heredity. *Proceedings of the 4th International Crop Science Congress*, 26 September — 1 October 2004, Brisbane, Australia.
- Gruber S., Claupein W. 2005. Reproduction capacity of oilseed rape volunteers and potential gene flow. *Proceedings of Second International Conference on Co-existence between GM and non-GM based agricultural supply chains*, 14-15 November 2005, Montpellier, France, 97 — 100.

- Gulden R. H., Thomas A. G., Shirliffe S. J. 2004. Relative contribution of genotype, seed size and environment to secondary seed dormancy potential in Canadian spring oilseed rape (*Brassica napus*). *Weed Research*, 44: 97 — 106.
- Lutman P. J. W., Berry K., Payne R. W., Simpson E., Sweet J. B., Champion G. T., May M. J., Wightman P., Walker K., Lainsbury M. 2005 a. An update on the persistence of seeds from crops of conventional and herbicide tolerant oilseed rape (*Brassica napus*). *Proceedings of Second International Conference on Co-existence between GM and non-GM based agricultural supply chains*, 14-15 November 2005, Montpellier, France, 93 — 96.
- Lutman P. J. W., Berry K., Payne R. W., Simpson E., Sweet J. B., Champion G. T., May M. J., Wightman P., Walker K., Lainsbury M. 2005 b. Persistence of seeds from crops of conventional and herbicide tolerant oilseed rape (*Brassica napus*). *Proceedings of The Royal Society*, 272: 1909 — 1915.
- Michalski K., Kołodziej K., Krzymański J. 1995. Quantitative analysis of glucosinolates in seeds of oilseed rape – effect of sample preparation on analytical results. *Proc. 9th International Rapeseed Congress*, 4-7 July 1995, Cambridge, UK, 3: 911 — 913.
- Momoh E.J. J., Zhou W. J., Kristiansson B. 2002. Variation in the development of secondary dormancy in oilseed rape genotypes under conditions of stress. *Weed Research*, 42: 446 — 455.
- Muśnicki Cz. 1999. Rośliny oleiste. W: Szczegółowa uprawa roślin. Praca zbiorowa pod redakcją Zofii Jasińskiej i Andrzeja Koteckiego. Wydawnictwo AR we Wrocławiu, tom 2: 392 — 403.
- Popławska W., Bartkowiak-Broda I. 2004. Badania przyczyn pogarszania jakości surowca olejarskiego pozyskiwanego z nasion rzepaku. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XXV (2): 493 — 504.
- Rogalska S., Małuszyńska J., Olszewska M. J. 1999. Podstawy cytogenetyki roślin. Wydawnictwo Naukowe PWN Warszawa: 210 — 214.
- Sausse Ch., Wagner D., Lucas J. L., Estragnat A., Mangenot O., Garric B., Reau R., Devaux C., Champolivier J., Messéan A. 2006. Estimation des pertes à la récolte du colza d'hiver (*Brassica napus*) dans le conditions variées. *OCL*, vol. 13, 6: 431 — 438.
- Squire G.R. 2005. Contribution to gene flow by seed and pollen. *Proceedings of Second International Conference on Co-existence between GM and non-GM based agricultural supply chains*, 14-15 November 2005, Montpellier, France, 73 — 77.
- Tys J. 2005. Technologia zbioru. W: Technologia Produkcji Rzepaku. Praca zbiorowa pod redakcją Czesława Muśnickiego, Iwony Bartkowiak-Brody, Marka Mrówczyńskiego. Wydawnictwo Wieś Jutra: 147 — 150.
- Wojciechowski A., Cichy H., Weight M. 2000. Wyniki obserwacji morfologicznych oraz analiz cytogenetycznych i chemicznych roślin o morfotypie rzepiku występujących na plantacjach rzepaku ozimego. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XXI (1): 237 — 247.

HENRYK BUJAK ¹
 STANISŁAW JEDYŃSKI ¹
 JAN KACZMAREK ¹
 ANDRZEJ KOTECKI ²

¹ Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

² Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Ocena stabilności plonowania populacyjnych i mieszańcowych odmian rzepaku ozimego

Evaluation of yield stability of open-pollinated and hybrid cultivars of winter oilseed rape

Materiałem badawczym były plony odmian rzepaku ozimego z doświadczeń porejestrowych przeprowadzonych na terenie Dolnego Śląska w latach 2005–2007 w Krościnie Małej, Naroczycach, Pawłowicach, Tarnowie Śląskim, Tomaszowie Bolesławieckim i Zybiszowie. Badano cztery odmiany populacyjne: Bazył, Bojan, Cabriolet i Californium oraz pięć odmian mieszańcowych: Baldur, Kronos, Mazur, Pomorzanin, Titan. Do analizy stabilności plonowania wykorzystano parametryczne i nieparametryczne metody. Spośród metod parametrycznych zastosowano: współczynnik regresji i odchylenie od prostej Eberharta i Russella, statystykę stabilności Shukli, ekowalencję Wrickego i złożony miernik stabilności Hansona. Do oceny stabilności rolniczej wykorzystano dwa mierniki stabilności Hühna, metodę Kanga oraz nową metodę opartą na rangach grup jednorodnych i współczynniku zmienności. Nie stwierdzono istotnej różnicy między plonowaniem odmian mieszańcowych i populacyjnych. Na standardowym poziomie agrotechniki parametryczne testy Shukli i Wrickego wykazały najwyższą stabilność plonowania odmiany populacyjnej Californium i mieszańcowej Titan. Podobne wyniki uzyskano na intensywnym poziomie uprawy. Metoda rang grup jednorodnych i współczynników zmienności wykazała najwyższą stabilność rolniczą wysokoplennych odmian mieszańcowych Baldur, Kronos i Titan oraz populacyjnej Cabriolet.

Słowa kluczowe: adaptacyjność odmian, miary parametryczne, miary nieparametryczne, plon, rzepak, stabilność plonowania

Post registration yield trials including winter oilseed rape cultivars were carried out in Lower Silesia in the years 2005–2007 at the following locations: Krościna Mała, Naroczyce, Pawłowice, Tarnów Śląski, Tomaszów Bolesławiecki and Zybiszów. Four open-pollinated cultivars: Bazył, Bojan, Cabriolet, and Californium and five hybrids: Baldur, Kronos, Mazur, Pomorzanin and Titan were used. Evaluation of yield stability was based upon parametric and non-parametric methods. The following parametric procedures were applied: linear regression coefficient (b_i), variance of the regression deviations (S^2_{di}), Shukla's stability variance (σ^2_i), Wricke's ecovalence (W_i^2) and Hanson's statistic (D_i). To assess yielding stability two Hühn's measures (S_i^1 , S_i^2), Kang's parameter (RS) and a new measure of stability based on homogeneous group ranks were used. No significant differences were found between the open-pollinated and hybrid cultivars. According to Shukla's and Wricke's measures,

the open-pollinated cultivar Californium and hybrid Titan showed the lowest variation across the environments in the standard level (low input) of cultivation. The new method based on homogeneous groups rank, which defines a dynamic concept of stability, identified the hybrids Baltazar, Kronos, Titan and open-pollinated cultivar Cabriolet as the most stable.

Key words: cultivar adaptation, parametric and non-parametric measures, winter oilseed rape, yield stability

WSTĘP

W 2008 roku zarejestrowano jedenaście odmian rzepaku, w tym sześć populacyjnych i pięć mieszańcowych. W krajowym rejestrze nadal przeważają odmiany populacyjne (44) nad mieszańcowymi (22).

Z powodu ich genetycznego zróżnicowania odmiany mogą niejednakowo reagować na warunki środowiskowe takie jak: niskie temperatury, jakość gleby, opady, występowanie fito i agrofagów, nawożenie azotowe i stosowanie chemicznej ochrony roślin.

W związku z dużym genetycznym zróżnicowaniem odmian, znaczenia nabiera ocena stabilności plonowania i adaptacyjności, czyli zdolności odmian do wysokiego i stabilnego plonowania w różnych środowiskach. Stabilność plonowania można analizować i zinterpretować poprzez metody statystyczne. Metody te mogą być parametryczne, takie jak: regresja, analiza wielozmienna, metoda skupień (Lin i Butler, 1990), multiplikatywne np. addytywne efekty główne (Zobel i in., 1988; Gauch, 1992) lub metody nieparametryczne (Hühn, 1990 a, b; Kang, 1988), które służą do analizy interakcji genotypowo-środowiskowej.

Wyróżnia się dwa rodzaje interakcji: interakcję ilościową (interakcja zmienia się pod względem wielkości, a nie kierunku zróżnicowania odmian w środowiskach) i interakcję jakościową (interakcja występuje w postaci zmiany uszeregowania odmian w poszczególnych środowiskach).

Do określenia stabilności odmian zaproponowano wiele metod parametrycznych i nieparametrycznych (Becker i Leon, 1988; Hühn, 1990 a, b; Mohammadi i in., 2007; Sabaghania i in., 2006; Scapim i in., 2000). Parametryczne metody oparte są na koncepcji biologicznej stabilności plonowania. Aby uzyskać wiarygodne wyniki na podstawie metod parametrycznych muszą być spełnione założenia, takie jak rozkład normalny błędów i efektów interakcji ze środowiskiem. Takiego wymogu nie ma przy metodach nieparametrycznych.

Metody nieparametryczne zaproponowane przez Hühna (1990 a, b), Kanga (1988) Thennarasu (1995) opierają się na rangach. Podobne uszeregowanie odmian pod względem wysokości plonu, a tym samym rangi, świadczy o dużej zdolności odmiany do adaptacji w różnych środowiskach, czyli o jej adaptabilności według terminologii Tigerstedta (1994).

Celem badań była ocena stabilności plonowania odmian rzepaku ozimego za pomocą czterech metod parametrycznych: Eberharta i Russella, ekowalencji Wrickego, statystyki stabilności Shukli i miernika stabilności Hansona oraz metod nieparametrycznych: dwóch mierników stabilności Hühna, metody Kanga i nowej metody opartej na rangach grup jednorodnych odmian i współczynniku zmienności.

MATERIAŁ I METODY

Do oceny plonowania odmian rzepaku i analizy interakcji genotypowo-środowiskowej (stabilności plonowania) wykorzystano wyniki z doświadczeń Porejestrówego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) z dziewięcioma odmianami z lat 2005–2007. Wśród badanych odmian były mieszańce F_1 — Baldur, Titan, Kronos, mieszańce złożone F_{1z} — Mazur i Pomorzanin oraz odmiany populacyjne: Bojan, Bazyl, Cabriolet, Californium. Badania przeprowadzono w sześciu miejscowościach Dolnego Śląska: Krościna Mała, Naroczyce, Pawłowice, Tarnów Śląski, Tomaszów Bolesławiecki i Zybiszów. Doświadczenia założono metodą pasów prostopadłych na poletkach 15 m^2 w dwóch powtórzeniach, porównując wariant standardowy (a_1) z intensywnym sposobem uprawy roślin (a_2). Na poziomie intensywnym (a_2) zastosowano wyższe o 50 kg/ha nawożenie azotowe niż na standardowym poziomie, pełną ochronę chemiczną przed chorobami grzybowymi, regulator wzrostu oraz dolistne dokarmianie roślin preparatem wieloskładnikowym. Nawożenie fosforowo-potasowe oraz inne zabiegi agrotechniczne były takie same w obydwu wariantach uprawy.

Wyniki doświadczeń opracowano statystycznie metodami parametrycznymi i nieparametrycznymi. Ze względu na coroczną zmianę składu odmian w doświadczeniach, do analizy wybrano tylko dziewięć odmian z 3 lat badań i 6 miejscowości uzyskując układ kompletnej klasyfikacji odmiany $\times$ miejscowości.

W celu weryfikacji hipotez zerowych dla odmian, lat, miejscowości, środowisk (miejscowości w latach) oraz interakcji odmian z latami badań, miejscowościami i środowiskami wykonano analizę wariancji dla doświadczeń wielokrotnych (Caliński i in., 1987 a, b). Obliczenia wykonano według programu Sergen 4. Po odrzuceniu hipotezy zerowej dla interakcji genotypów ze środowiskami wykonano analizę stabilności plonowania.

Metody parametryczne**1. Współczynnik regresji b_i i odchylenie od prostej regresji S^2_{di} Eberharta i Russella (1966)**

Metoda Eberharta i Russella (1966) służy do oceny reakcji odmiany na zmienne warunki środowiska. Do tego celu wykorzystywany jest liniowy współczynnik regresji b_i i wariancja odchylen od regresji S^2_{di} .

$$b_i = 1 + \frac{\sum_j (x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})}{\sum_j (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})^2}$$

$$S^2_{di} = \frac{1}{E - 2} \left[\sum_i (x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) - (b_i - 1)^2 \sum_j (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})^2 \right]$$

gdzie:

x_{ij} — plon i -tej odmiany w j -tym środowisku,

$\bar{x}_{i.}$ — średni plon i -tej odmiany,

$\bar{x}_{.j}$ — średni plon w j -tym środowisku,

$x_{..}$ — średnia ogólna,

E — liczba środowisk.

W przypadku, gdy współczynnik regresji $b_i > 1$ odmiany wykazują lepsze przystosowanie do dobrych warunków środowiska. Natomiast, gdy $b_i < 1$ odmiany są przystosowane do gorszych warunków środowiska. Wartość $b_i = 1$ wskazuje na przeciętną adaptabilność do różnych warunków środowiska. Wartość wariancji $S^2_{di} = 0$ określa odmiany najbardziej stabilne, natomiast wysoka wartość S^2_{di} oznacza niską stabilność odmian.

2. Statystyka stabilności Shukli (1972)

Wariancja stabilności Shukli (1972) określa wkład każdej odmiany w interakcję genotypowo-środowiskową.

$$\sigma_i^2 = \frac{1}{(s-1)(t-1)(t-2)} \left[t(t-1) \sum_i (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2 - \sum_i \sum_j (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2 \right]$$

gdzie:

s — liczba środowisk,

t — liczba odmian.

Odmiany o wysokiej stabilności plonowania mają niskie wartości σ_i^2 .

3. Ekowalencja Wrickego W_i (1962)

Ekowalencja jest miernikiem wkładu każdego genotypu do sumy kwadratów interakcji genotypowo-środowiskowej. Odmiany o wysokiej stabilności plonowania charakteryzują się niskimi wartościami W_i .

$$W_i = \sum_i^e (x_{ij} - x_{i.} - x_{.j} + x_{..})^2$$

4. Miernik stabilności genotypowej Hansona D_i (1970)

Miernik stabilności genotypowej Hansona D_i (1970) określa udział danego genotypu w wariancji interakcji $G \times E$. Reakcja genotypu na zmienne warunki środowiska, oszacowana jest za pomocą współczynnika regresji b_i Eberharta i Russella. Miernik stabilności odmiany wyraża odchylenie oczekiwanego plonu (E_{ij}) od jej stabilnego plonu (S_{ij}). Im niższa wartość miernika, tym wyższa stabilność odmiany.

$$D_i = \left[\sum (\hat{E}_{ij} - \hat{S}_{ij})^2 \right]^{\frac{1}{2}}$$

gdzie:

$$\hat{E}_{ij} = (x_{ij} + x_{..} - x_{i.} - x_{.j})$$

$$\hat{S}_{ij} = b_i (x_{.j} - x_{..})$$

Metody nieparametryczne

1. Parametry Hühna (1990)

W pracy zastosowano dwa mierniki stabilności Hühna (1990):

$$S_i^1 = \frac{\sum_{j>j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{\frac{N(N-1)}{2}} = \frac{2 \sum_{j=1}^{N-1} \sum_{j'=j+1}^N |r_{ij} - r_{ij'}|}{N(N-1)}$$

gdzie:

r_{ij} — ranga i-tego genotypu w j -tym środowisku,

$r_{ij'}$ — ranga na podstawie poprawionych wartości $x_{ij'}$,

N — liczba środowisk,

$x_{ij'} = x_{ij} - x_i - x_{..}$.

$$S_i^2 = \frac{\sum_{j=1}^N (r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{N-1}$$

gdzie:

$$\bar{r}_{i.} = \sum_{j=1}^N r_{ij} / N$$

$\bar{r}_{i.}$ — średnia ranga dla i-tego genotypu.

Najniższe wartości obydwu mierników S_i^1 oraz S_i^2 świadczą o wysokiej stabilności odmian.

2. Metoda Kanga (1988)

Metoda Kanga (1988) oparta jest na rangach plonów odmian i wariancjach stabilności Shukli. Najwyżej plonująca odmiana uzyskuje rangę 1. Również wariancji stabilności nadaje się kolejne rangi. Najniższa wariancja stabilności uzyskuje rangę 1. Rangi dla plonu i wariancji są sumowane. Odmiany o najniższej sumie punktów rangowych są stabilne i najbardziej pożądane.

3. Metoda Rang Grup Jednorodnych i współczynnika zmienności (R_D) i V

Metoda oparta jest na wielokrotnym teście rozstępu Duncana i współczynnika zmienności. Grupom jednorodnym z poszczególnych doświadczeń nadaje się kolejne rangi. W przypadku zachodzenia grup jednorodnych na siebie oblicza się średnią wartość rangi z grup, w których występuje dana odmiana. Suma wszystkich rang dla odmiany z doświadczeń służy do obliczenia średniej rangi ogólnej (R_D). Odmiany o najniższej średniej wartości R_D i najniższym współczynniku zmienności zaliczane są do najbardziej stabilnych i plennych.

WYNIKI BADAŃ I DYSKUSJA

Analiza wariancji dla syntezy wielolecia (tab. 1) umożliwiła ocenę zmienności lat, punktów doświadczalnych, środowisk i odmian oraz weryfikację następujących hipotez:

- o braku interakcji odmian z punktami doświadczalnymi,
- o braku współdziałania odmian z latami,
- o braku interakcji odmian ze środowiskami.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności z analizy wariancji dla plonu rzepaku ozimego
Mean squares from ANOVA for yields of 9 winter oilseed rape cultivars

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Plon — Yield	
		standardowy poziom uprawy standard variant	intensywny poziom uprawy intensive variant
Lata (L) Years	2	1168,10*	1982,72*
Miejscowości (M) Locations	5	469,86**	272,08
Środowiska (E) Environments	9	302,17**	373,36**
Regresja względem interakcji Regression on interactions	8	339,29**	312,58
Odchylenie od regresji Deviation from regression	1	5,20	859,56
Genotypy (G) Genotypes	8	33,65**	70,76**
Interakcja genotypy × lata (GL) Genotypes × years interaction	16	20,41**	16,73**
Interakcja genotypy × miejscowości (GM) Genotypes × locations interaction	40	21,87**	16,88**
Interakcja genotypy × środowiska (GE) Genotypes × environments interaction	72	13,10**	17,46**
Regresja względem środowiska Regression on environments	8	9,22**	10,01
Odchylenie od regresji Deviation from regression	64	13,59**	18,39**
Błąd doświadczalny Experimental error	153	4,43	4,96

Stwierdzono istotny wpływ warunków glebowo klimatycznych na plonowanie odmian w latach 2005–2007. Istotne współdziałanie lat i miejscowości wskazuje na zróżnicowane plonowanie w miejscowościach i latach badań. Na poziomie standardowym występuje regresyjna zależność plonowania odmian względem interakcji i środowiska, natomiast w warunkach intensywnej uprawy zmiany plonowania nie można wyjaśnić regresją liniową. Istotne odchylenie od regresji wskazuje na to, że występują odmiany istotnie odbiegające od liniowej zależności regresyjnej i nie można tego opisać prostą zależnością liniową.

Na podstawie doświadczeń PDO wybierane są najwłaściwsze odmiany do rekomendacji dla określonego obszaru terytorialnego. Istotnymi kryteriami zalecania do uprawy są wysokość i stabilność plonowania odmiany. W tabelach 2 i 3 przedstawiono średnie plony dziewięciu odmian rzepaku w latach 2005–2006 z sześciu, a w 2007 z pięciu miejscowości. Stwierdzono istotne zróżnicowanie w plonowaniu odmian uprawianych na różnych poziomach intensywności i w różnych latach i miejscowościach. Istotna interakcja genotypy × środowiska wskazuje na potrzebę scharakteryzowania stabilności plonowania odmian. Wyniki analiz stabilności czterema metodami parametrycznymi dla poziomu standardowego (a_1) przedstawiono w tabeli 2, a dla poziomu intensywnego (a_2) w tabeli 3. Według metody Eberharta i Russella odmiany mieszańcowe Baldur i populacyjne Bazyl i Californium są bardziej dostosowane do lepszych warunków środowiska.

Tabela 2

Parametryczne mierniki oceny stabilności plonowania odmian rzepaku na poziomie standardowym (α_1)
Mean yields and estimates of parametric stability measures in standard variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Eberhart i Russell		Hanson D_i	Wricke W_i	Shukla σ_i^2
		b_i	S_{di}^2			
Baldur F_1	47,81	1,19	-40,14	308,73	176,20	10,43
Titan F_1	47,25	1,11	-17,37	368,57	144,60	4,49
Kronos F_1	47,09	1,27	-0,62	442,41	410,56	12,05
Cabriolet	46,93	0,95	61,74	389,35	357,37	23,95
Bojan	45,57	1,01	13,64	523,52	476,47	24,19
Californium	45,46	1,24	-54,92	390,13	126,68	3,51
Pomorzanin F_{1Z}	44,63	1,10	124,93	323,13	469,13	15,09
Mazur F_{1Z}	44,40	1,03	39,23	637,61	199,23	11,52
Bazyl	43,59	1,21	19,93	340,69	294,75	13,77

Tabela 3

Parametryczne mierniki oceny stabilności plonowania odmian rzepaku ozimego na poziomie intensywnym (α_2)
Mean yields and estimates of parametric stability measures in intensive variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Eberhart i Russell		Hanson D_i	Wricke W_i	Shukla σ_i^2
		b_i	S_{di}^2			
Baldur F_1	53,18	1,38	-127,50	291,55	407,45	11,15
Titan F_1	52,61	1,39	-109,40	633,39	310,51	8,44
Kronos F_1	52,26	1,25	-99,30	477,35	516,57	6,87
Cabriolet	50,93	1,15	-12,38	457,15	470,53	23,42
Californium	49,88	1,12	-77,14	447,49	403,10	7,31
Bojan	49,54	1,06	-68,22	652,37	563,47	22,27
Mazur F_{1Z}	49,32	1,28	-18,11	572,80	217,97	8,19
Bazyl	47,33	1,16	-50,81	504,28	465,31	7,94
Pomorzanin F_{1Z}	47,11	1,34	81,08	575,57	506,66	12,26

Odmiana mieszańcowa Kronos i populacyjna Bazyl mają niskie wariancje S_{di}^2 , co wskazuje na ich wysoką stabilność, natomiast mieszańce Baldur i odmiana populacyjna Californium wykazują niższą stabilność plonowania.

Według metody Hansona najwyższą stabilnością i plonowaniem wyróżniła się odmiana mieszańcowa Baldur, natomiast mniej stabilny, ale wysokoplenny był mieszańce Titan. Odmiana populacyjna Bazyl charakteryzowała się niską stabilnością i plonowaniem. W warunkach intensywnej uprawy odmiana mieszańcowa Baldur również była stabilna i wysokoplenna, natomiast mieszańce Titan okazał się mniej stabilny. Na uwagę zasługuje odmiana mieszańcowa Kronos odznaczająca się wysoką plennością i wyższą stabilnością od mieszańca Titan. Obliczone wartości ekowalencji Wrickego wykazały, że odmiany Titan, Baldur i Californium charakteryzowały się najwyższą stabilnością w standardowych warunkach uprawy, natomiast na intensywnym poziomie uprawy stabilne były również mieszańce Titan i Baldur.

Statystyka stabilności Shukli σ_i^2 wskazuje również, że mieszańce Titan i odmiana populacyjna Californium są najbardziej stabilne. Stosując różne metody parametryczne uzyskuje się wyniki, które nie są w pełni zgodne ze sobą i dlatego trudne do jednoznacznej oceny stabilności poszczególnych odmian. Porównując poszczególne metody uzyskano

niskie korelacje pomiędzy nimi, jedynie wyższą wartość współczynnika korelacji uzyskano między metodą Eberharta i Russella, a metodą Shukli ($r = 0,67$).

Wyniki badań uzyskane za pomocą metod nieparametrycznych przedstawiono w tabelach 4 i 5. Oba wskaźniki Hühna są wysoko skorelowane i można je stosować wymiennie. Według tych parametrów w warunkach standardowej uprawy na wyróżnienie zasługują odmiana mieszańcowa Baldur i mieszańiec złożony Pomorzanin, który był jednak niżej plonujący. W warunkach intensywnej uprawy (tab. 5) najbardziej stabilna była odmiana populacyjna Californium. Wskaźniki Hühna nie są bezpośrednio powiązane z plonem i oceniają głównie stabilność odmian.

Tabela 4

Nieparametryczne mierniki oceny stabilności plonowania odmian rzepaku ozimego na poziomie standardowym (a_1)

Mean yields and estimates of nonparametric stability measures in standard variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Hühn		Kang	R_D
		S_i^1	S_i^2		
Baldur F_1	47,81	0,83	6,02	4	2,2
Titan F_1	47,25	1,14	6,44	4	2,4
Kronos F_1	47,09	1,19	7,24	8	2,6
Cabriolet	46,93	1,49	10,03	12	2,7
Bojan	45,57	1,42	8,36	14	3,2
Californium	45,46	0,90	4,99	7	3,1
Pomorzanin F_{1Z}	44,63	0,88	5,90	14	3,3
Mazur F_{1Z}	44,40	0,94	5,26	12	3,2
Bazyl	43,59	1,15	7,75	15	3,7

Tabela 5

Nieparametryczne mierniki oceny stabilności plonowania odmian rzepaku ozimego na poziomie intensywnym (a_2)

Mean yields and estimates of nonparametric stability measures in intensive variant

Odmiana Cultivar	Plon (dt/ha) Yield	Hühn		Kang	R_D
		S_i^1	S_i^2		
Baldur F_1	53,18	1,18	7,94	7	2,2
Titan F_1	52,61	0,99	6,12	7	2,5
Kronos F_1	52,26	1,00	6,24	4	2,5
Cabriolet	50,93	1,46	9,94	13	3,0
Californium	49,88	0,75	4,10	7	3,2
Bojan	49,54	1,57	8,99	14	3,4
Mazur F_{1Z}	49,32	1,10	6,01	11	3,3
Bazyl	47,33	0,93	7,01	11	4,2
Pomorzanin F_{1Z}	47,11	0,86	5,82	16	4,0

Miara Kanga wykazywała wysoką współzależność z plonem (na poziomie a_1 $r = 0,77$, a na a_2 $r = 0,72$). Zarówno na poziomie standardowym, jak i intensywnym najbardziej pożądanymi były odmiany mieszańcowe Baldur i Titan.

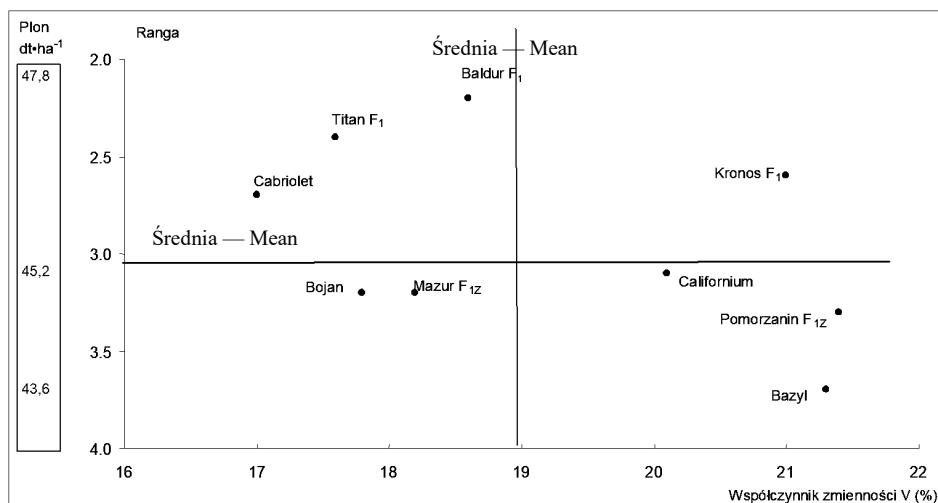
W tabeli 6 zestawiono procent środowisk, w których odmiany wystąpiły w kolejnych rangach R_D . Odmiany, które w stosunku do wszystkich środowisk w najwyższym procen-

cie zaliczono do 1, 2 i 3 rangi charakteryzowały się najwyższą rolniczą stabilnością. W związku z tym najbardziej pożądanymi odmianami były Baldur, Titan i Kronos.

Tabela 6

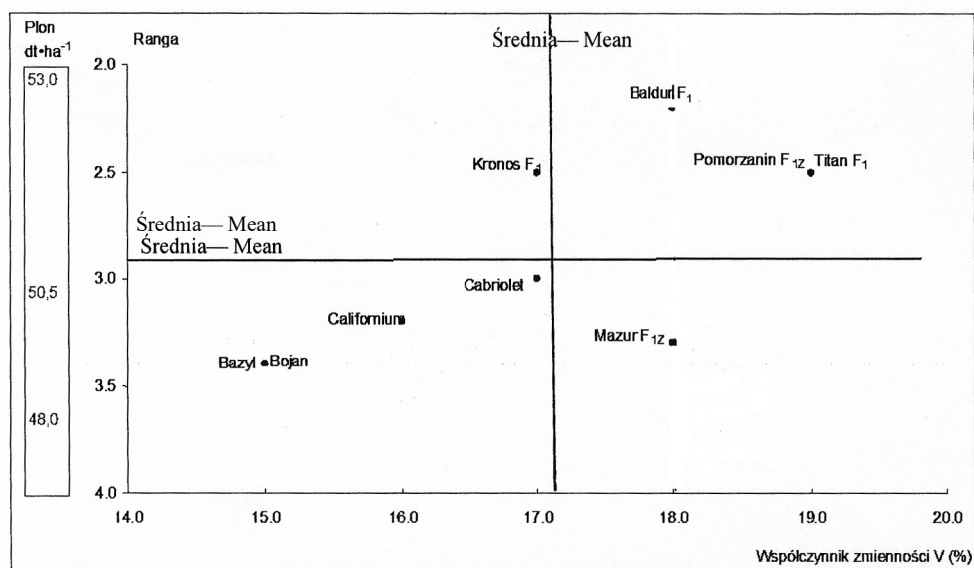
Współczynniki zmienności, wartości rang R_D oraz % środowisk, w których odmiany wystąpiły w poszczególnych rangach (grupach jednorodnych)
Yield of winter oilseed rape cultivars and proportions of particular ranks

Odmiana Cultivar	Poziom agrotechniki Variant	Plon Yield (dt/ha)	Współ. zm. Coefficient of variability (V%)	Ranga Rank	% udział odmiany w środowiskach Proportion of cultivar in environments			
					ranga 1	ranga 2	ranga 3	pozostałe rangi remaining ranks
Baldur F ₁	a ₁	47,8	18,6	2,2	35	30	35	
	a ₂	53,2	18,0	2,2	53	29	12	6
Titan F ₁	a ₁	47,3	17,6	2,4	29	47	12	12
	a ₂	52,6	19,0	2,5	41	18	24	7
Kronos F ₁	a ₁	47,1	21,0	2,6	35	24	24	17
	a ₂	52,3	17,0	2,5	29	24	41	6
Cabriolet	a ₁	46,9	17,0	2,7	53	6	12	29
	a ₂	50,9	17,0	3,0	47	6	12	35
Californium	a ₁	45,5	20,1	3,1	29	18	18	35
	a ₂	49,9	16,0	3,2	12	24	29	35
Bojan	a ₁	45,6	17,8	3,2	35	12	12	41
	a ₂	49,5	15,0	3,4	29	12	18	41
Pomorzanin F _{1Z}	a ₁	44,6	21,4	3,3	24	18	24	35
	a ₂	52,6	19,0	2,5	41	18	23	18
Mazur F _{1Z}	a ₁	44,4	18,2	3,2	6	41	18	35
	a ₂	49,3	18,0	3,3	12	23	23	42
Bazyl	a ₁	43,6	21,3	3,7	24	12	6	58
	a ₂	49,5	15,0	3,4	29	12	18	41



Rys. 1. Położenie odmian rzepaku w układzie współrzędnych, rangi R_D i współczynnika zmienności na standardowym poziomie agrotechniki

Fig. 1. Yield stability of winter oilseed rape cultivars based on ranks and coefficient of variability in standard variant of cultivation



Rys. 2. Położenie odmian w układzie współrzędnych: rangi (R_D) i współczynnika zmienności (V) na intensywnym poziomie agrotechniki

Fig. 2. Yield stability of rye cultivars based on ranks and coefficient of variability in intensive variant of cultivation

Metoda Rang Grup Jednorodnych i współczynnika zmienności bierze pod uwagę dwa mierniki: rangę odmiany ze względu na plon (R_D) oraz współczynnik zmienności (V) i w związku z tym pozwala na ocenę rolniczej stabilności odmiany. Na rysunkach 1 i 2 przedstawiono położenia odmian w układzie współrzędnych dla rangi i współczynnika zmienności. W warunkach standardowej uprawy (a_1) do najbardziej stabilnych zaliczono mieszańce Titan i Baldur oraz odmianę populacyjną Cabriolet. W uprawie intensywnej (a_2) najwyższą stabilnością cechowała się odmiana Kronos, natomiast mieszańiec Baldur był mniej stabilny, ale wyżej plonował.

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

Stwierdzono istotny wpływ warunków glebowo-klimatycznych na plonowanie badanych odmian rzepaku ozimego w latach 2005–2007.

1. Metody parametryczne dały różne oceny odmian pod względem ich stabilności. Mierniki uzyskiwane za pomocą tych metod nie są na ogół istotnie skorelowane z plonem. Wskazują na biologiczną stabilność i można je zalecać do stosowania w przypadku większego zainteresowania stabilnością niż plonem.
2. Według metody Eberharta i Russella odmiany mieszańcowe Baldur i Kronos oraz populacyjne Bazyl i Californium są bardziej dostosowane do lepszych warunków

- środowiska. Na podstawie wariancji S_{di}^2 , stwierdzono również, że odmiana mieszańcowa Kronos i populacyjna Bazyl odznaczają się wysoką stabilnością.
3. Metody Kanga oraz Rang Grup Jednorodnych wykazują wysoką współzależność z plonem i dlatego można je polecać do oceny rolniczej stabilności plonowania odmian.
 4. Wyniki analizy za pomocą metody Rang Grup Jednorodnych wskazują na odmiany mieszańcowe Baldur i Titan, które charakteryzowały się niższymi współczynnikami zmienności, świadczącymi o ich wysokiej stabilności. W warunkach intensywnej uprawy można również wyróżnić odmianę Kronos.

LITERATURA

- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1 — 23.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years I. Theory. *Biul. Oc. Odm.* 10: 35 — 71.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oc. Odm.* 10: 35 — 71.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.* 6: 36 — 40.
- Gauch H. G. 1992. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, London.
- Hanson W. D. 1970. Genotypic stability. *Theor. Appl. Gen.* 40: 226 — 231.
- Hühn M. 1990 a. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1. Theory. *Euphytica* 47: 189 — 194.
- Hühn M. 1990 b. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 2. Application. *Euphytica* 47: 195 — 201.
- Hühn M. 1996. Nonparametric analysis of genotype $\times$ environment interaction by ranks. In: Kang M. S., Gauch H. G. (eds.). *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA: 213 — 228.
- Kang M. S. 1988. A rank sum method for selecting high yielding and stable crop genotypes. *Cereal Res. Commun.* 16: 113 — 115.
- Lin C. S., Butler G. 1990. Cluster analysis for analyzing two way classification data. *Agronomy J.* 82: 344 — 348.
- Mohammadi R., Abdulahi A., Haghparast R., Armian M. 2007. Interpreting genotype $\times$ environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. *Euphytica* 157: 239 — 251.
- Sabaghania N., Deghni H., Sabaghpour. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype $\times$ environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 — 1106.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Scapim C. A., Oliveira V. R., Braccini A. L., Cruz C. D., Andrade C. A. B., Vidigal M. C. G. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Hühn models. *Genet. Mol. Biol.* 23: 387 — 393.
- Thennarasu K. 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D. thesis. P. J. School, IARI, New Delhi, India.
- Wricke G. 1962. Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Z. Pflanzenzüchtung* 47: 92 — 96.
- Zobel R. W., Wright M. J., Gauch H. G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy J.* 80: 388 — 393.

TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ¹JERZY NAWRACAŁA¹JAN BOCIANOWSKI²¹ Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Analiza genetyczna cech ilościowych pokolenia F₁ rzepaku jarego (*Brassica napus* L.)

Genetic analysis of quantitative traits of F₁ generation of spring rape (*Brassica napus* L.)

Przeprowadzono krzyżowanie dialleliczne (typ II wg Griffinga, 1956) pomiędzy 8 liniami wsobnymi (S₆) rzepaku jarego. Linie te wyselekcjonowano z 30 linii hodowlanych (SHR Borowo) w oparciu o wyniki wielozmiennej analizy wariancji. Doświadczenie polowe z genotypami rodzicielskimi oraz z mieszańcami F₁ przeprowadzono w latach 2002–2003. Wykonano analizę genetyczną dziewięciu cech ilościowych. Dla wszystkich badanych cech w obu latach doświadczenia istotne statystycznie (na poziomie $\alpha = 0,01$) okazały się efekty związane z addytywnym działaniem genów. Istotność dominowania obserwowano prawie wyłącznie w pierwszym roku doświadczenia. Współczynniki odziedziczalności analizowanych cech różniły się znacznie w obu latach doświadczenia: w drugim roku były one zawsze niższe. Najwyższe wartości współczynników h^2 stwierdzono dla wysokości roślin (0,71 w 2003 r. i 0,30 w 2002 r.), natomiast najniższe dla liczby łuszczyń z rośliny (odpowiednio 0,19 i 0,05).

Słowa kluczowe: analiza genetyczna, diallel, rzepak jary

Diallel crosses (Griffing's type II) between 8 inbred lines of spring rape were made. The lines were selected from 30 breeding lines (SHR Borowo) based on the results of multivariate analysis of variance. Field experiments with parental genotypes and F₁ hybrids were carried out in the years 2002 and 2003. Genetic analysis of nine quantitative traits was done. Significant effects of additive genes were found for all of the evaluated traits and for both years of the experiment. Significant dominance effects were only observed in the first year of investigations. Coefficients of heritability differed greatly between years of the experiment. These were always lower in the second year. The highest values of heritability were found for plant height (0.71 in 2003 and 0.30 in 2002), whereas the lowest ones were recorded for the number of pods per plant (0.19 and 0.05, respectively).

Key words: diallel, genetic analysis, spring rape

WSTĘP

Rzepak jary (*Brassica napus* L.) jest najważniejszym w warunkach klimatycznych Polski jarym gatunkiem oleistym, szczególnie po ostrej zimie i wymarznieniu rzepaku

ozimego. Znaczenie gospodarcze rzepaku jarego w Polsce jest mniejsze niż rzepaku ozimego, głównie za sprawą niższego plonowania, dużej wrażliwości na suszę oraz podatność na choroby i szkodniki. Plantacje rzepaku jarego zlokalizowane są na ogół we wschodnich oraz południowych — podgórskich rejonach kraju, gdzie przebieg zimy stwarza znaczne ryzyko wymarznienia rzepaku ozimego. Nasiona rzepaku jarego użytkuje się, podobnie jak rzepaku ozimego, głównie jako surowiec dla przemysłu tłuszczowego i paszowego. W krajach Europy Zachodniej rzepak jary staje się coraz bardziej popularny, a i w Polsce zarejestrowano w ostatnich latach wiele interesujących odmian populacyjnych i mieszańcowych. Trudno spodziewać się, żeby rzepak jary stanowił w Polsce poważną konkurencję dla rzepaku ozimego, jednak jego uprawa na powierzchni kilkudziesięciu tysięcy hektarów stanowiłaby pewne zabezpieczenie surowcowe dla przemysłu olejarskiego (Wałkowski, 1997).

Rzepak (zarówno ozimy jak i jary) charakteryzuje się niewielką zmiennością genetyczną a brak w naturze dzikich przodków tego gatunku utrudnia proces hodowli. Efektywność hodowli zależy przede wszystkim od właściwego doboru materiału wyjściowego, co wiąże się ze znajomością zmienności genetycznej (przede wszystkim cech ilościowych) i sposobów dziedziczenia interesujących hodowcę cech. Prac dotyczących tych zagadnień u rzepaku jarego było stosunkowo mało (Chay i Thurling, 1989), a analizy oparte na krzyżowaniu diallelicznym dotyczyły głównie ogólnej zdolności kombinacyjnej i heterozji (Łuczkiwicz i in., 2006) lub innych cech niż komponenty plonu (Dahanayake i Galwey, 1999).

Celem badań była charakterystyka zmienności cech linii wsobnych rzepaku jarego, którymi dysponuje polska hodowla tego gatunku oraz analiza genetyczna mieszańców F_1 .

MATERIAŁ I METODY

Na podstawie obserwacji 30 linii wsobnych (S_6) rzepaku jarego, otrzymanych z Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o., Zakładu Doświadczalnego w Borowie, przeprowadzonych w 1999 i 2000 roku wybrano 8 linii najbardziej różniącymi się pod względem kilkunastu cech. Wyboru linii do doświadczenia polowego dokonano na podstawie wielozmiennej analizy wariancji (MANOVA). Pomiędzy wybranymi liniami wykonano w latach 2000 i 2001 (w szklarni) krzyżowanie dialleliczne (typ II wg Griffinga, 1956) — uzyskując łącznie 56 mieszańców.

Mieszańce F_1 zostały wysiane w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Akademii Rolniczej w Dłoni w latach 2002 i 2003. Doświadczenia polowe zostały założone w układzie częściowo zrównoważonej kraty kwadratowej (Cochran i Cox, 1957) z 64 obiektami (8 linii rodzicielskich i 56 mieszańców F_1) w czterech powtórzeniach. Każde doświadczenie składało się z 256 poletek jednorzędowych długości 1 m. Zastosowano rozstaw pomiędzy rzędami -0,5 m. W każdym rzędzie analizowano 15 roślin. Podczas wegetacji roślin i po zbiorze przeprowadzono pomiary biometryczne roślin: średnicy szyjki korzeniowej, wysokości rośliny, liczby rozgałęzień pierwszego rzędu, wysokości do pierwszego rozgałęzienia, liczby łuszczyń z rośliny, liczby nasion z rośliny, masy nasion z rośliny, masy 1000 nasion i liczby nasion w łuszczyźnie.

Wykorzystując program DGH2 (Kala i in., 1996) obliczono komponenty genetyczne, dziedziczalność oraz spodziewany postęp genetyczny.

WYNIKI I DYSKUSJA

Zmienność fenotypowa rzepaku uwarunkowana jest głównie przez genotyp rośliny oraz efekty interakcji genotyp $\times$ środowisko (Grami i Stefansson, 1977; Hu, 1987; Brandle i McVetty, 1988). Uwarunkowania genetyczne cech ilościowych są często trudne do ustalenia i dają niejednoznaczne wyniki. W przeprowadzonych doświadczeniach stwierdzono, że addytywne działanie genów było istotne w obu latach doświadczenia dla wszystkich badanych cech, a uwarunkowanie tych cech było zgodne z modelem addytywno – dominującym Mathera (tab. 1).

Tabela 1

Analiza wariancji komponentów genetycznych dziewięciu cech rzepaku jarego w pokoleniu F₁ (w latach 2002 i 2003)

Analysis of variance of genetic components for nine traits of spring rape in F₁ generation (years 2002 and 2003)

Cecha Trait	Parametr Parameter	Rok Year	Dominowanie Dominance	Jeden kierunek One direction	Asymetria Asymmetry	Addytywność Additivity
Średnica szyjki korzeniowej Root neck diameter		2002	0,01**	0,11**	0,01*	0,09**
		2003	0,02	0,06	0,01	0,12**
Wysokość rośliny Plant height		2002	38,26**	317,53**	10,57	450,38**
		2003	54,26**	474,77**	75,30**	156,90**
Liczba rozgałęzień I rzędu Number of branches		2002	0,97**	7,41**	0,70*	4,79**
		2003	0,75	2,76	0,42	1,72*
Wysokość do I rozgałęzienia Height to the first branch		2002	14,76**	9,95	12,60*	97,15**
		2003	10,40**	37,62**	11,74*	28,77**
Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant		2002	517,11*	5054,28**	215,44	1046,07**
		2003	718,35*	5930,53**	876,33	737,70
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant		2002	2,76**	3,25**	6278,02	8,22**
		2003	5,44	4,59**	7,01	1,86**
Masa nasion z rośliny Seeds weight per plant		2002	1,36**	14,63**	0,29	5,37**
		2003	3,55	29,98**	4,49	11,17**
MTN 1000 seeds weight		2002	0,14**	0,29*	0,07	1,56**
		2003	0,23	1,21*	0,20	0,75**
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per pod		2002	1,22	3,59	0,46	4,41**
		2003	1,16	4,88*	1,94	6,99**

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

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

Wykazano również, że dominowanie, dominowanie jednokierunkowe, addytywność były statystycznie istotne w dziedziczeniu zdecydowanej większości cech w obu latach doświadczenia (szczególnie w pierwszym roku badań). Dominowanie nie było statystycznie istotne dla liczby nasion w łuszczyńce w obu latach badań, natomiast w 2003 roku istotności dominowania nie wykazano dla średnicy szyjki korzeniowej, liczby rozgałęzień I rzędu, liczby nasion z rośliny, masy nasion z rośliny oraz MTN.

Dominowanie jednokierunkowe było nieistotne jedynie dla wysokości do I rozgałęzienia i liczby nasion w łuszczyń w 2002 roku oraz średnicy szyjki korzeniowej i liczby rozgałęzień I rzędu w drugim roku badań. Asymetria w rozkładzie genów warunkujących analizowane cechy ilościowe u form rodzicielskich była istotna w 27% rozpatrywanych (cechy $\times$ lata) przypadków. Ocena średniego stopnia dominowania wskazywała, że w zależności od badanej cechy stopień dominacji był różny: największy dla średnicy szyjki korzeniowej w pierwszym roku doświadczenia (1,88), najmniejszy dla liczby nasion w łuszczyń (0,34) (tab. 2).

Tabela 2

Analiza komponentów genetycznych Mathera, odziedziczalność i spodziewany postęp genetyczny dla 9 cech rzepaku jarego w pokoleniu F₁ krzyżówek diallelicznych (2002 i 2003 r.)
Analysis of Mather's genetic components, heritability and expected genetic gain for nine spring rape traits in F₁ generation of diallel crosses (years 2002 and 2003)

Parametr Parameter	Cecha Trait	Średnica szyjki korze- niowej Root Neck diameter	Wysokość Rośliny Plant height	Liczba rozgałęzień I rzędu Number of branches	Wysokość do I rozgałęzie- nia Height to the first branch	Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant	Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	Masa nasion z rośliny Seeds weight per plant	MTN 1000 seeds weight	Liczba nasion w łuszczyń Number of seeds per plant
D		0,01	123,12	0,53	14,04	244	7919	0,51	0,23	1,01
	X		147,22	X	8,81	324	21500	1,22	X	X
F		-0,01	14,82	-0,27	-3,44	1,44	-14710	-0,95	-0,15	-0,23
	X		152,55	X	7,84	564	6186	0,42	X	X
H ₁		0,02	64,40	1,76	24,42	412	22640	1,15	0,13	0,12
	X		99,41	X	15,39	810	44070	2,91	X	X
H ₂		0,02	61,94	1,43	18,94	464	28100	1,42	0,13	0,50
	X		60,82	X	10,47	503	23500	1,60	X	X
H ²		0,05	138,92	3,24	4,35	2211	142200	6,40	0,13	1,57
	X		207,71	X	16,46	2595	201000	13,11	X	X
Średni stopień dominacji		1,88	0,72	1,82	1,32	1,30	1,69	1,50	0,74	0,34
Mean dominance	X		0,82	X	1,32	1,58	1,43	1,55	X	X
Odziedziczalność w wąskim sensie		0,51	0,71	0,48	0,53	0,19	0,29	0,37	0,64	0,28
Heritability in narrow sense	X		0,30	X	0,27	0,05	0,27	0,25	X	X
Odziedziczalność w szerokim sensie		0,73	0,91	0,78	0,75	0,43	0,54	0,59	0,75	0,36
Heritability in broad sense	X		0,57	X	0,52	0,25	0,36	0,35	X	X
Spodziewany postęp genetyczny (20%)		0,1	14,5	1,0	4,6	13,7	109,8	0,9	0,6	0,7
Expected genetic gain (20%)	X		10,5	X	2,7	10,0	127,0	1,0	X	X

X — Brak możliwości wyznaczania charakterystyk genetycznych; zmienność związana z błędem jest większa od zmienności rodziców; No possibilities to calculate genetic characteristics; variability of error is higher than variability of parents

D — Komponent addytywny; Additivity

F — Komponent nieaddytywny; Nonadditivity

H₂ — Dominacja; Domination

H² — Dominacja jednokierunkowa; One directional dominatio

Średni stopień dominacji w dziedziczeniu dziewięciu cech był w obu latach zbliżony. W 2003 roku oszacowanie średniego stopnia dominacji nie było możliwe dla 4 cech ponieważ średni kwadrat dla błędu był większy od średniego kwadratu dla linii rodzicielskich. Naddominacja ($H_1 > 0$) wystąpiła w dziedziczeniu wszystkich badanych cech w pierwszym roku doświadczenia oraz w drugim roku doświadczenia (dla cech, dla których istniała możliwość wyznaczenia charakterystyk genetycznych). Wykonane obliczenia wykazały, że cechy: wysokość rośliny (2002 i 2003), masa tysiąca nasion i liczba nasion w łuszczyńce (2002 r.) uwarunkowane są przez geny addytywne i geny wykazujące częściową dominację ($H_2 < D$). Zhang i wsp. (1996) stwierdzili, że masa 1000 nasion oraz plon nasion rzepaku były kontrolowane zarówno przez genotyp nasion (tj. efekty addytywne i związane z dominowaniem) oraz efekty mateczne.

Oszacowanie współczynników odziedziczalności dla wszystkich analizowanych cech było możliwe w pierwszym roku doświadczenia. W drugim roku doświadczenia dla czterech (z 9) cech średni kwadrat dla błędu był większy od średniego kwadratu dla linii rodzicielskich, co uniemożliwiło obliczenia h^2 . Współczynniki odziedziczalności (zarówno w szerokim, jak i wąskim sensie) oszacowane w pierwszym roku doświadczenia były zawsze wyższe aniżeli w drugim roku doświadczenia (tab. 2). Najwyższe wartości odziedziczalności w wąskim sensie stwierdzono dla wysokości roślin i masy 1000 nasion (w 2002 roku). Najniższe wartości współczynnika odziedziczalności stwierdzono dla liczby łuszczyń i liczby nasion z rośliny (w obu latach doświadczenia).

Wyniki spodziewanego postępu genetycznego wskazują że w badanej populacji rzepaku jarego możliwa jest zmiana takich cech, jak: wysokość roślin, wysokość do pierwszego rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny oraz masa nasion z rośliny (przy założeniu selekcji 20% roślin wykazujących najwyższe wartości cechy).

Postęp genetyczny dla wymienionych cech był podobny w obydwu latach doświadczenia.

WNIOSKI

1. Analiza wariancji umożliwiła wyznaczenie charakterystyk genetycznych dla wszystkich badanych cech w pierwszym roku doświadczenia i dla 5 (z 9) cech w drugim roku doświadczenia.
2. Stwierdzono addytywne działanie genów w dziedziczeniu badanych cech w obu latach doświadczenia.
3. Dominowanie było statystycznie istotne w dziedziczeniu wszystkich cech ilościowych w pierwszym roku doświadczenia (poza liczbą nasion w łuszczyńce). Było to najczęściej dominowanie jednokierunkowe.
4. Współczynniki odziedziczalności różniły się w zależności od roku doświadczenia i analizowanej cechy. Najwyższe współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie otrzymano dla wysokości rośliny ($h^2 = 0,71$ i $0,30$) i wysokości do I rozgałęzienia ($0,53$ i $0,27$) — (odpowiednio w roku 2002 i 2003).

5. Spodziewany postęp genetyczny (przy 20% wyselekcjonowanych roślin) jest możliwy przy selekcji takich cech, jak: wysokość roślin, wysokość do I rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny oraz masa nasion z rośliny.

LITERATURA

- Chay P., Thurling N. 1989. Identification of genes controlling pod length in spring rapeseed, *Brassica napus* L., and their utilization for yield improvement. *Plant Breeding* 103 (1): 54 — 62.
- Cochran W. G., Cox G. M. 1957. *Experimental design*. John Wiley Inc. New York.
- Dahanayake S. R., Galwey N. W. 1999. Diallel analysis of vernalisation responses in spring rape (*Brassica napus* L.): a basis for adaptation to a Mediterranean environment. *Australian J. Agric. Research* 50 (8):1417 — 1424.
- Brandle J. E., McVetty P. B .E. 1988. Effects of inbreeding and estimates of additive genetic variance within seven summer oilseed rape cultivars. *Genome* 32: 115 — 119.
- Grami B., Stefansson B. R. 1977. Paternal and maternal effects on protein and oil content in summer rape. *Canadian Journal of Plant Science* 57: 945 — 949.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463 — 492.
- Hayman B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789 — 809.
- Hu Z. L. 1987. Genetic analysis on several quality traits in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Oil Crops of China* 1: 19—22.
- Łuczkiwicz T., Nawracała J., Dyba S., Bączkiewicz B., Bocianowski J. 2006. Ocena efektów GCA, SCA i heterozji kilku cech linii hodowlanych rzepaku jarego. *Prace z zakresu nauk rolniczych PTPN*. 100: 191 — 199.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1996. DGH2 — system analiz statystycznych dla potrzeb Doświadczeń Genetyczno-Hodowlanych wersja 2.0.
- Wałkowski T. 1997. *Rzepak jary*. IHAR Poznań.
- Zhang S. F., Song W. G., Ren L. J., Tian B. M., Wen Y. C., Liu J. M., Wang J. P. 1996. Studies on hereditary capacity of quantitative characters and gene effects of CMS double low *Brassica napus*. *Oil Crops of China* 3: 1 — 3.

JAN BOCIANOWSKI¹**HENRYK BRZESKWINIEWICZ**¹**TADEUSZ LUCZKIEWICZ**²¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Wpływ doboru testerów na ocenę efektów GCA linii wsobnych rzepaku jarego

Influence of testers selection on estimation of GCA effects in spring oilseed rape inbred lines

Analiza hodowlana może być zrealizowana poprzez zastosowanie odpowiednich schematów krzyżowań form rodzicielskich. U gatunków obcopylnych, gdy dysponujemy znaczną liczbą linii wsobnych prowadzi się doświadczenia z mieszańcami otrzymanymi w wyniku krzyżowania typu linia $\times$ tester. Możliwe jest wówczas przetestowanie większej liczby linii aniżeli w krzyżowaniach diallelicznych. Istotnym jednak problemem jest wybór odpowiednich testerów, które najlepiej będą różnicować badane linie wsobne pod względem analizowanej u mieszańców cechy. W omawianej pracy jako przykład stanowiły wyniki czterech doświadczeń polowych z rzepakiem jarym. W każdym doświadczeniu oceniano w pokoleniu F_1 efekty GCA sześciu linii wsobnych krzyżowanych z dwoma testerami (także liniami wsobnymi). W pracy przedstawiono wyniki dla masy nasion z rośliny. Na podstawie przeprowadzonych analiz można wskazać testera G49, który w największym stopniu różnicował badane linie wsobne rzepaku jarego pod względem masy nasion z rośliny.

Słowa kluczowe: GCA, linia $\times$ tester, masa nasion z rośliny, rzepak jary

Breeding values of important agricultural traits can be obtained e.g. by application of suitable schemes of crossing parental forms. If the number of inbred lines is great, experiments with hybrids obtained from line $\times$ tester crosses are usually performed. In this procedure, a number of inbred lines tested is higher than that using diallel crosses. However, selection of testers differentiating the analyzed inbred lines in respect of interested trait is often a large problem. In this work we deal with the results from four field experiments with spring rape. We analyzed GCA effects of six inbred lines in F_1 generation after crosses with two testers (also inbred lines). The paper shows the results for seed weight per plant. Statistical analysis allowed to distinguish tester G49 as the most useful in differentiation of inbred lines in respect of this trait.

Key words: GCA, line $\times$ tester, seeds weight per plant, spring rape

WSTĘP

Największym problemem w hodowli heterozyjnej jest znalezienie najlepszych genotypów rodzicielskich do krzyżowania, w wyniku którego w pokoleniu F_1 mieszańców

otrzymujemy heterozję interesującej hodowcę cechy (najczęściej plonu). Wyboru rodziców dokonuje się poprzez ocenę ogólnej zdolności kombinacyjnej linii wsobnych (GCA), a następnie swoistej zdolności kombinacyjnej par linii (SCA).

Jednym ze sposobów oceny efektów GCA jest krzyżowanie typu linia $\times$ tester. Analiza doświadczeń polowych, w których obiektami są mieszańce powstałe z takich krzyżówek umożliwia wybór najlepszych linii do krzyżowania diallelicznego mającego na celu oszacowanie SCA.

Istotnym zagadnieniem w krzyżówkach linia $\times$ tester jest znalezienie odpowiednich testerów, które w największym stopniu różnicowałyby linie wsobne pod względem cechy (cech) będącej przedmiotem zainteresowania hodowcy. Użycie zróżnicowanych form rodzicielskich jako testerów powoduje pewną poprawę średniej dla populacji (Rawlings i Thompson, 1962). Allison i Curnow (1966) sugerują użycie odmian niskoplonujących jako testerów. Niektórzy autorzy proponują użycie jako testerów mieszańców heterozygicznych (Horner i in., 1976) lub linii wsobnych (Russell i Eberhart, 1975). W programach hodowlanych wykorzystuje się zazwyczaj 2–3 testery bez względu na realizowany program hodowlany. Testery powinny także (poza różnicowaniem rozpatrywanej przez hodowcę cechy) dawać u mieszańców zbliżone wyniki w oszacowaniu GCA linii.

Użycie testerów jest szczególnie udokumentowane w badaniach nad kukurydzą (Jenkins i Brunson, 1932; Matzinger, 1953; Rawlings i Thompson, 1962; Allison i Curnow, 1966; Hallauer, 1975; Hallauer i Miranda, 1988; Russell i in., 1992; Menz i in., 1999). Autorzy ci wnioskują, iż wybór najlepszych testerów powinien wynikać z łatwości ich zastosowania, zdolności klasyfikowania wartości linii, maksymalizacji korzyści genetycznych oraz podniesienia spodziewanego średniego plonu populacji generowanej użyciem wybranych odmian. Jednakże, trudne jest zidentyfikowanie testerów mających powyższe właściwości.

Celem niniejszej pracy była ocena wpływu doboru testerów na ocenę efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej linii wsobnych rzepaku jarego. Do realizacji celu pracy zastosowano metodę opartą na zmodyfikowanym efekcie ogólnej zdolności kombinacyjnej oraz przedstawiono wyniki dotyczące masy nasion z rośliny rzepaku jarego.

MATERIAŁ I METODY

W wyniku wcześniejszych doświadczeń polowo-szklarniowych z rzepakiem jarym (*Brassica napus* L.) przeprowadzonych w Stacji Hodowli Strzelce w latach 1999 i 2000 wybrano osiem z trzydziestu genotypów: G04, G19, G32, G43, G49, G51, G58 oraz G62. Były one najbardziej zróżnicowane ze względu na dziewięć obserwowanych cech. Selekcja linii została przeprowadzona na podstawie wyników wielozmiennej analizy wariancji. Te osiem genotypów posłużyło do przeprowadzenia czterech doświadczeń z mieszańcami otrzymanymi w wyniku krzyżowania typu linia $\times$ tester. W każdym z doświadczeń analizowano mieszańce będące wynikiem skrzyżowania sześciu linii z dwoma testerami. W doświadczeniu 1 (DOŚW1) testerami były genotypy G58 i G62, w doświadczeniu 2 (DOŚW2) — G49 i G51, w doświadczeniu 3 (DOŚW3) — G32 i G43, a w doświadczeniu 4 (DOŚW4) — G04 oraz G19.

Doświadczenia polowe z mieszańcami pokolenia F_1 założono w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy) w Dłoni. Doświadczenia przeprowadzono w 2003 roku w ośmiu powtórzeniach w układzie bloków niekompletnych z grupowo podzielnymi obiektami (GD) o parametrach $v = 12$, $b=12$, $r = 8$, $k = 8$, $\lambda_1 = 6$, $\lambda_2 = 5$. Układem GD o parametrach $v, b, r, k, \lambda_1, \lambda_2$ nazywamy taki plan doświadczenia, w którym v obiektów jest rozmieszczonych w b blokach o stałej pojemności k , przy czym każdy obiekt jest replikowany r razy i w danym bloku może wystąpić co najwyżej raz. Ponadto, obiekty można podzielić na grupy o określonej liczebności każdą tak, że każda para obiektów z tej samej grupy spotyka się w λ_1 blokach, a każda para obiektów z różnych grup spotyka się w λ_2 blokach (Brzeskwiniewicz i Łuczkiwicz, 2000). Nasiona mieszańców wysiano na poletkach jednorzędowych o długości 1 m. Zastosowano rozstaw między rzędami 0,5 m. Do opracowań biometrycznych wybrano losowo 10 roślin z każdego poletka. W pracy przedstawiono wyniki dotyczące masy nasion z rośliny.

Efekt potomstwa γ_{ij} będącego wynikiem skrzyżowania i -tej linii z j -tym testerem można wyrazić za pomocą następującego modelu liniowego:

$$\gamma_{ij} = m + g_i + q_j + s_{ij}, i = 1, 2, \dots, l; j = 1, 2, \dots, t,$$

gdzie m jest średnią ogólną, g_i jest efektem ogólnej zdolności kombinacyjnej dla i -tej linii, q_j jest efektem ogólnej zdolności kombinacyjnej dla j -tego testera, s_{ij} jest efektem specyficznej zdolności kombinacyjnej dla i -tej linii i j -tego testera.

Powyższe efekty mogą być zdefiniowane jako (patrz np. Ceranka i Kaczmarek, 1995):

$$\begin{aligned} g_i &= \frac{1}{t} \gamma_{i\bullet} - \frac{1}{lt} \gamma_{\bullet\bullet} \\ q_j &= \frac{1}{l} \gamma_{\bullet j} - \frac{1}{lt} \gamma_{\bullet\bullet} \\ s_{ij} &= \gamma_{ij} - g_i - q_j - \frac{1}{lt} \gamma_{\bullet\bullet}, \end{aligned} \quad (1)$$

gdzie

$$\gamma_{i\bullet} = \sum_{j=1}^t \gamma_{ij}, \gamma_{\bullet j} = \sum_{i=1}^l \gamma_{ij}, \gamma_{\bullet\bullet} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^t \gamma_{ij}.$$

Dobroć testerów w poszczególnych doświadczeniach oceniano za pomocą zmodyfikowanego efektu ogólnej zdolności kombinacyjnej zaproponowanego przez Brzeskwiniewicza i Łuczkiwicza (2002):

$$g_i^u = \frac{1}{t_1} \gamma_{i(\bullet)} - \frac{1}{lt} \gamma_{\bullet\bullet}, \quad (2)$$

gdzie $\gamma_{i(\bullet)} = \sum_{j=1}^{t_1} \gamma_{ij}$ z $t_1 < t$.

Z (1) oraz (2) mamy:

$$g_i^u = \frac{1}{t_1} \sum_{j=1}^{t_1} (g_i + q_j + s_{ij}), \quad (3)$$

i stąd estymator g_i^u może być wyrażony jako

$$\hat{g}_i^u = \frac{1}{t_1} \sum_{j=1}^{t_1} (\hat{g}_i + \hat{q}_j + \hat{s}_{ij}), \quad (4)$$

gdzie $\hat{g}_i = \frac{1}{t} \hat{\gamma}_{i\bullet} - \frac{1}{lt} \hat{\gamma}_{\bullet\bullet}$, $\hat{q}_j = \frac{1}{l} \hat{\gamma}_{\bullet j} - \frac{1}{lt} \hat{\gamma}_{\bullet\bullet}$ i $\hat{s}_{ij} = \hat{\gamma}_{ij} - \hat{g}_i - \hat{q}_j - \frac{1}{lt} \hat{\gamma}_{\bullet\bullet}$ dla $i = 1, 2, \dots, l; j = 1, 2, \dots, t$.

Z (2) można wyrazić alternatywnie formułę dla $\hat{g}_i^u$

$$\hat{g}_i^u = \frac{1}{t_1} \hat{\gamma}_{i(\bullet)} - \frac{1}{lt} \hat{\gamma}_{\bullet\bullet}, \quad (5)$$

gdzie $\hat{\gamma}_{i(\bullet)} = \sum_{j=1}^{t_1} \hat{\gamma}_{ij}$ i $\hat{\gamma}_{\bullet\bullet} = \sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^t \hat{\gamma}_{ij}$.

Zauważmy, że $\hat{g}_i^u$ dany wzorem (4) i/lub (5) jest funkcją podzbioru wszystkich testerów. Dla danego t_1 mamy $\binom{t}{t_1}$ podzbiorów testerów i stąd liczba $\hat{g}_i^u$ jest równa $2^t - 2$, a z $\hat{g}_i$ jest równa $2^t - 1$. Otrzymujemy zatem $2^t - 1$ rankingów dla linii. Algorytm wyboru odpowiedniego rankingów zastosowany w niniejszej pracy nazwać można metodą mini-max. Został on dokładnie opisany w pracy Brzeskwiniewicza i Łuczkiewicza (2005).

WYNIKI

Dla każdego z czterech przeprowadzonych doświadczeń wykonano analizę wariancji dla masy nasion z rośliny rzepaku jarego w pokoleniu F_1 mieszańców. Jedynie w DOŚW4 nie było podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej o braku różnic pomiędzy obiektami (tab. 1). W tabeli 2 przedstawiono wartości średnie dla masy nasion z rośliny rzepaku z analizowanych doświadczeń. Wynika z nich, że w poszczególnych doświadczeniach (z wyjątkiem DOŚW4) najwyższe wartości średnie otrzymano dla linii przy wykorzystaniu tego samego testera. W przypadku DOŚW1 była to linia G43 (średnie równe 11,62 i 17,60 dla, odpowiednio, testerów G58 i G61), a dla DOŚW2 i DOŚW3 była to linia G61 (wyniki przedstawiono w tabeli 2).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla masy nasion z rośliny mieszańców F₁ rzepaku jarego (wyniki z czterech doświadczeń)

Mean squares from analysis of variance for seeds weight per plant in F₁ spring oilseed rape hybrids (four experiments data)

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	DOŚW1 EXPER1	DOŚW2 EXPER2	DOŚW3 EXPER3	DOŚW4 EXPER4
Bloki Blocks	11	47,88	60,99	96,52	106,42
Genotypy Genotypes	11	74,36*	72,51**	75,32**	34,78
Błąd Residual	73	37,82	26,12	23,52	23,90

* Istotne na poziomie 0,05; Significant at level 0.05

** Istotne na poziomie 0,01; Significant at level 0.01

Tabela 2

Średnie wartości masy nasion z rośliny (w gramach) dla mieszańców F₁ rzepaku jarego (wyniki z czterech doświadczeń)

Mean values for seed weight per plant (in grams) in F₁ spring oilseed rape hybrids (four experiments data)

Linia Line	Testery — Testers							
	DOŚW1 EXPER1		DOŚW2 EXPER2		DOŚW3 EXPER3		DOŚW4 EXPER4	
	G58	G61	G49	G51	G32	G43	G04	G19
G04	9,44	6,75	7,29	5,58	6,12	9,07		
G19	11,40	9,83	13,06	9,04	7,48	12,89		
G32	7,28	9,13	11,14	7,35			6,16	9,87
G43	11,62	17,60	7,07	10,33			8,68	13,93
G49	9,51	15,73			9,75	6,56	9,64	11,47
G51	10,89	14,45			6,82	10,68	7,51	10,62
G58			9,95	10,09	8,81	11,79	11,27	11,74
G61			17,08	14,57	10,64	17,74	7,25	13,33

Z tabeli 3 i 4 możemy ocenić GCA^u dla linii w podzbiorze testerów. W tabeli 3 przedstawiono wartości uogólnionych GCA dla poszczególnych linii badanych w czterech doświadczeniach. Testerami najmniej różnicującymi badane linie, pod względem analizowanej cechy, były G04 i G19 (DOŚW4). Jest to wynik, którego należało się spodziewać w kontekście braku istotnych statystycznie różnic pomiędzy mieszańcami w doświadczeniu DOŚW4 (tabela 1). Doświadczenie DOŚW2 charakteryzowało się największym zróżnicowaniem g_i^u . Dlatego też w dalszej części pracy rozważano, który z dwu testerów użytych do krzyżowań w DOŚW2 bardziej różnicował analizowane linie. W tabeli 4 przedstawiono GCA^u dla linii otrzymanych w DOŚW2, gdzie $\hat{g}_i^u(G49)$ i $\hat{g}_i^u(G51)$ wynoszą, odpowiednio, $g_i^u(G49) = \hat{g}_i + \hat{q}_{G49} + \hat{s}_{iG49}$ i $g_i^u(G51) = \hat{g}_i + \hat{q}_{G51} + \hat{s}_{iG51}$.

Testerem najbardziej różnicującym linie w rozpatrywanych doświadczeniach jest G49.

Tabela 3

Zmodyfikowane efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej (g_i^u) dla masy nasion z rośliny rzepaku jarego (wyniki z czterech doświadczeń)

Effects of general combining abilities for seeds weight per spring rape plant after modification (g_i^u). Four experiments data

$\hat{g}_i^u$	DOŚW1 EXPER1	DOŚW2 EXPER2	DOŚW3 EXPER3	DOŚW4 EXPER4
G04	-3,0414	-3,7807	-2,2667	x
G19	-0,5245	0,8372	0,3243	x
G32	-2,9308	-0,965	x	-2,1105
G43	3,4743	-1,5087	x	1,1827
G49	1,4865	x	-1,7096	0,4362
G51	1,536	x	-1,1129	-1,0574
G58	x	-0,1914	0,437	1,3821
G61	x	5,6085	4,3279	0,1669
max-min	6,5157	9,3892	6,5946	3,4926

Najbardziej interesującym, pod względem masy nasion z rośliny, jest mieszańiec będący wynikiem skrzyżowania linii G61 z testerem G49. Natomiast najmniej obiecujący jest G04×G51 (tab. 4). Wyniki uzyskane w doświadczeniu 4 świadczą, iż zastosowane tam testery nie różnicowały badanych linii.

Tabela 4

Zmodyfikowane efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej (g_i^u) dla poszczególnych testerów w DOŚW2
Modified effects of general combining abilities (g_i^u) for each tester (Exper2)

$\hat{g}_i^u(G)$	Testery — Testers	
	$\hat{g}_i^u(G49)$	$\hat{g}_i^u(G51)$
G04	-2,9253	-4,6361
G19	2,8439	-1,1695
G32	0,9276	-2,8576
G43	-3,1394	0,122
G58	-0,2648	-0,118
G61	6,8636	4,3534
max-min	10,003	8,9895

DYSKUSJA

Efekt heterozji w pokoleniu F_1 występuje jedynie przy właściwym doborze komponentów rodzicielskich, najczęściej linii wsobnych, które otrzymuje się poprzez linie podwojonych haploidów lub na drodze chowu wsobnego. W wyniku takiego procesu uzyskuje się wysoce homozygotyczne linie. Ustalone linie o znanych wartościach kombinacyjnych mogą być wykorzystywane przez wiele lat do produkcji mieszańców F_1 . Podstawą doboru linii wsobnych do krzyżówek heterozyjnych jest ocena efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej, a następnie efektów swoistej zdolności kombinacyjnej. Efekty GCA mówią nam także o stopniu działania efektów addytywnych w kształtowaniu interesującej hodowcę cechy ilościowej (najczęściej plonu). Istotność efektów addytywnych wskazuje także czy efektywność selekcji w populacjach mieszańcowych wybranych linii

może być skuteczna. Właściwy dobór testerów w ocenie efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej ma kluczowe znaczenie w selekcji najlepszych linii rodzicielskich.

Przedstawione w pracy wyniki dotyczące oceny wpływu doboru testerów na ocenę efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej linii wsobnych rzepaku jarego traktowane są jako wstępne. Konieczna jest ich weryfikacja w doświadczeniach prowadzonych z większą liczbą linii i testerów, w kolejnych latach i być może w różnych lokalizacjach.

WNIOSKI

1. Tester G49 zastosowany w doświadczeniu DOŚW2 w największym stopniu różnicował linie wsobne rzepaku jarego pod względem masy nasion z rośliny.
2. Metoda oceny przydatności testerów do testowania efektów GCA linii wsobnych oparta na zmodyfikowanym efekcie ogólnej zdolności kombinacyjnej może być szczególnie przydatna w sytuacji, kiedy przedmiotem zainteresowania jest cecha, pod względem której zróżnicowanie genetyczne powszechnie stosowanych testerów jest niewielkie.

LITERATURA

- Allison J. C. S., Curnow R. W. 1966. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* 6: 641 — 644.
- Brzeskwiniewicz H., Łuczkiwicz T. 2000. Układy zrównoważone oraz z grupowo podzielonymi obiektami w doświadczeniach typu linia × tester. *Roczniki Akademii Rolniczej w Poznaniu CCCXXVIII – Rolnictwo* 59: 13 — 18.
- Brzeskwiniewicz H., Łuczkiwicz T. 2002. Modification of general combining abilities in line × tester crossing systems. *Scientific Paper of Agricultural University of Poznań, Agriculture* 3: 23—27.
- Brzeskwiniewicz H., Łuczkiwicz T. 2005. Some ranking of lines in line × tester crossing systems. *Colloquium Biometryczne* 35: 93—101.
- Ceranka B., Kaczmarek Z. 1995. Estymatory kombinowane efektów GCA i SCA w doświadczeniach linia × tester zakładanych w układach BIB. *Colloquium Biometryczne* 25: 381 — 394.
- Hallauer A. R. 1975. Relation of gene action and type of testers in maize breeding procedure. *Proc. Ann. Corn, Sorghum Res. Conf.* 30: 150 — 165.
- Hallauer A. R., Miranda J. B. 1988. *Quantitative genetics in maize breeding*. Iowa State Univ. Press Ames, USA.
- Horner E. S., Lundy W. H., Lutrick M. C., Chapman W. H. 1976. Comparison of three methods of recurrent selection in maize. *Crop Sci.* 16: 5 — 8.
- Jenkins M. T., Brunson A. M. 1932. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. *J. Am. Soc. Agron.* 24: 523 — 530.
- Matzinger D. F. 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. *Agron. J.* 45: 493 — 495.
- Menz M. A., Hallauer A. R., Russell W. A. 1999. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize population. *Crop Sci.* 39: 89 — 97.
- Rawlings J. O., Thompson D. I. 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Sci.* 2: 217 — 220.
- Russell W. A., Blackburn D. J., Lamkey K. R. 1992. Evaluation of modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. *Maydica* 37: 61 — 67.
- Russell W. A., Eberhart S. A. 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent selection and test selection programs. *Crop Sci.* 15: 1 — 4.

KATARZYNA PANKIEWICZ

WOJCIECH RYBIŃSKI

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Ocena zróżnicowania genetycznego i zawartości neurotoksyny β -ODAP w wybranych gatunkach z rodzaju *Lathyrus*

Estimation of genetic variability and of β -ODAP neurotoxin content in chosen species of the genus *Lathyrus*

Celem pracy było zbadanie zróżnicowania genetycznego pomiędzy wybranymi gatunkami z kolekcji rodzaju *Lathyrus* z wykorzystaniem polimorficznych losowo amplifikowanych fragmentów DNA oraz ocena zawartości kwasu β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionowego (β -ODAP). Materiał do badań stanowiły rośliny reprezentujące cztery gatunki: *L. sativus*, *L. cicera*, *L. tingitanus* i *L. gorgoni*. Przeprowadzono reakcję RAPD-PCR dla 28 dziesięcionukleotydowych starterów o losowej sekwencji, otrzymując polimorfizm na poziomie 97%. Obliczone współczynniki podobieństwa wg Nei'a pomiędzy gatunkami przyjmowały wartości od 0,21 dla pary *L. tingitanus* - *L. cicera* do 0,53 dla *L. sativus* - *L. cicera*. Najwyższe podobieństwo wewnątrz gatunków obserwowano u roślin z gatunku *L. sativus* (0,84), najmniejsze u *L. tingitanus* (0,38). Uzyskane wyniki przedstawiono w postaci dendrogramu. Analiza zawartości β -ODAP przeprowadzona została z wykorzystaniem specyficznej reakcji z aldehydem o-ftalowym (OPT) i pomiaru absorpcji przy 425 nm. Najwyższą zawartość neurotoksyny w suchej masie nasion wykryto u *L. tingitanus* i *L. gorgoni* wynosiła ona u obu tych gatunków ponad 1g/kg s.m. Ponad dwadzieścia razy niższą zawartość β -ODAP odnotowano u jednej z form kolekcyjnych należącej do gatunku *L. sativus*.

Słowa kluczowe: *Lathyrus*, β -ODAP, podobieństwo genetyczne, RAPD

The aim of the study was to estimate of genetic variability among species chosen from the *Lathyrus* collection with the use of polymorphic random amplified DNA fragments and to analyze β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionic acid content (β -ODAP) of seeds. Plants of four species: *L. sativus*, *L. cicera*, *L. tingitanus* and *L. gorgoni* were evaluated. RAPD-PCR reaction for twenty-eight 10- nucleotide primers (with random sequence) showed 97% polymorphism. Coefficients of genetic similarity, calculated according to Nei's method, ranged from 0.21 for a pair *L. tingitanus* - *L. cicera* to 0.53 for *L. sativus* - *L. cicera*. The highest intraspecies similarity was observed for accessions of *L. sativus* (0.84), and the lowest one for accessions of *L. tingitanus* (0.38). Content of β -ODAP neurotoxin was analyzed with the use of specific reaction with o-phthalaldehyde (OPT) and absorbance measured at by 425 nm. The highest content of neurotoxin in dry matter of seeds (1g/kg d.m.) was found in *L. tingitanus* and *L. gorgoni*. Comparatively, the content of neurotoxin recorded for seeds of one of the accessions derived from *L. sativus* was 20- fold lower.

Key words: genetic similarity, *Lathyrus*, β -ODAP, RAPD

WSTĘP

Rodzaj *Lathyrus* należący do rodziny *Fabaceae* obejmuje ponad 180 gatunków, zarówno jednorocznych jak i wieloletnich. W Polsce reprezentowany jest przez około 15 z nich, a do bardziej znanych należą: groszek pachnący (*Lathyrus odoratus* L.), groszek łąkowy (*Lathyrus pratensis* L.) i lędwian leśny (*Lathyrus sylvestris* L.). Jednak tylko dwa gatunki mają znaczenie użytkowe, jest to lędwian siewny (*L. sativus* L.) uprawiany dla nasion i paszy oraz wycofany w latach 60. lędwian afrykański (*L. tingitanus* L.), stosowany głównie jako roślina pastewna. Z innych gatunków ważnych z punktu widzenia upraw na świecie wymienić należy również *L. ciceria*, *L. ochrus* i *L. sylvestris*.

Gatunki z rodzaju *Lathyrus*, zwłaszcza lędwian siewny, jest bardzo odporny na stres suszy i może być z powodzeniem uprawiany na terenach o średnich rocznych opadach od 380 do 650 mm, a jednocześnie bardzo dobrze znosi silne opady połączone z czasowym zalewaniem (Campbell i in., 1994). Bardzo dobrze rozwinięty system korzeniowy dochodzący nawet do 1,5 m głębokości (Dziamba, 1997) i występująca u strączkowych zdolność do wiązania azotu atmosferycznego umożliwia jego uprawę na glebach niskiej klasy. Lędwian charakteryzuje też niska podatność na choroby i szkodniki (Dziamba, 1997). Z racji wyżej wymienionych zalet *Lathyrus sativus* uznany został za roślinę modelową dla zrównoważonego rolnictwa (Vaz Patto i in., 2006).

Czynnikiem ograniczającym wprowadzenie lędwianu do szerszej uprawy jest zawartość związków antyżywnościowych, a w szczególności kwasu β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionowego (β -ODAP), który znany jest ze swojego neurotoksycznego działania na ośrodkowy układ nerwowy ludzi i zwierząt (Hanbury i in., 2000). Wiele krajów nisko rozwiniętych, gdzie lędwian jest spożywany bez wstępnej obróbki termicznej, zakazało jego uprawy (Campbell i in., 1994). Długotrwała dieta zawierająca 30–50% nasion lędwianu siewnego wywołuje zespół objawów znany pod nazwą neurolatyryzmu (Spencer i in., 1993; Studziński i Grela, 1997) na który składają się takie dolegliwości, jak: sztywność mięśni szkieletowych kończyn dolnych, ogólna słabość mięśniowa oraz porażenia spastyczne mięśni nóg (Spencer i in., 1986). Ostatnia opisana epidemia latyryzmu miała miejsce w 1997 roku w Etiopii i dotknęła blisko 2000 ludzi (Getahun i in., 1999). Jest to choroba endemiczna ograniczająca się do rejonów, które uprawiają lędwian na większą skalę, a są to: Indie, Bangladesz, Etiopia i Nepal (Hanbury i in., 2000). Prace zmierzające do obniżenia zawartości β -ODAP prowadzone są już od wielu lat zarówno przy wykorzystaniu krzyżowań, jak i indukowanych mutacji (Briggs i in., 1983; Campbell i Briggs, 1987; Roy i in., 1993; Addis i Narayan, 1994; Rybiński, 2003). Uzyskane tymi drogami linie o obniżonej zawartości neurotoksyny nie zawsze były stabilne (Addis i Narayan, 1994; Santha i Mehta, 2001). Zasadne są, zatem dalsze prace zmierzające do całkowitego lub chociaż częściowego pozbawienia lędwianu kwasu β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionowego.

Celem pracy było zbadanie zróżnicowania genetycznego wewnątrz i pomiędzy wybranymi gatunkami z kolekcji rodzaju *Lathyrus* z wykorzystaniem polimorficznych

losowo amplifikowanych fragmentów DNA (RAPD) oraz ocena zawartości w nasionach kwasu β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionowego (β -ODAP).

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań (tab. 1) stanowiły wyrównane fentypowo rośliny uzyskane po trzech cyklach rozmnożeń szklarniowych, reprezentujące cztery gatunki z rodzaju *Lathyrus*: *L. sativus*, *L. cicera*, *L. tingitanus* i *L. gorgoni* pochodzące z Polski, Grecji i Izraela (tab. 1). Dla każdego gatunku badane były po trzy akcesy a wyjątek stanowił *L. gorgoni*, reprezentowany przez dwa akcesy. Do badań zbierano liście z 5 roślin dla każdego z akcesów tworząc w ten sposób próbę zbiorczą.

Tabela 1

Materiał roślinny Plant material			
Gatunek Species	Odmiana / numer akcesyjny Cultivars/ accession number	Kraj pochodzenia Country of origin	Źródło nasion Source of seeds
<i>Lathyrus sativus</i>	Derek	Polska Poland	Nochowo
	Krab Mutant		AR Lublin
<i>Lathyrus cicera</i>	LAT/206/79	Grecja Greece	IPK Gatersleben, Niemcy Germany
	LAT/207/84		
	LAT/208/79		
<i>Lathyrus tingitanus</i>	LAT/109/74	Nieznany Unknown	
	LAT/110/79	Nieznany Unknown	
	LAT/140/75	Polska Poland	
<i>Lathyrus gorgoni</i>	LAT/101	Grecja Greece	
	LAT/166	Izrael	

Analizę polimorfizmu DNA prowadzono z użyciem markerów RAPD. Potrzebny do badań DNA izolowano z 15 dniowych siewek rosnących w szklarni metodą CTAB (Murray i Thompson, 1980, z modyfikacjami). Liście rozkruszone w ciekłym azocie ucierano z buforem CTAB z dodatkiem 0,4% β -merkaptotanolu i poddawano działaniu RNazy A w temperaturze 20°C przez 30 minut. Następnie, dwukrotnie dodawano mieszaninę chloroform oktanol (24:1) po pierwszym podaniu próbówki ogrzewano w 65°C przez 25 minut, po drugim podaniu wytrząsano i odwirowywano przez 10 minut w 11 tys. rpm. Z fazy wodnej przez 12–16 godzin wytrącano DNA przy użyciu 95% etanolu o temperaturze –20°C. DNA umieszczono następnie na 10 minut w octanie sodu z 76% etanolem. Tak przygotowane DNA rozpuszczono w buforze TE.

Reakcje RAPD-PCR przeprowadzano przy użyciu 28 dziesięcionukleotydowych starterów według następującego schematu: 94°C przez 3 min, 36°C przez 1 min, 72°C przez 2 min, 40 cykli: 94°C — 50s, 36°C — 60s i 72°C — 120s, a następnie 94°C przez 2 min, 36°C przez 1 min oraz 72°C przez 10 min. Produkty amplifikacji rozdzielano w 1,5%

żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny w stężeniu 0,5 mg/L przy napięciu 110 V przez 100 minut. Obecność prążka oznaczono symbolem 1, a jego brak symbolem 0. Wyniki analizowane były przy użyciu programu UVIMAP w funkcji Nei i Li (1979):

$$GS_{ij} = \frac{2N_{ij}}{N_i + N_j}$$

gdzie $2N_{ij}$ oznacza liczbę prążków występujących w obu genotypach, natomiast N_i oraz N_j oznaczają liczbę prążków charakterystycznych dla danego genotypu. Wartość GS_{ij} oznacza indeks podobieństwa pomiędzy dwoma badanymi genotypami. Uzyskane wyniki przedstawiono w formie dendrogramu.

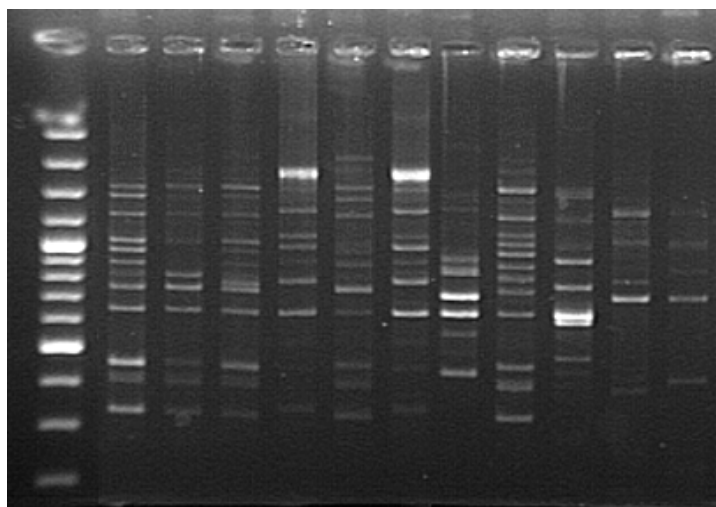
Zawartość neurotoksyny β -ODAP określano według metody opracowanej przez Rao (1978), a zmodyfikowanej przez Briggs i wsp. (1983). Pół grama zmielonych nasion będących mieszanką z pięciu roślin danej akcesji poddano homogenizacji i ekstrakcji w 60% etanolu przez 30 min i przefiltrowano. Ekstrakt podzielono na dwie próby, z których jedną hydrolizowano przez 30 minut z użyciem 3N KOH w celu przekształcenia ODAP w DAP (kwas diaminopropionowy). Do obu prób w celu wywołania reakcji barwnej dodano odczynnik OPT (aldehyd o-ftalowy, 95% etanol, merkaptioetanol, bufor boranowopotasowy) i ogrzewano w łaźni przez 2 godziny w temperaturze 40°C. Wartość absorpcji mierzono na Spekolu 11 przy długości fali 425 nm, pomiar powtarzano trzykrotnie dla próby ślepej oraz próby badanej. Krzywą wzorcową uzyskano z kolejnych rozcieńczeń kwasu diaminopropionowego.

WYNIKI I DYSKUSJA

Badania dotyczące zróżnicowania genetycznego pomiędzy czterema gatunkami z rodzaju *Lathyrus* prowadzono z wykorzystaniem reakcji RAPD — PCR. W wyniku użycia 28 starterów uzyskano 257 prążków, z których 251 (97,6%) było polimorficznych. Średnia liczba produktów amplifikacji uzyskanych przy użyciu każdego startera wynosiła 13, a średnia liczba prążków polimorficznych 12,7. Podobny wynik uzyskał Chtourou-Ghorbel i wsp. w 2002 (95,3%) a dużo niższy polimorfizm (50%) wykazał Croft (1999). Tak wysoki stopień polimorfizmu uzyskany w naszych badaniach był efektem kierunkowego doboru starterów. Na rysunku 1 przedstawiono przykładowy obraz rozdziału zamplifikowanych fragmentów DNA dla startera TCCCGCCTAC.

Prążki gatunkowo specyficzne obserwowano u wszystkich gatunków jednak z różną częstością, tylko jeden taki marker wyróżniono u *L. cicera* i *L. tingitanus*, trzy u *L. dativus*, natomiast u *L. gorgoni* było ich aż piętnaście, co stanowi ponad 5,8%. Wysokie podobieństwo genetyczne *L. sativus* i *L. gorgoni* pokryło się z najwyższą liczbą wspólnych specyficznych dla tych gatunków markerów: 7 co stanowi 2,7%. Wysokie podobieństwo *L. sativus* i *L. gorgoni* przedstawił w swoich badaniach Croft i wsp. (1999).

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11



Rys. 1 Wyniki rozdziału fragmentów RAPD u badanych gatunków z rodzaju *Lathyrus* dla startera TCCCGCCTAC (M- marker wielkości, 1-3 - *L. sativus*, 4-6 - *L. cicera*, 7-9 - *L. tingitanus*, 10-11 - *L. gorgoni*)
 Fig. 1. Results of RAPD analysis for cosen species of genus *Lathyrus* using primer TCCCGCCTAC (M-DNA ladder, 1-3 - *L. sativus*, 4-6 - *L. cicera*, 7-9 - *L. tingitanus*, 10-11 - *L. gorgoni*)

Najwyższe współczynniki podobieństwa wewnątrz gatunku obserwowane były dla roślin *L. sativus* (od 0,80 do 0,84), najniższe (0,39–0,58) u *L. tingitanus*. Obliczone współczynniki podobieństwa pomiędzy gatunkami przyjmowały wartości od 0,17 dla pary *L. tingitanus* - *L. gorgoni* do 0,65 dla *L. sativus* - *L. cicera*. Wysokie podobieństwo pomiędzy *L. sativus* i *L. cicera* opisał Chtourou-Ghorbel i wsp. (2002) a także Belaïd i wsp. (2006). W tabeli 2 przedstawiono zakresy współczynników podobieństwa genetycznego wewnątrz i pomiędzy badanymi gatunkami *Lathyrus*. Dendrogram obrazujący podobieństwo genetyczne badaných gatunków przedstawiono na rysunku 2.

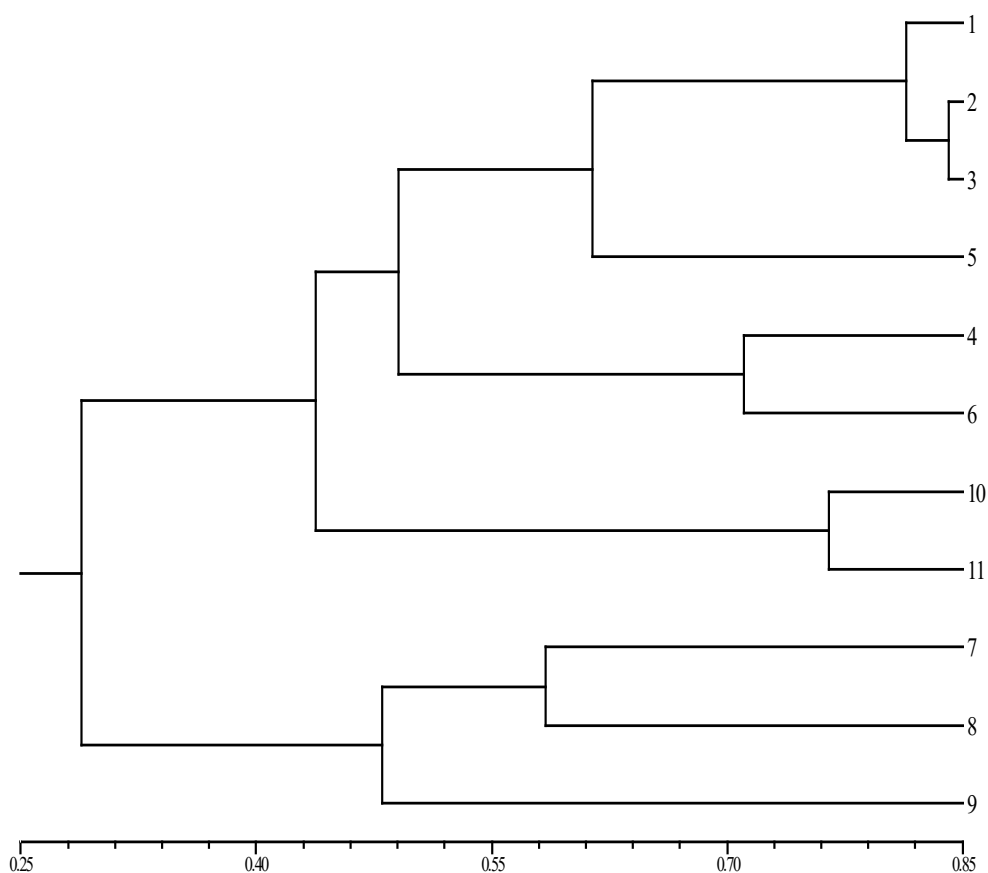
Tabela 2

Zakresy współczynników podobieństwa genetycznego wewnątrz i między badanymi gatunkami rodzaju *Lathyrus*

Ranges of coefficients of genetic similarity for intra- and interspecies comparisons in genus <i>Lathyrus</i>				
	<i>L. sativus</i>	<i>L. cicera</i>	<i>L. tingitanus</i>	<i>L. gorgoni</i>
<i>L. sativus</i>	0,80-0,84			
<i>L. cicera</i>	0,40-0,65	0,45-0,71		
<i>L. tingitanus</i>	0,22-0,38	0,21-0,44	0,39-0,58	
<i>L. gorgoni</i>	0,39-0,45	0,41-0,53	0,17-0,45	0,76

Badania dotyczące zróżnicowania genetycznego pomiędzy czterema gatunkami *Lathyrus* prowadzono z wykorzystaniem techniki RAPD. Metoda ta wymaga przeprowadzania reakcji PCR, co równocześnie pozwala na użycie śladowych ilości DNA. Z powodu zastosowania losowych dziesięcionukleotydowych sekwencji w starterach było możliwe zbadanie praktycznie całego genomu. Technika RAPD zaliczana jest również do tanich i szybkich metod identyfikacji polimorfizmu genetycznego i znalazła szerokie

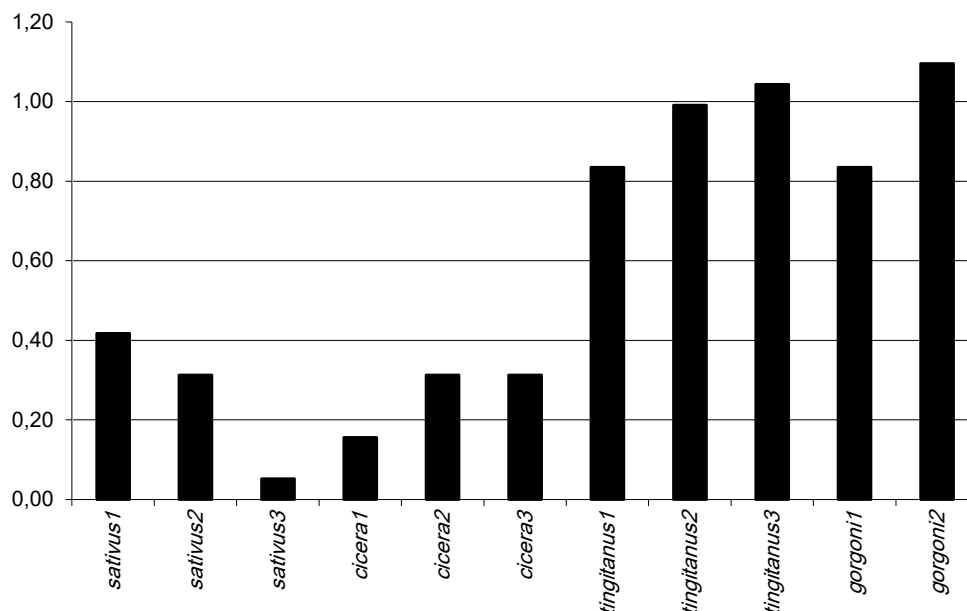
zastosowanie zarówno przy badaniu sprzężenia markerów z cechami użytkowymi, takimi jak odporność na patogeny, w badaniach ewolucyjnych, uzupełnianiu map genetycznych, a w szczególności do oceny podobieństwa i dystansu genetycznego. W prezentowanej pracy wykorzystano markery RAPD do badania podobieństwa genetycznego zarówno wewnątrz gatunków, jak i między nimi.



Rys. 2 Hierarchiczne grupowanie gatunków z rodzaju *Lathyrus* na podstawie podobieństwa genetycznego
Fig. 2. Hierarchical grouping of species from genus *Lathyrus* on the basis of genetic similarity (1-3 - *L. sativus*, 4-6 - *L. cicera*, 7-9 - *L. tingitanus*, 10-11 - *L. gorgoni*)

Pod względem zawartości β -ODAP wyróżnić można dwie grupy akcesów. Do pierwszej z nich zaliczyć można *L. sativus* i *L. cicera* o niskiej średniej zawartości β -ODAP wynoszącej 0,26 g/kg s.m., natomiast do drugiej *L. tingitanus* i *L. gorgoni* o średnich wartościach wynoszących 0,96 i 0,97 g/kg s.m. Zakres zmienności zawartości β -ODAP między akcesami w obrębie *L. sativus* i *L. cicera* wynosił kolejno: od 0,05 do

0,42 g/kg s.m. i od 0,16 do 0,31 g/kg s.m., a dla *L. tingitanus* i *L. gorgoni* od 0,83 do 1,04 g/kg s.m. i od 0,83 do 1,10 g/kg s.m. Zawartość w nasionach neurotoksyny β -ODAP w odniesieniu do każdego obiektu kolekcyjnego przedstawiono szczegółowo na rysunku 3.



Rys 3. Zawartość β -ODAP (g/kg s.m.) w nasionach badanych gatunków z rodzaju *Lathyrus*
Fig. 3. Content of β -ODAP (g/kg d.m.) in seeds of analyzed species of *Lathyrus* genus

W badaniach pod uwagę wzięto zawartość neurotoksyny β -ODAP jako kluczowego związku antyżywniowego w rodzaju *Lathyrus*. Analizy z ostatnich lat wskazują, iż zawartość kwasu β -N-oxalyl-L- α - β -diaminopropionowego może bardzo się różnić zarówno pomiędzy gatunkami *Lathyrus*, jak i wewnątrz nich, a sam wpływ środowiska nie jest tak istotny jak genotyp (Hanbury i in., 1999). Badania Hussain i wsp. (1997) dowiodły, że stres suszy lub wysokiego zasolenia gleby może wpływać na wzrost zawartości β -ODAP. Według Hanbury (2000) nasiona *L. sativus* zawierają większą ilość β -ODAP niż *L. cicera*. W naszych badaniach średnia zawartość neurotoksyn była zbliżona w obydwu tych gatunkach, a zbyt mała liczba akcesów nie pozwala na potwierdzenie powyższego wniosku. Wyższa zawartość β -ODAP w nasionach *L. tingitanus* i *L. gorgoni* w porównaniu z *L. sativus* i *L. cicera* może mieć związek między innymi ze znacznie niższą popularnością tych gatunków w uprawie i mniej intensywnymi pracami prowadzonymi nad genetycznym udoskonaleniem tych gatunków. Obecnie w wielu ośrodkach naukowych prowadzone są intensywne prace nad uzyskaniem form lędźwianu siewnego wolnych od neurotoksyn lub przynajmniej o ich śladowej zawartościach w nasionach. Zagadnienie to jest o tyle złożone, że wszystkie przeanalizowane dotąd obiekty w światowych zasobach genowych

charakteryzowały się obecnością β -ODAP, aczkolwiek przy zróżnicowanym, często wysokim poziomie zawartości. Analizując obiekty kolekcyjne lędźwianu siewnego Campbell (1997), wykazał, iż zawartość β -ODAP wynosiła od 0,22 do 7,2 g/kg s.m., a 18 linii charakteryzowało się zawartością poniżej 1 g/kg s.m., natomiast 24 linie powyżej 4 g/kg s.m. Stąd uzyskanie rekombinantów pozbawionych neurotoksyn, czy o ich śladowej zawartości w nasionach jest bardzo utrudnione i tylko nieliczne prace wskazują na taką możliwość (Jeswani i in., 1970; Campbell, 1987; Mehra i in., 1995). Inni autorzy sugerują wykorzystanie zmienności somoklonalnej (Roy i in., 1993; Santha i Mehta, 2001). Bardziej efektywne wydaje się wykorzystanie w tym celu metody indukowanych mutacji (Waghmare i Mehra, 2000; Rybiński i Grela, 2007), a w dalszej perspektywie metod inżynierii genetycznej (Vaz Patto i in., 2006).

WNIOSKI

1. Na podstawie uzyskanych współczynników podobieństwa genetycznego można wnioskować, iż poziom zróżnicowania genetycznego badanych gatunków był niejednakowy.
2. Najmniejsze podobieństwo genetyczne wewnątrz gatunków obserwowano u *L. tingitanus*, a największe u *L. sativus*, natomiast między gatunkami najmniejsze podobieństwo genetyczne stwierdzono między *L. tingitanus* i *L. sativus*.
3. Niską zawartością β -ODAP charakteryzowały się materiały kolekcyjne *L. sativus* i *L. Cicera*, a wyraźnie wyższą *L. tingitanus* i *L. gorgoni*.

LITERATURA

- Addis G., Narayan R. J. K. 1994. Developmental variation of the neurotoxin, β -N -oxalyl-L - α , β -diaminopropionic acid (ODAP), in *Lathyrus sativus*. Ann. Botany 74: 209 — 215.
- Belaïd, Y., Chtourou-Ghorbel N., Marrakchi M., Trifi-Farah N. 2006. Genetic diversity within and between populations of *Lathyrus* genus (*Fabaceae*) revealed by ISSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 53: 1413 — 1418.
- Briggs C. J., Parreno N., Campbell C. G. 1983. Photochemical assessment of *Lathyrus* species for the neurotoxin agent, β -N -oxalyl-L - α , β -diaminopropionic acid. Planta Med. 47:188 — 190.
- Campbell C. J., Briggs C. J. 1987. Registration of low neurotoxin content *Lathyrus* germplasm LS8246. Crop Science 27: 821.
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S .K., Chen Y.Z., Abd El Moneim A., Khawaja H. I. T., Yadov C. R., Tay J. U., Araya W. A. 1994. Current status and future research strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus*). Euphytica 73: 167–175.
- Campbell C. G. 1997. Grass pea (*Lathyrus sativus* L.). Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 18. Institute of Plant genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy: 1 — 92.
- Chtourou-Ghorbel N., Lauga B., Ben Brahim N., Combes D., Marrakchi M. 2002. Genetic variation analysis in the genus *Lathyrus* using RAPD markers. Genetic Resources and Crop Evolution, Vol. 49 (4): 365 — 372.
- Croft A. M., Pang E. C. K., Taylor P. W. J. 1999. Molecular analysis of *Lathyrus sativus* L. (grasspea) and related *Lathyrus* species. Euphytica 107: 167 — 176.
- Dziamba S. 1997. Agrotechnika i hodowla lędźwianu siewnego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”. Radom, 9-10 czerwca 1997: 27 — 33.

- Getahun, H., Mekonnen, A., Tekle Haimanot, R., Lambein, F., 1999. Epidemic of neurolathyrism in Ethiopia. *Lancet* 354: 306 — 307.
- Hanbury C. D., Siddique K. H. M., Galwey N. W., Cocks P. S. 1999. Genotype environment interaction for seed yield and ODAP concentration of *Lathyrus sativus* L. and *L. cicera* L. in Mediterranean-type environments. *Euphytica* 110: 45 — 60.
- Hanbury C. D., White C. L., Mullan B. P., Siddique K. H. M. 2000. A review of the potential of *Lathyrus sativus* L. and *L. cicera* L. grain for use as animal feed. *Anim. Feed Sci. Technol.* 87: 1 — 27.
- Hussain M., Chowdhury B., Haque R., Lambein F. 1997. Effect of water stress, salinity, interaction of cations, stage of maturity of seeds and storage devices on the ODAP content of *Lathyrus sativus*. In: Tekle Haimanot, R., Lambein, F., *Lathyrus and Lathyrism, a Decade of Progress*. University of Ghent, Belgium: 107 — 112.
- Jeswani L. M., Lal B. M., Prakesh S. 1970. Studies on the development of low neurotoxin lines in *Lathyrus sativus* (Khesari). *Curr. Sci.* 22: 518.
- Mehra R.B., Raju D. B., Himabindu K. 1995. Evaluation and utilization of *Lathyrus sativus* collection in India. In: *Lathyrus Genetic Resources in Asia*. Proceedings of a Regional Workshop, 27-29 December 1995. Indira Gandhi Agricultural University, Raipur, India: 37 — 43.
- Murray M. G., Thompson W.F. 1980 Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl. Acids Res.* 8: 4321 — 4325.
- Nei M., Li W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction. *Proceedings of the Academy of Sciences of the USA* 76: 5269 — 5273.
- Rao S. L. N. 1978. A sensitive and specific colorimetric method for determination of α,β -diaminopropionic acid and *Lathyrus sativus* neurotoxin. *Anal. Biochem.* 86: 386 — 395.
- Roy P. K., All K., Gupta A., Barat G. K., Mehta S. L. 1993. β -N -oxalyl-L - α,β -diaminopropionic acid in somaclones derived from internode explants of *Lathyrus sativus*. *J. Plant Biochem. Biotechnol.* 2: 9 — 13.
- Rybiński W. 2003. Mutagenesis as a tool for improvement of traits in grasspea (*Lathyrus sativus*). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 3: 27 — 32.
- Rybiński W., Grela E.R. 2007. Zróżnicowanie genetyczne cech i składu chemicznego nasion mutantów lędźwianu siewnego. *Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych* 517: 613 — 627.
- Santha I.M., Mehta S.L. 2001. Development of low ODAP somaclones of *Lathyrus sativus*. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 42.
- Spencer P.S., Ludolph A., Dwivedi M.P., Roy D.N., Hugon J., Schaumburg H.H. 1986. Lathyrism: evidence for role of the neuroexcitatory amino acid BOAA. *Lancet* 2: 1066 — 1067.
- Spencer P.S., Ludolph A.C., Kisby G.E., 1993. Neurologic diseases associated with use of plant components with toxic potential, *Environ. Res.* 62: 106 — 113.
- Studzinski T., Grela E.R. 1997. Składniki przeciwżywniowe nasion lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) i mechanizmy ich szkodliwego działania. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”. Radom, 9-10 czerwca 1997: 72 — 79.
- Vaz Patta M. C., Skiba B., Pang E. C. K., Ochatt S. J., Lambein F., Rubiales D. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133 — 147.
- Waghmare V. N., Mehra R. B. 2000. Induced mutation in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1: 21 — 24.

LESZEK SIECZKO¹**AGNIESZKA MASNY**²**WIESŁAW MĄDRY**¹**EDWARD ŻURAWICZ**²¹ Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie² Instytut Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach

Analiza podobieństwa rodzin mieszańcowych truskawki powtarzającej owocowanie pod względem wielkości i jakości plonu owoców

Analysis of the similarities between hybrid families of everbearing strawberry in relation to fruit yield and quality

W pracy podjęto próbę wyznaczenia związków pomiędzy plonem owoców truskawki powtarzającej owocowanie i cechami jakości owoców. Użyte do analizy statystycznej dane (wyniki) oceny polowej 1280 siewek, należących do 32 rodzin mieszańcowych pochodziły z Instytutu Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach. Zmienność obiektów badano z użyciem analizy składowych głównych, a następnie zastosowano hierarchiczną analizę skupień metodą Warda do wydzielania 3 grup jednorodnych.

Słowa kluczowe: hierarchiczna analiza skupień, analiza składowych głównych, cechy jakości owoców, plon owoców, truskawka powtarzająca owocowanie

The paper describes the attempt made to determine the relationships between fruit yield and quality of everbearing strawberry. The results of field evaluation of 1280 strawberry seedlings belonging to 32 hybrid families came from the Institute of Pomology and Floriculture in Skierniewice. Variability of the experimental objects was evaluated using the principal components analysis. Afterwards, Ward's hierarchical clustering method was applied to distinguish homogeneous groups of objects.

Key words: hierarchical cluster analysis, principal components analysis, characteristics of fruit quality, fruit yield, everbearing strawberry

WSTĘP

Liczne prace mające na celu tworzenie nowych odmian truskawki skupiają się między innymi na wyodrębnieniu form rodzicielskich, w dużym stopniu zróżnicowanych genetycznie. Otrzymane w wyniku krzyżowania diallelicznego potomstwo stanowi bogaty i bardzo zróżnicowany materiał genetyczny. Materiał ten poddawany jest kilkuletniej, w warunkach polowych, ocenie cech o dużym znaczeniu gospodarczym (plon owoców i jego

jakość, a także podatność na choroby liści). Część z tych cech oceniana jest za pomocą dokładnych pomiarów (plon i średnia masa owoców), cechy opisujące jakość owoców oraz podatność na choroby, z uwagi na dużą czasochłonność i pracochłonność oraz wysokie koszty dokładnych badań analitycznych, z reguły określane są tylko bonitacyjnie. Analiza potomstwa przy użyciu różnych metod statystycznych pozwala na określenie m.in. wartości hodowlanej użytych do krzyżowań form rodzicielskich, zmienności i odziedziczalności badanych cech użytkowych, a także określenia związków pomiędzy tymi cechami. Znajomość tych parametrów statystycznych pozwala na zwiększenie efektywności prowadzonych prac hodowlanych. Problemem, który pojawia się na etapie analizy danych, jest dobór technik i metod statystycznych, które pozwolą na kompleksowe, a zarazem jak najbardziej szczegółowe przedstawienie związków pomiędzy badanymi cechami. Pomocnymi tu są metody statystyki wielowymiarowej, są one wykorzystywane coraz częściej i nie stanowią już problemu obliczeniowego, dlatego też chętnie są stosowane do analizy danych fenotypowych z badań roślin rolniczych (Teklu i in., 2007; Mguis i in., 2008) i sadowniczych (Gurrieri i in., 2001; Wu i in., 2003). Metody wielowymiarowe są także stosowane do analiz zmienności roślin na podstawie markerów biochemicznych i molekularnych DNA (Bulińska-Radomska, 2000; Fuentes i in., 2008).

Celem badań było zastosowanie analizy korelacji prostych oraz analizy składowych głównych do charakterystyki związków pomiędzy plonem owoców oraz cechami jego jakości w zbiorze segregujących rodzin pełnego rodzeństwa, stanowiących rodziny mieszańcowe truskawki powtarzającej owocowanie. Wydzielono także i opisano grupy rodzin mieszańcowych wielocechowo jednorodnych, (o dużym podobieństwie wielocechowym) za pomocą hierarchicznej analizy skupień.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były siewki truskawki powtarzającej owocowanie w pokoleniu F_1 , należące do 32 rodzin mieszańcowych, uzyskanych z krzyżowań ośmiu form rodzicielskich, w niekompletnym układzie diallelicznym według II metody Griffinga (1956). W tym układzie krzyżowań wykonano krzyżowania wprost (26 kombinacji krzyżowań) i wsobne (6 kombinacji krzyżowań) — (tab. 1). Doświadczenie polowe założone zostało w układzie losowanych bloków w 4 powtórzeniach (poletkach) z 10 roślinami na każdym poletku, na polu doświadczalnym Sadu Pomologicznego Instytutu Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach. Rośliny były uprawiane zgodnie z zaleceniami, powszechnie stosowanymi w nowoczesnej technologii uprawy odmian powtarzających owocowanie. Zabezpieczono rośliny przed mrozem poprzez okrywanie włókniną P-17 oraz usuwano rozwijające się wiosną kwiatostany tzw. pierwszego owocowania, a pozostawiono je dla uzyskania owocowania letnio-jesiennego kwiatostanów wyrastających po 1 czerwca. Takie zabiegi nie są stosowane w tradycyjnej uprawie polowej.

Tabela 1

Układ krzyżowań ośmiu form rodzicielskich truskawki powtarzającej owocowanie
The crossing design of eight parental forms of everbearing strawberry

Odmiana Variety	Ostara	Selva	Geneva	Mara des Bois	Capitola	Yolo	Calypso	Red- gauntlet
Ostara	—	1*	2	3	4	5	6	7
Selva		8	9	—	10	11	12	13
Geneva			14	15	16	17	18	19
Mara des Bois				20	21	22	23	24
Capitola					25	—	26	27
Yolo						28	29	30
Calypso							31	32
Red-gauntlet								—

*Numery obiektów — rodzin mieszańców; Number of objects — hybrid families

Obserwacje roślin (siewek) badanych potomstw wykonano w drugim i trzecim roku po posadzeniu (lata 1999–2000). Wykonano pomiary plonu handlowego owoców na roślinie (g) oraz średniej masy owocu (g), a także ocenę bonitacyjną pięciu cech określających jakość owoców: barwę skórki, barwę miąższu, połysk, jędrność oraz łatwość oddzielania kielicha od owocu, zwanej potocznie odszypułkowaniem (skala 0–5, gdzie 0 oznacza bardzo niską wartość badanej cechy, zaś 5 określa bardzo wysoką wartość tej cechy). Ocenę indywidualną przeprowadzono dla 1280 siewek.

W celu określenia związków pomiędzy cechami w zbiorze obiektów (rodzin pełnego rodzeństwa) oraz do klasyfikacji tych obiektów na grupy jednorodne, użyte zostały wielowymiarowe metody statystyczne. Analizy wykonano na średnich z 40 roślin (4 poletka $\times$ 10 roślin) dla badanych cech, uzyskanych dla każdej rodziny pełnego rodzeństwa w drugim roku obserwacji (1999). Zastosowano analizę składowych głównych (ang. Principal Component Analysis, PCA) oraz analizę skupień według metody Warda. Te metody pozwalają na komplementarne opisanie związków wielocechowych i przejrzystą hierarchiczną klasyfikację badanych obiektów. Wielowymiarowe metody są oprogramowane w większości programów statystycznych. W niniejszej pracy do analiz wykorzystano pakiet statystyczny SPSS, który jest uniwersalnym narzędziem stosowanym w wielu różnych dziedzinach nauki (Gatnar, 1995; Anonim, 1999). Analiza składowych głównych służy do redukcji wymiarów przestrzeni opisującej obiekty oraz do określenia związków pomiędzy badanymi cechami. Metoda ta pozwala na redukcję liczby obserwowanych p zmiennych $X = [x_1, \dots, x_p]$, poprzez wyrażenie ich zmienności za pomocą składowych głównych z_j , $\sum_{i=1}^p \text{var} x_i = \sum_{i=1}^p \text{var} z_i = \lambda_1 + \dots + \lambda_p$.

Jeżeli dla pewnego $k < p$ wskaźnik $\delta_k = \frac{\lambda_1 + \dots + \lambda_k}{\lambda_1 + \dots + \lambda_p}$ jest dostatecznie bliski jedności, to można zastąpić zmienne $x_1, \dots, x_p$ składowymi głównymi $z_1, \dots, z_k$, które wyjaśniają $\delta_k \times 100\%$ całkowitej zmienności danych (Morrison, 1990; Sieczko i in., 2004).

Grupowanie obiektów w jednorodne grupy rozłączne wykonano za pomocą hierarchicznej analizy skupień z użyciem metody Warda. Odległość d między skupieniami **A** oraz **B** traktowana jest jako kwadrat odległości między środkami ciężkości skupień a obiektami poszczególnych skupień. Wyznaczenie odległości pomiędzy obiektami odbyło

się przy użyciu kwadratu odległości euklidesowej, gdzie odległość między obiektami x i y , opisana jako suma kwadratów różnic pomiędzy i -tymi cechami $d(x, y) = \sum_i (x_i - y_i)^2$ (Ward, 1963).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wykonano analizę danych dla plonu handlowego z rośliny, średniej masy jednego owocu oraz zestawu cech określających jakość owoców, ocenionych w skali bonitacyjnej. Aby określić siłę związków pomiędzy badanymi zmiennymi wykonano analizę korelacji. Tabela 2 przedstawia macierz współczynników korelacji pomiędzy badanymi cechami. Plon handlowy jako jedyna cecha nie był skorelowany istotnie z żadną pozostałą badaną zmienną. Najsilniejszy związek wystąpił pomiędzy barwą skórki i miąższu. Odszypułkowanie, czyli łatwość oddzielania kielicha od owocu miała związek ujemny z większością cech.

Tabela 2

Macierz współczynników korelacji R pomiędzy cechami badanych obiektów truskawki powtarzającej owocowanie

Matrix of correlation coefficients R between traits of everbearing strawberry

	Intensywność połysku Intensity of glossiness	Średnia masa 1 owocu Average weight of 1 fruit (g)	Plon handlowy Marketable yield (g/plant)	Odszypułko- wanie Adherence of calyx	Jędrność owoców Fruit firmness	Barwa skórki Skin colour
Średnia masa 1 owocu Average weight of 1 fruit (g)	0,477*					
Plon handlowy Marketable yield (g/plant)	0,520*	0,522*				
Odszypułkowanie Adherence of calyx	-0,234	-0,441*	0,087			
Jędrność owoców Fruit firmness	0,382*	0,538*	0,202	-0,694*		
Barwa skórki Skin colour	-0,125	0,372*	0,044	-0,411*	0,517*	
Barwa miąższu Flesh colour	0,187	0,705*	0,258	-0,476*	0,661*	0,781*

*Istotność korelacji przy $\alpha = 0,05$

*Significance of correlation at $\alpha = 0.05$

Analiza składowych głównych pozwoliła na wydzielenie dwóch pierwszych składowych, które w sumie wyjaśniały 72,7% ogólnej zmienności badanych cech (składowa 1 — 43,7%; składowa 2 — 29%) — (tab. 3). Redukcja siedmiu wymiarów do dwóch pozwala na wstępną analizę związków badanych cech obiektów w przestrzeni dwóch pierwszych składowych. Pierwsze składowe główne często są nazywane „super cechami” z powodu określenia dużej części zmienności i reprezentowania kilku cech. Na rysunku 1 za pomocą „+” zaznaczone jest położenie badanych cech w przestrzeni dwóch pierwszych składowych. Silny związek z pierwszą składową, która wyjaśnia 43,7% ogólnej zmienności mają takie cechy, jak: jędrność, barwa miąższu, barwa skórki, średnia masa 1

owocu (wykazujące związek dodatni) i odszypułkowanie, które wykazuje związek ujemny. Z rysunku 1 można odczytać, iż wraz ze wzrostem oceny jędrności, oraz intensywności barwy maleje łatwość odszypułkowania. Silne dodatnie korelacje (fenotypową i genotypową) pomiędzy jędrnością owoców a trudnością oddzielania od nich kielicha stwierdził w swoich badaniach Hortyński (1987). Biorąc pod uwagę, że analizowaną w tej pracy cechą była łatwość (a nie trudność) oddzielania kielicha od owocu, opisywane ujemne korelacje tych dwóch cech są zgodne z wynikami cytowanego autora. Ujemna korelacja intensywności barwy owoców i łatwości oddzielania kielicha od owocu była wcześniej obserwowana także w innych badaniach jednego z autorów (Masny, dane niepublikowane). Znajomość związków między cechami jest bardzo istotna w prowadzeniu prac hodowlanych, które starają się sprostać wymaganiom klientów dotyczących truskawek deserowych, dostępnych poza sezonem ich tradycyjnego dojrzewania w gruncie. Z drugą składową, która wyjaśnia 29% ogólnej zmienności, związek ma połysk owoców, plon handlowy i średnia masa 1 owocu. Hansche i wsp. (1968) również stwierdzili dość silną korelację genotypową pomiędzy plonem owoców a ich wielkością (współczynnik korelacji r wynosił 0,65–0,7), wskazującą, że pojedynki odznaczające się silną skłonnością do wytwarzania dużych jagód posiadają także genetyczną zdolność do obfitego plonowania.

Tabela 3

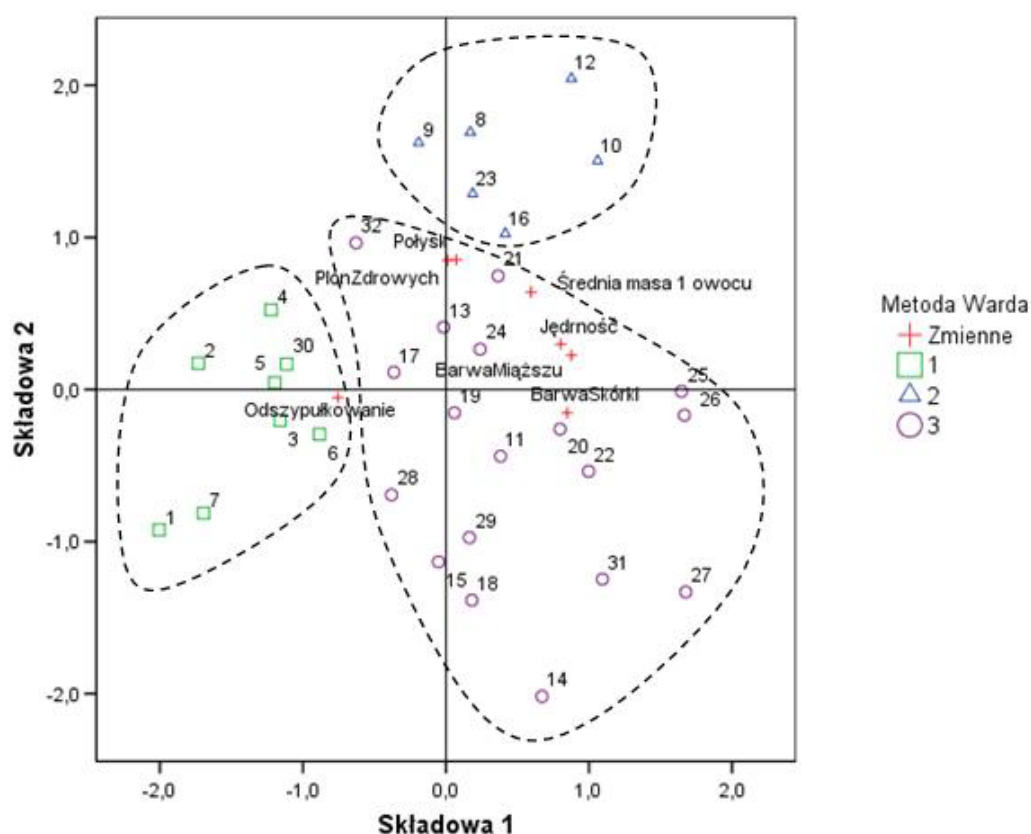
Wartości własne $\hat{\lambda}_i$ dla dwóch pierwszych składowych głównych oraz współczynniki korelacji $r_{\hat{z}_i x_j}$

The eigenvalues $\hat{\lambda}_i$ for the first two principal components and correlation coefficients $r_{\hat{z}_i x_j}$

Cechy Traits	$\hat{z}_1$	$\hat{z}_2$
	$r_{\hat{z}_1 x_j}$	$r_{\hat{z}_2 x_j}$
Intensywność połysku Intensity of glossiness	0,072	0,853
Średnia masa 1 owocu Average weight of 1 fruit (g)	0,595	0,641
Plon handlowy Marketable yield (g/plant)	0,013	0,850
Odszypułkowanie Adherence of calyx	-0,756	-0,053
Jędrność owoców Fruit firmness	0,802	0,298
Barwa skórki Skin colour	0,847	-0,153
Barwa miąższu Flesh colour	0,877	0,225
Wartości własne $\hat{\lambda}_i$ Eigenvalues	$\hat{\lambda}_1=3,06$	$\hat{\lambda}_2=2,03$
Procent wyjaśnionej wielocechowej zmienności obiektów The percentage of variation explained multivariate objects	43,7	29

Wraz z obserwacją cech plonu i jakości owoców badano także wiele innych cech, które w tej pracy nie były analizowane. Cechą, która wpływa na połysk jest plon handlowy, więc

jak można odczytać z wykresu stanowi on jeden zestaw w drugiej składowej. Wcześniejsze badania autorów pracy wskazują również na istotny związek połysku owoców i chorób grzybowych (białej i czerwonej plamistości oraz mączniaka prawdziwego). Podczas interpretacji związków cech ze składowymi należy pamiętać o części wyrażanej przez nich zmienności. W badanym przypadku pierwsza składowa wyjaśnia ponad dwukrotnie większą ogólną zmienność niż druga składowa, więc i wpływ związanych z nią cech jest większy.

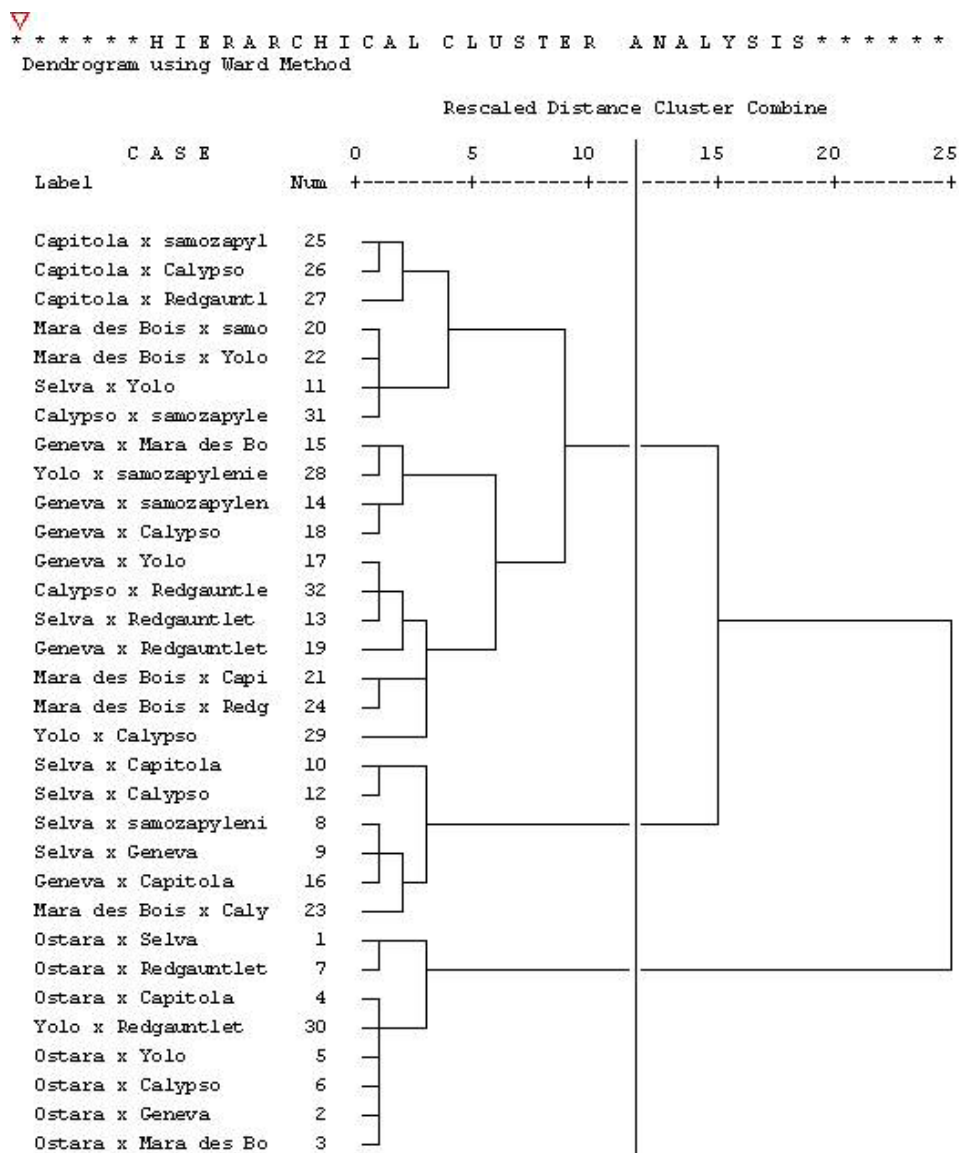


Rys. 1. Wykres pierwszych dwóch składowych głównych dla badanych cech wraz z obiektami z podziałem na 3 grupy przy użyciu metody Warda

Fig. 1. The first two principal components for traits along with objects with distribution in 3 groups according to Ward's method

W dalszym etapie badań przeprowadzono hierarchiczną analizę skupień metodą Warda w celu podziału 32 obiektów na grupy jednorodne. Uzyskano dendrogram (rys. 2), który przecięto w miejscu znacznego zwiększenia się wartości wiązania co pozwoliło na podzielenie obiektów na 3 grupy jednorodne. Podział uzyskany nie jest podziałem opartym na testowaniu statystycznym i należy go traktować jako wstępny. Z podziału można

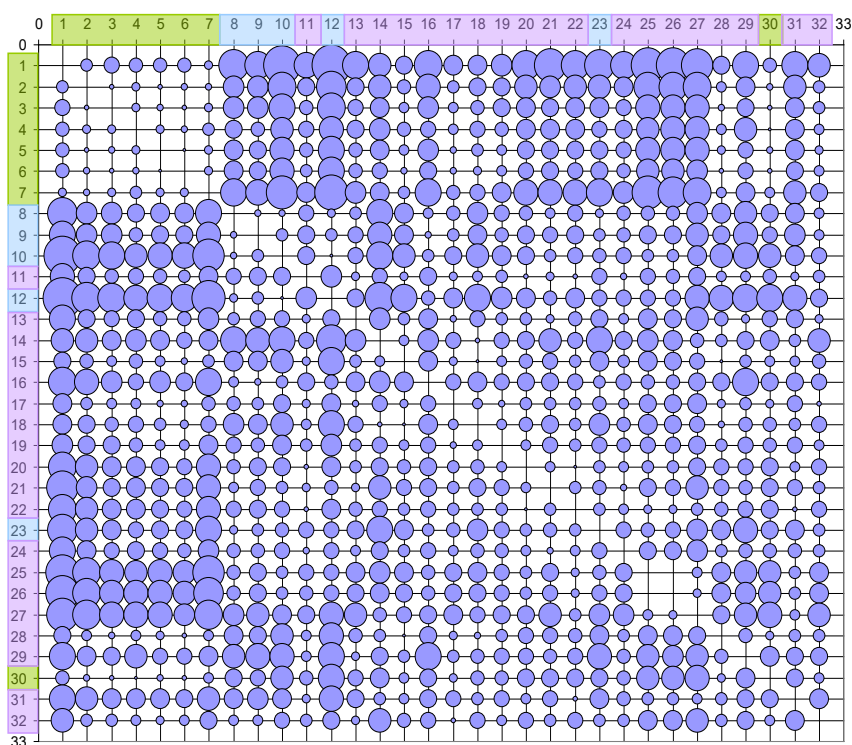
zauważyć, iż rodziny mieszańców uzyskane po skrzyżowaniu z rodzicem (odmianą) Ostara tworzą grupę jednorodną na bardzo niskim poziomie wiązania, który wiąże się z odległościami pomiędzy daną grupą obiektów. W takiej grupie jednorodnej znajdują się obiekty podobne do siebie pod względem wszystkich badanych cech i mających niską wartość odległości pomiędzy sobą.



Rys. 2. Dendrogram podziału obiektów z użyciem metody Warda
Fig. 2. Dendrogram using Ward's Method

Na rysunku 3 przedstawiono w formie wykresu bąbelkowego przeskalowane odległości kwadratu euklidesowego. Na przecięciu linii pomiędzy obiektami występuje koło („bąbelek”), którego średnica jest tym większa im większa jest wartość odległości pomiędzy obiektami. Na przekątnej, gdzie występuje porównanie obiektu z samym sobą, brak jest znacznika, odległość więc wynosi 0. Kwadrat odległości euklidesowej jest miarą niepodobieństwa (odległości), gdzie wraz ze wzrostem odległości wielocechowej wartość miary rośnie. Odwrotna sytuacja miałaby miejsce przy interpretacji z użyciem miar podobieństwa (bliskości), gdzie wraz z oddalaniem się obiektów w przestrzeni wielocechowej wartość miary by malała.

Kwadrat odległości Euklidesowej



Rys. 3. Wartości kwadratu odległości Euklidesowej pomiędzy 32 obiektami
Fig. 3. Values of squares of Euclides distances between the 32 objects

Na przedstawionym rysunku 3 można zauważyć grupę jednorodną (1), złożoną z rodzin półrodzeństw uzyskanych w większości po skrzyżowaniu z odmianą Ostara. Obiekty w tej grupie, oznaczone numerami 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 30, wyróżniają się niskimi odległościami, czyli dużym podobieństwem pod względem wielu cech jednocześnie. W praktyce oznacza to bliskie pokrewieństwo (podobieństwo fenotypowe) pomiędzy potomstwem należącym do tych rodzin mieszańcowych. Jeśli porównamy wyżej wymienione obiekty z obiektami

należącymi do 2 grupy (8, 9, 10, 12, 23), to zauważymy pomiędzy tymi grupami duże wartości odległości, oznaczające znaczne różnice fenotypowe pod względem badanych cech (brak lub bardzo niewielkie podobieństwo fenotypowe obiektów, należących do odrębnych grup). W grupie 3 znalazły się pozostałe obiekty, bardziej zróżnicowane pod względem fenotypowym, w porównaniu do obiektów zaliczonych do grupy 1 i 2.

W tabeli 4 możemy odczytać średnie wartości badanych cech dla uzyskanych grup jednorodnych. Sytuacja przedstawiona na rysunku 1 ma tu potwierdzenie słuszności podziału wyrażonej za pomocą wartości średnich dla uzyskanych grup. Grupa 1, która leży po lewej stronie osi Y (rys. 1), charakteryzuje się niskimi wartościami barwy skórki, miąższu, jędrności, a zarazem wysokimi wartościami dla łatwości odszypułkowania. Wartości plonu dla grupy pierwszej są zbliżone do wartości średnich. Grupa druga, która leży powyżej osi X (rys. 1), czyli w obszarze korelacji plonu z drugą składową, charakteryzuje się najwyższymi plonami owoców handlowych oraz najwyższą masą pojedynczego owocu.

Tabela 4

Wartości średnie badanych cech rodzin pełnego rodzeństwa truskawki dla uzyskanych grup jednorodnych

Values of average variables for similar groups

Grupa Group	1	2	3	Średnia Mean
Barwa miąższu Flesh colour	3,59	4,28	4,08	3,99
Barwa skórki Skin colour	3,89	4,09	4,09	4,04
Połysk owocu Glossiness	4,23	4,58	4,28	4,33
Średnia masa 1 owocu Average weight of 1 fruit (g)	2,62	5,11	3,59	3,63
Plon zdrowych owoców Yield of health fruit	343,99	511,82	281,95	340,56
Jędrność owocu Fruit firmness	3,70	4,42	4,34	4,20
Odszypułkowanie Adherence of calyx	4,15	3,62	3,53	3,70

WNIOSKI

1. Zastosowana analiza składowych głównych była skuteczna przy wyodrębnianiu cech związanych znacząco z dwiema pierwszymi składowymi głównymi, wyjaśniającymi ponad 70% zmienności fenotypowej dla 7 badanych cech użytkowych rodzin pełnego rodzeństwa truskawki powtarzającej owocowanie; te cechy mają duży udział w wielocechowym zróżnicowaniu badanych obiektów.
2. Największą siłą dyskryminacyjną charakteryzowały się cechy związane z pierwszą składową główną, która wyjaśniała 43,7% ogólnej zmienności. Były to: barwa skórki, barwa miąższu, jędrność owoców i odszypułkowanie. Oznacza to, że wymienione

- cechy są istotnie skorelowane ze składową. Z drugą składową związane były natomiast plon handlowy i połysk owoców, stanowiące cechy o mniejszej sile dyskryminacyjnej.
3. Rodziny mieszańców o dodatnich (ujemnych) wartościach pierwszej składowej głównej odznaczały się dużą łatwością oddzielania kielicha od owocu, natomiast plonowały średnio obficie, a ich owoce były dość drobne i jasnoczerwone. Rodziny mieszańców, które miały silny związek z drugą składową, charakteryzowały się wyższym plonem lecz słabszą oceną jakości owoców.
 4. W hodowli praktycznej znajomość silnych związków pomiędzy badanymi cechami ma duży wpływ na efektywność prowadzonych prac hodowlanych. Hodowla ukierunkowana na poprawienie jednej cechy jednocześnie wpływa na poprawienie lub pogorszenie innych cech w przypadku ich silnego skorelowania (np. poprawienie jędrności owoców, zwiększa trudność oddzielania kielicha od owocu).
 5. Zastosowana metoda podziału 32 rodzin mieszańców, przy użyciu hierarchicznej analizy skupień metodą Warda i kwadratem odległości euklidesowej, pozwoliła na wydzielenie 3 grup jednorodnych. Niektóre z tych grup charakteryzowały się małymi odległościami wielocechowymi pomiędzy obiektami należącymi do niej.
 6. Komplementarność analizy składowych głównych wraz z hierarchiczną analizą skupień daje bardzo czytelny obraz związków przedstawionych obiektów ze składowymi w przestrzeni zredukowanej do dwóch wymiarów.
 7. Wynikająca z powyższych analiz znajomość oddalenia fenotypowego genotypów używanych do prac hodowlanych pozwala na trafny wybór form rodzicielskich do krzyżowań, w celu otrzymania dużej zmienności wśród potomstwa pod względem pożądanych cech i uniknięcia efektów depresji wsobnej.

LITERATURA

- Anonim. 1999. SPSS 10.0 Syntax Reference Guide. Prentice Hall.
- Bulińska-Radomska Z. 2000. Enzyme polymorphism and adaptation in strawberry clover (*Trifolium fragiferum* L.). Genetic Resources and Crop Evolution, Vol. 47, 2: 197 — 205.
- Fuentes F. F., Martinez E. A., Hinrichsen P. V., Jellen E. N., Maughan P. J. 2008. Assessment of genetic diversity patterns in Chilean quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) germplasm using multiplex fluorescent microsatellite markers. Conservation Genetics, Vol. 10, 2: 369 — 377.
- Gatnar E. 1995. Klasyfikacja danych za pomocą pakietu statystycznego SPSS for Windows. Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ, Warszawa.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crosses systems. Austr. J. Biol. Sci. 9: 463 — 493.
- Gurrieri F., Audergon J. M., Albagnac G., Reich M. 2001. Soluble sugars and carboxylic acids in ripe apricot fruit as parameters for distinguishing different cultivars. Euphytica 117: 183 — 189.
- Hansche P. E., Bringham R. S., Voth V. 1968. Estimates of genetic and environmental parameters in the strawberry. Proc. Amer. Soc. Hort. Sci. 92: 338 — 345.
- Hortyński J. A. 1987. Dziedziczenie niektórych cech ilościowych truskawki (*Fragaria x ananassa* Duch.). Metody i problemy oszacowań. Wydawnictwo AR Lublin.
- Mguis K., Brahim N. B., Albouchi A., Yakkoubi-Tej M., Mahjoub A., Ouerghi Z. 2008. Phenotypic responses of the wild wheat relative *Aegilops geniculata* Roth and wheat (*Triticum durum* Desf.) to experimentally imposed salt stress. Genetic Resources and Crop Evolution, 55: 665 — 674.
- Morrison D. F. 1990. Wielowymiarowa analiza statystyczna. PWN, Warszawa.

- Sieczko L., Mądry W., Zieliński A., Paderewski J., Urbaś-Szwed K. 2004. Zastosowanie analizy składowych głównych w badaniach nad wielocechową charakterystyką zmienności genetycznej w kolekcji zasobów genowych pszenicy twardej (*Triticum durum* L.). Colloquium Biometryczne T. 34: 223 — 239.
- Teklu Y., Hammer K., Roder M. S. 2007. Simple sequence repeats marker polymorphism in emmer wheat (*Triticum dicoccon* Schrank): Analysis of genetic diversity and differentiation. Genetic Resources and Crop Evolution, 54: 543 — 554.
- Ward J. H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. J. Am. Statist. Assoc. 58: 236 — 244.
- Wu B., Quilot B., Kervella J., Genard M., Li S. 2003. Analysis of genotypic variation of sugar and acid contents in peaches and nectarines through the Principle Component Analysis. Euphytica 132: 375 — 384.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Maria Surma Tadeusz Adamski Zygmunt Kaczmarek Paweł Krajewski	Genetyka ilościowa — przegląd przez stulecie Quantitative genetics — review through the century	5
Katarzyna Ambroży Ewa Bakinowska Jan Bocianowski Anna Budka Wiesław Pilarczyk Bogna Zawieja	Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż Część I. Metody oceny efektów obiektowych Statistical support of selection decisions at early stage of cereal breeding Part I. Methods of estimation of treatment effects	21
Katarzyna Ambroży Ewa Bakinowska Jan Bocianowski Anna Budka Wiesław Pilarczyk Bogna Zawieja	Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż Część II. Empiryczne porównanie metod oceny efektów obiektowych Statistical support of selection decisions at early stage of cereal breeding Part II. Empirical comparison of treatment effects estimation methods	29
Paulo Canas Rodrigues Stanisław Mejza João Tiago Mexia	Structuring genotype $\times$ environment interaction — an overview Badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej — przegląd metod	41
Jerzy Nawracała Tadeusz Łuczkiwicz Stanisław Dyba	Analiza uwarunkowań genetycznych cech struktury plonu u mieszańców pokolenia F ₁ i F ₂ otrzymanych z krzyżowań diallelicznych pszenicy ozimej Analysis of genetic determination of yield components traits in F ₁ and F ₂ generations of winter wheat diallel crosses	59
Marzena Iwańska Wiesław Mądry Tadeusz Drzazga Anna Rajfura	Zastosowanie miar statystycznych do oceny stopnia szerokiej adaptacji odmian pszenicy ozimej na podstawie serii doświadczeń przedrejestracyjnych Assessment of wide adaptation degree of winter wheat cultivars by some statistical measures using yield data from preregistration trials	67
Jakub Paderewski Wiesław Mądry Wiesław Pilarczyk Tadeusz Drzazga	Retrospektywne badanie reakcji plonu odmian pszenicy ozimej na warunki środowiskowe w miejscowościach za pomocą łącznej analizy AMMI i skupień: ocena postępu genetycznego w plonowaniu Retrospective study of yield response to environmental conditions in winter wheat cultivars using combined AMMI and cluster analysis to incomplete data: genetic progress for adaptability	87
Hanna Szajsner	Ocena efektu stymulacji laserowej nasion pszenicy w zależności od ich wilgotności Estimation of laser stimulation effect on wheat seedlings depending on grain moisture	107
Zbigniew Segit Krystyna Szwed-Urbaś	Zróżnicowanie genetyczne cech użytkowych pszenicy twardej Genetic differentiation of some utility traits of spring durum wheat	117
		313

Romuald Doliński Zbigniew Segit Agnieszka Surmacz-Magdziak	Ocena odporności na porastanie i spoczynek późniwy ziarniaków pszenicy twardej Evaluation of sprouting resistance and post-harvest grain dormancy of durum wheat	125
Anna Rajfura Wiesław Mądry	Wydzielanie grup miejscowości na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych ze zmiennym składem odmian w latach przy użyciu pakietu SEQRET Część I. Teoretyczne podstawy analizy retrospektywnej The clustering of locations based on multi-environment trials with different cultivars across years using the SEQRET package Part I. Theoretical development of retrospective analysis	135
Anna Rajfura Wiesław Mądry Tadeusz Drzazga Marzena Iwańska	Wydzielanie grup miejscowości na podstawie serii doświadczeń wielokrotnych ze zmiennym składem odmian w latach przy użyciu pakietu SEQRET Część II. Przykład dla plonu ziarna z doświadczeń przedrejestracyjnych z pszenicą ozimą The clustering of locations based on multi-environment trials with different cultivars across years using the SEQRET package Part II. An example for grain yield from winter wheat pre-registration trials	145
Henryk Cichy Zygmunt Kaczmarek Elżbieta Adamska	Wpływ terminu i gęstości siewu na plon odmian pszenżyta jarego The influence of sowing time and density on grain yield of spring triticale varieties	155
Agnieszka Tomkowiak Zbigniew Broda Krzysztof Moliński	Wybór modelu matematycznego dla zależności efektu heterozji mieszańców F1 od dystansu genetycznego form rodzicielskich żyta i pszenżyta A choice of the mathematical model for the relationship between heterosis effect of F1 hybrids and genetic distance of rye and triticale parental lines	161
Hanna Szajsner Danuta Drozd Józef Błazewicz	Wpływ stymulacji laserowej nasion na kształtowanie cech morfologicznych siewek i wielkość siły diastatycznej form żyta i pszenżyta Influence of grain stimulation by laser radiation on morphological characters of seedlings and diastatic power of rye and triticale	177
Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Kaczmarek	Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod Evaluation of yield stability of rye cultivars on the basis of parametric and nonparametric methods	189
Paweł Milczarski	Identyfikacja QTL warunkujących długość liścia flagowego w dwóch populacjach mapujących żyta (<i>Secale cereale</i> L.) Identification of QTLs affecting the flag leaf length in two mapping populations of rye (<i>Secale cereale</i> L.)	203
Paweł Milczarski	Identyfikacja QTL wybranych cech morfologicznych związanych z wyleganiem u żyta (<i>Secale cereale</i> L.) Identification of QTLs of morphological traits related to lodging of rye (<i>Secale cereale</i> L.)	211

Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Kaczmarek	Zastosowanie metody rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności do badania stabilności plonowania odmian żyta Application of the method of homogeneous group ranks and coefficients of variability to evaluation of yield stability of rye cultivars	217
Amílcar Oliveira Teresa Oliveira Stanisław Mejza	Joint Regression Analysis applied to genotype stability evaluation over years Zastosowanie analizy regresji łącznej do badania stabilności genotypów w doświadczeniach wieloletnich	225
Artur Topolski	Ocena wartości testerów w krzyżowaniach topcrossowych kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) Estimation of value of testers in topcrossing maize (<i>Zea mays</i> L.)	237
Alina Liersch Wiesława Popławska Maria Ogrodowczyk Iwona Bartkowiak-Broda Jan Bocianowski	Charakterystyka fenotypowa samosiewów rzepaku ozimego (<i>Brassica napus</i> L.) występujących w północnych regionach Polski Phenotypic characteristics of winter oilseed rape volunteers (<i>Brassica napus</i> L.) occurring in northern regions of Poland	249
Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Kaczmarek Andrzej Kotecki	Ocena stabilności plonowania populacyjnych i mieszańcowych odmian rzepaku ozimego Evaluation of yield stability of open-pollinated and hybrid cultivars of winter oilseed rape	261
Tadeusz Łuczkiwicz Jerzy Nawracała Jan Bocianowski	Analiza genetyczna cech ilościowych pokolenia F ₁ rzepaku jarego (<i>Brassica napus</i> L.) Genetic analysis of quantitative traits of F ₁ generation of spring rape (<i>Brassica napus</i> L.)	273
Jan Bocianowski Henryk Brzeskwiniewicz Tadeusz Łuczkiwicz	Wpływ doboru testerów na ocenę efektów GCA linii wsobnych rzepaku jarego Influence of testers selection on estimation of GCA effects in spring oilseed rape inbred lines	279
Katarzyna Pankiewicz Wojciech Rybiński	Ocena zróżnicowania genetycznego i zawartości neurotoksyny β -ODAP w wybranych gatunkach z rodzaju <i>Lathyrus</i> Estimation of genetic variability and of β -ODAP neurotoxin content in chosen species of the genus <i>Lathyrus</i>	287
Leszek Sieczko Agnieszka Masny Wiesław Mądry Edward Żurawicz	Analiza podobieństwa rodzin mieszańcowych truskawki powtarzającej owocowanie pod względem wielkości i jakości plonu owoców Analysis of the similarities between hybrid families of everbearing strawberry in relation to fruit yield and quality	297